



ASTANA
INTERNATIONAL
UNIVERSITY

ISSN 3106-9215
eISSN 3106-9223

NATURA SCIENTIA JOURNAL

№2 (3) 2026



**Астана Халықаралық университеті
Международный университет Астана
Astana International University**

NATURA SCIENTIA JOURNAL

№ 2 (3) - 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, Астана Халықаралық университеті, Қазақстан

Редакциялық алқа:

Жабагин М.К., PhD докторы, 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, қауымдастырылған профессор м.а., 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 профессор, Қазақстан
Марчин Нобис, медицина ғылымдарының докторы, профессор, Польша
Мария Хен, хабилизацияланған 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, хабилизацияланған 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, ассоциированного профессора, Международный университет Астана, Казахстан

Редакционная коллегия:

Жабагин М.К., доктор PhD, 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, и.о. ассоциированного профессора, 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, ассоциированный профессор, 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, Associate Professor, Astana International University, Kazakhstan

Editorial Board:

Zhabagin M.K., PhD, 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, Acting Associate Professor, 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, 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

Турарова Е.М., Осмонали Б.Б., Мамурова А.Т., Кенжебаева Ж.А. <i>ASTRAGALUS</i> L. ТУЫСЫНЫҢ ТИПТІК ГЕРБАРИЙ ҮЛГІЛЕРІ БОЙЫНША ТАЛДАУ	7
Duisen A.N., Kauanov S.A., Aliyeva A.Ya., Bakbergen A.D., Orazov A.E. SPECIFICS OF GENOMIC DNA ISOLATION FROM PLANTS OF THE GENUS <i>ROSA</i> USING VARIOUS PROTOCOLS AND THEIR MODIFICATIONS	17
Myrzagaliyeva A.B., Zhiger Y., Niyazbek A.S., Abeuova S.B., Orazov A.E., Abiev S.A. COMPARATIVE ASSESSMENT OF SOLUBLE PROTEIN CONTENT IN <i>PRUNUS SPINOSA</i> L. PLANT SAMPLES USING THE BRADFORD METHOD	27
Кеңесбай С.Ғ., Сайлаубай Ш.Е., Шарипова М.Ж., Абдураимов О.С., Тустубаева Ш.Т. ӨСІМДІК АУРУЛАРЫ ҚОЗДЫРҒЫШТАРЫНЫҢ ТАРАЛУЫН БАҚЫЛАУ ЖӘНЕ БИОЛОГИЯЛЫҚ ҚАУІПСІЗДІК	36
Myrzagaliyeva A.B., Zhiger Y., Kauanov S.A., Sharipova M.Zh., Orazov A.E. SPATIAL STRUCTURE AND TAXONOMIC DIVERSITY OF THE GENUS <i>ROSA</i> L. IN THE TARBAGATAI MOUNTAINS OF EASTERN KAZAKHSTAN BASED ON GEOREFERENCED OBSERVATIONS	45
Мухтубаева С.К., Мырзагалиева А.Б., Такирова М.Б. ОРТАЛЫҚ ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ <i>CENOLOPHIUM DENUDATUM</i> (HORNEM.) TUTIN ПОПУЛЯЦИЯЛЫҚ-ЭКОЛОГИЯЛЫҚ СИПАТТАМАСЫ	61
Саматов Д.М., Акмагамбет Ш.Б., Жамангара А.К., Акбаева Л.Х. ПАЛЕОКЛИМАТИЧЕСКАЯ РЕКОНСТРУКЦИЯ ТУРОНСКОЙ ФЛОРЫ р. БЕЛЕУТЫ	70

ASTRAGALUS L. ТУЫСЫНЫҢ ТИПТІК ГЕРБАРИЙ ҮЛГІЛЕРІ БОЙЫНША ТАЛДАУ^{1,2}**Е.М. Турарова*** , ¹**Б.Б. Осмонали** , ²**А.Т. Мамурова** , ²**Ж.А. Кенжебаева** ¹Ботаника және фитоинтродукция институты, Алматы, Қазақстан²әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан*e-mail: turarova-erkejan@mail.ru

Е.М. Турарова – Ботаника және фитоинтродукция институтының кіші ғылыми қызметкері, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Биология және биотехнология факультетінің магистранты, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: turarova-erkejan@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-8295-7926>

Б.Б. Осмонали – PhD, Ботаника және фитоинтродукция институтының өсімдіктер әлемі кадастры зертханасының меңгерушісі, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: be96ka_kz@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3060-8597>

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>

Ж.А. Кенжебаева – PhD докторант, Биология және биотехнология факультеті, әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан, e-mail: k.zhaukhar@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-4827-1434>

Аңдатпа. Бұл зерттеу жұмысы аясында Ботаника және фитоинтродукция институтының (АА) гербарийінде сақталған *Astragalus* L. туысына жататын типтік гербарий үлгілеріне талдау жүргізілді. Зерттеу *Astragalus* L. туысындағы 33 таксонға жататын 63 типтік гербарийлік үлгіні қамтыды, олардың арасында 22 голотип, 28 изотип және *specimina authentica* (анықталмаған санат) ретінде жіктелген 10 үлгі анықталды. Әрбір үлгі үшін гербарий жапсырмасында көрсетілген геопозициялық ақпарат тіркелді. Түрлердің жүйелі атауларының дәлдігін қамтамасыз ету мақсатында ботаникалық номенклатура мен жіктеудің заманауи принциптері қолданылды, сонымен қатар POWO-ның қазіргі мәліметтер базасымен салыстыру жүргізілді. Гербарийлік зерттеу жұмысы барысында алфавиттік тәртіпте ұсынылған түрлер мен түрішілік таксондардың аннотацияланған тізімі құрылды. Әрбір таксонға қабылданған атаулар, номенклатуралық ақпаратпен қоса гербарий жапсырмасының толық мәтіні, түпнұсқалық санаттағы үлгілердің типі (голотип, изотип) көрсетілді. Зерттеу жұмысы нәтижесінде *Astragalus* L. гербарий материалдарының типтік жүйеленуі реттелді.

Кілт сөздер: *Astragalus* L., типтік гербарий, изотип, *specimina authentica*, морфология, экология.

АНАЛИЗ ТИПОВЫХ ГЕРБАРНЫХ ОБРАЗЦОВ РОДА *ASTRAGALUS* L.^{1,2}**Е.М. Турарова***, ¹**Б.Б. Осмонали**, ²**А.Т. Мамурова**, ²**Ж.А. Кенжебаева**¹Институт ботаники и фитоинтродукции, г. Алматы, Казахстан²Казахский национальный университет имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан*e-mail: turarova-erkejan@mail.ru

Е.М. Турарова – младший научный сотрудник Института ботаники и фитоинтродукции, Алматы, Казахстан, магистрант факультета биологии и биотехнологии Казахского национального университета имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан, e-mail: turarova-erkejan@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-8295-7926>

Б.Б. Осмонали – PhD, заведующая лабораторией кадастра растительного мира Института ботаники и фитоинтродукции, Алматы, Казахстан, e-mail: be96ka_kz@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3060-8597>

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

Ж.А. Кенжебаева – PhD-докторант факультета биологии и биотехнологии Казахского национального университета имени аль-Фараби, г. Алматы, Казахстан, e-mail: k.zhaukhar@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-4827-1434>

Аннотация. В рамках настоящего исследования был проведен анализ типовых гербарных образцов, относящихся к роду *Astragalus* L., хранящихся в гербарии Института ботаники и фитоинтродукции (АА). Исследование охватило 63 типовых гербарных образца, принадлежащих к 33 таксонам рода *Astragalus* L. Среди них были выявлены 22 голотипа, 28 изотипов и 10 образцов, классифицированных как *specimina authentica* (неуточненная категория). Для каждого образца была зарегистрирована геопозиционная информация, указанная на гербарной этикетке. С целью обеспечения точности принятых систематических названий видов были применены современные принципы ботанической номенклатуры и классификации, а также проведено сопоставление с актуальными данными базы POWO. В ходе гербарного исследования был составлен аннотированный список видов и внутривидовых таксонов, представленный в алфавитном порядке. Для каждого таксона приведены принятые названия, номенклатурные сведения, полный текст гербарной этикетки, а также типовая категория оригинальных образцов: голотип или изотип. В результате исследования была упорядочена типовая систематизация гербарных материалов рода *Astragalus* L.

Ключевые слова: *Astragalus* L., типовой гербарий, изотип, *specimina authentica*, морфология, экология.

ANALYSIS OF HERBARIUM TYPE SPECIMENS OF THE GENUS *ASTRAGALUS* L.

^{1,2}**E.M. Turarova***, ¹**B.B. Osmonali**, ²**A.T. Mamurova**, ²**Zh.A. Kenzhebayeva**

¹Institute of Botany and Phytointroduction, Almaty, Kazakhstan

²Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan

*e-mail: turarova-erkejan@mail.ru

E.M. Turarova – Junior Researcher at the Institute of Botany and Phytointroduction, Almaty, Kazakhstan, Master student, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: turarova-erkejan@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-8295-7926>

B.B. Osmonali – PhD, Head of the Laboratory of Plant World Cadastre, Institute of Botany and Phytointroduction, Almaty, Kazakhstan, e-mail: be96ka_kz@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3060-8597>

A.T. Mamurova – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Associate Professor of the 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>

Zh.A. Kenzhebayeva – PhD doctoral student, Faculty of Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, e-mail: k.zhaukhar@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-4827-1434>

Abstract. This study presents an analysis of type herbarium specimens belonging to the genus *Astragalus* L. preserved in the Herbarium of the Institute of Botany and Phytointroduction (AA). The study covered 63 type herbarium specimens representing 33 taxa of the genus *Astragalus* L., including 22 holotypes, 28 isotypes, and 10 specimens classified as *specimina authentica* (an unspecified category). For each specimen, the geolocation information indicated on the herbarium label was recorded. To ensure the accuracy of the accepted systematic names of the species, modern principles of

botanical nomenclature and classification were applied, and the data were compared with the current POWO database. As a result of the herbarium study, an annotated list of species and infraspecific taxa was compiled and arranged in alphabetical order. For each taxon, the accepted names, nomenclatural information, the full text of the herbarium label, and the type category of the original specimens, holotype or isotype, were provided. The study resulted in the systematic organization of type herbarium materials of the genus *Astragalus* L.

Keywords: *Astragalus* L., type herbarium, isotype, *specimina authentica*, morphology, ecology.

Кіріспе. *Astragalus* L. туысы - бұл бүкіл Голарктиканы қамтитын бұршақ тұқымдасының (Fabaceae) ең ауқымды өкілі. Бұл туыс шамамен 3100-ға жуық түрді біріктіруімен ерекшеленеді (Podlech D және т.б 2013: 1–2439). Қазақстан аумағында *Astragalus* L. туысының 309 түрі кездеседі (Гамаюнова А.П. және т.б 1961: 70 – 281). Олардың арасында жаңартылған соңғы ақпараттарға сәйкес, 45 эндемик түрлер бар екені анықталған (Kubentayev et al 2024: 241–279). Оның ішінде Қызыл кітапқа енгізілген 11 түр кездеседі (Байтенов және т.б. 2014: 169). Сонымен қатар, соңғы екі онжылдықта Қазақстанда кездесетін *Astragalus* L. туысының 5 жаңа түрі анықталғандығы белгілі (Munkhtulga, D. және т.б. 2026: 185–227).

Астрагалдар туысының өкілдерінің басым көпшілігі Солтүстік жартышардың құрғақ және шөлейт аймақтарында көптеп кездеседі. Олар әртүрлі тіршілік формада өсуі мүмкін, атап айтқанда күрделі жүйе емес жапырақты жартылай бұталы, бұталы, шөптесін, сиректеу бұташықты биіктігі 1-2 м түрде кездеседі (Абдулина С. А. 1999: 90-95). Гүлдері шашақгүлді, шоғырлы, масақты немесе шатырлы гүлшоғырларда кездеседі (Шабанова және т.б. 2012. - 262с). Сондай ақ бұл туысқа жататын түрлердің басым көпшілігі көпжылдық өсімдік объектілері болып табылады. Көптеген астрагалдардың ішінде құнды қасиеттерімен танымал түрлер кездеседі, соның ішінде медицинада фитотерапевтикалық қасиеттерімен танымалдары: *Astragalus adsurgens*, *Astragalus virgatus*, *Astragalus membranaceus* Bunge, *Astragalus glycyphyllos*, *Astragalus galactites*, *Astragalus galegiformis*, *Astragalus onobrychis*, *Astragalus mongholicus*, *Astragalus vulpinus* Willd, *Astragalus zingeri* (Камелин және т.б 1986: 26-50).

Сонымен қатар, Астрагалдар туысына жататын өсімдіктер мал шаруашылығында мал азықтық маңызы бар болып табылады (Серғалиева және т.б 2015: №2). Экологиялық маңызы жағынан псамофиттік түрлердің маңызы зор, атап айтқанда құмды территориялардың беткі қабатын бекіте алады. Экономикалық маңызды тағамдық және декоративті түрлерде кездеседі (Davis және т.б. 1973: 613-615).

Astragalus L. туысының кең ауқымды аймақта таралауымен қатар, түрлердің көп болуы бірқатар сұрақтар туындатады, атап айтқанда систематикалық жіктеу мен таксономиялық зерттеулерде бұл дәлдік талап етеді (Виноградова және т.б. 1981: 70-256). Осы орайда, таксономиялық зерттеулердің дәлдігін арттыру мақсатында типтік гербарий үлгілерінің маңызы орасан. Типтік үлгілер (holotype, isotype және т.б.) — белгілі бір түрдің ғылыми атауын бекітетін негізгі эталон болып табылады. Осы тұрғыда, *Astragalus* туысының күрделілігі, морфологиялық ұқсастықтардың жоғары деңгейде болуы және тарихи сипаттамалардың жеткіліксіздігі түрлерді анықтауда бірқатар қиындықтар туындатады.

Осыған байланысты *Astragalus* L. туысының типтік гербарий үлгілерін қайта жинақтау, оларды цифрландыру, морфологиялық сипаттамаларын нақтылау және жүйелеу қазіргі ботаника ғылымы үшін өзекті мәселе болып табылады. Бұл зерттеулер флористикалық каталогтарды жетілдіруге, сирек және эндемик түрлерді қорғауға, сондай-ақ өсімдіктердің жүйелік орнын дұрыс анықтауға мүмкіндік береді.

Сонымен қатар, гербарий қорларындағы типтік материалдарды зерттеу биологиялық әртүрлілікті сақтау, климаттық өзгерістер жағдайында өсімдіктердің таралу заңдылықтарын түсіну және табиғи ресурстарды тиімді пайдалану тұрғысынан да маңызды.

Материалдар мен әдістер. Ботаника және фитоинтродукция гербарий қорында (АА) кездесетін *Astragalus* L. туысының өсімдіктерінің гербарий деректері бойынша зерттеу жұмысында гербарий үлгілері қолданылды. Зерттеу жұмысында Қазақстан Республикасы

аумағында 1934 – 1996 жж. аралығында жиналған үлгілер кіреді. Жалпы *Astragalus* туысына кіретін 33 түрге біріктірілген, 63 гербарий үлгісі талданды. Қосымша гербарий үлгілеріндегі этикетка ақпараттары (жиналған орны, жиналған уақыты, жинаушылар) қолданылды.

Түрлердің систематикалық атауын нақтылау мақсатында заманауи ботаникалық номенклатура және классификация принциптері қолданылды. Түрлердің атауы деректер базасы (<https://powo.science.kew.org/>) арқылы тексерілді.

Нәтижелер мен талдаулар. Зерттеу кезінде *Astragalus* L. туысының 33 түріне жататын 64 гербарий үлгілерісі зерттелді. 1-кестеде көрсетілгендей, түр атауы, оның типтік түрі, жиналған орны, жинағандар және жиналған уақыты бойынша берілген.

Талдаулардың нәтижесі бойынша *Astragalus karatjubeki* түрі Шығыс Бетпақдала, Балқаш көлінің батыс жағалауы, Қара-Түбек мисы маңы, көлдің құмды жағалауы бойында, *Astragalus Krasnovii* түрі ҚазАССР, Шу-Іле таулары. Андракай станциясы маңындағы тасты төбешіктерде, *Astragalus neoropovii* түрі Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс сілемдері, Шолақ таулары, Монча-сай, таудың тасты етектері бойымен кең түрде таралуына қарай бірнеше үлгілер жиналған. Сондай-ақ түрлердің біраз бөлігі сирек немесе локалды түрде таралуына байланысты тек 1 үлгіде ғана көрсетіледі.

Кесте 1. АА гербарий дерекқорындағы *Astragalus* L. туысының типтік гербарий үлгілері бойынша алфавиттік реттіліктегі анықтамалық жазбалар тізбегі

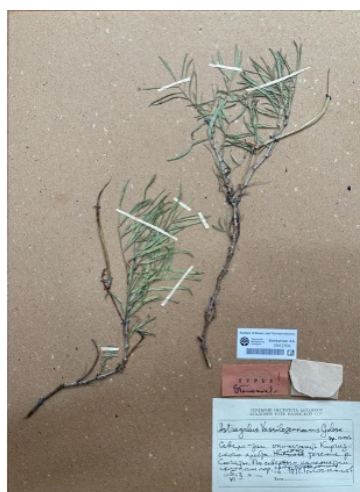
№	Түр	Тип	Жиналған орны	Жинаған	Жиналған уақыты
23	<i>Astragalus Krasnovii</i>	isotypus	ҚазАССР, Шу-Іле таулары. Андракай станциясы маңындағы тасты төбешіктер, сирек кездеседі.	М.Г. Попов(АА0002460)	18.05.1934
24	<i>Astragalus Krasnovii</i>	isotypus	ҚазАССР, Шу-Іле таулары. Андракай станциясы маңындағы тасты төбешіктер, сирек кездеседі.	М.Г. Попов(АА0002461)	18.05.1934
25	<i>Astragalus Krasnovii</i>	isotypus	ҚазАССР, Шу-Іле таулары. Андракай станциясы маңындағы тасты төбешіктер, сирек кездеседі.	М.Г. Попов(АА0002462)	18.05.1934
22	<i>Astragalus karkarensis</i>	typus	Қарқарай алапты аллювийлік шөгінділер.	(АА0002538)	14.06.1934
34	<i>Astragalus ornithorrhynchus</i>	typus	Жоңғар Алатауы жотасы. Сарқан мен Лепсинск маңы. Мұлаж станциясына жақын төбенің оңтүстік тасты беткейінде. Алматыдан солтүстікке қарай 235 км.	П.П. Поляков, Л.А. Куприянова(АА0002456)	17.06.1934
45	<i>Astragalus rupifragiformis</i>	isotypus	ҚазАССР, Іле Алатауы. Кастек өзені. Суук-түбе тауы. Оңтүстік беткей, 2200 м биіктен бастап. Тасты дала беткейлері.	М.Г. Попов(АА0002484)	03.08.1936
46	<i>Astragalus rupifragiformis</i>	isotypus	ҚазАССР, Іле Алатауы. Кастек өзені. Суук-түбе тауы. Оңтүстік беткей, 2200 м биіктен бастап. Тасты дала беткейлері.	М.Г. Попов(АА0002486)	03.08.1936
39	<i>Astragalus pulposus</i>	isotypus	ҚазКСР, Іле Алатауы. Сюгаты таулары. Пшүк-Нұра етектері. Құмды беткейлер.	В.П. Голоскоков(АА0002480)	01.06.1937
40	<i>Astragalus pulposus</i>	isotypus	ҚазКСР, Іле Алатауы. Сюгаты таулары. Пшүк-Нұра етектері. Құмды беткейлер.	М.Г. Попов(АА0002481)	01.06.1937
41	<i>Astragalus pulposus</i>	typus	ҚазКСР, Іле Алатауы. Сюгаты таулары. Пшүк-Нұра етектері. Құмды беткейлер.	Г.Н. Горбунов, В.П. Голоскоков(АА0002479)	02.06.1937
9	<i>Astragalus ellipsoideus</i>	isotypus	ҚазКСР, Іле Алатауы, Шарын өзені, Шарын шатқалы (Құртоғай), тасты беткейлер.	М. Г. Попов(АА0002496)	19.06.1937
10	<i>Astragalus ellipsoideus</i>	isotypus	ҚазКСР, Іле Алатауы, Шарын өзені, Шарын шатқалы (Құртоғай), тасты беткейлер.	М. Г. Попов(АА0002497)	19.06.1937
8	<i>Astragalus ceratoides</i>	typus	ҚазКСР, Жоңғар Алатауы, Үлкен Өсек өзенінің жоғарғы ағысының оңтүстік беткейі.	О.А. Ликчевский, Н.И. Рубцов(АА0002530)	26.06.1937
2	<i>Astragalus Alexandrae</i>	specimina autentica	Қаратау тауы, сайдан асуға қарай өтетін жерде қиыршық тасты беткейлер мен жекелеген жота төбелерінің шыңдары.	Н.В. Павлов(АА0002522)	15.05.1939
3	<i>Astragalus Alexandrae</i>	specimina autentica	ҚазКСР, Қаратау таулары, қиыршық тасты беткейлер мен жағалау. Талдық жылғасынан асуға қарай қалдық жоталар бойымен.	Н.В. Павлов(АА0002523)	15.05.1939
4	<i>Astragalus arbuscula</i>	typus	ҚазКСР, Орталық Бетпақдала, Көк-ашық өңірі, көктемгі уақытта ағынның құрғақ арнасы.	Н. И. Рубцов(АА0002459)	21.05.1940

№	Түр	Тип	Жиналған оры	Жинаған	Жиналған уақыты
47	<i>Astragalus selevinii</i>	specimina autentica	ҚазКСР, Орталық Бетпақдала, Көк-ашық өңірі. Арша-боялш ассоциациясының аралығында.	Н.И. Рубцов(АА0002487)	10.06.1940
53	<i>Astragalus sumnevicii</i>	specimina autentica	Бетпақдала шөлі, Көк-ашық өңірі, төбешік етектері.	Н. Рубцов(АА0002521)	18.05.1941
15	<i>Astragalus hemiphaca</i>	isotypus	Күнгей Алатауы, Тау-Чилик өзенінің оң жақ жағы, Сюот-Булак, солтүстік беткейдегі орман аралық дала алқаптары.	В.П. Голоскоков(АА0002492)	30.07.1944
11	<i>Astragalus falcigerus</i>	specimina autentica	Батыс Ұсақшөкысы. Қарағанды облысы, Бүркіт тауының оңтүстігі, тасты беткей.	П. И. Колякин (АА0002531)	12.06.1945
43	<i>Astragalus rubtsovii</i>	typus	Кеген өзенінің ағысы аймағы, Құм-Текей құмдары.	Н. И. Рубцов(АА0002482)	30.06.1946
44	<i>Astragalus Rubtsovii</i>	isotypus	ҚазКСР, Кеген өзенінің орта ағысы аймағы. Құм-Тескей құмдары.	Н. Рубцов и Е. Степанова, А. Г. Борисова(АА0002483)	30.06.1946
61	<i>Astragalus trifolius</i>	typus	ҚазКСР, Жамбыл обл., Қызылкөл тұзды көлі шығыс жағасындағы қызыл сазды тасты төбе.	Н.В. Павлов(АА0002498)	02.06.1948
62	<i>Astragalus trifolius</i>	isotypus	ҚазКСР, Жамбыл обл., Қызылкөл тұзды көлі шығыс жағасындағы қызыл сазды тасты төбе.	Н.В. Павлов(АА0002499)	02.06.1948
1	<i>Astragalus aksaricus</i>	Typus	ҚазКСР, Оңтүстік Қазақстан облысы, Мамай кенті маңындағы Аксар-сай шыңының астындағы тастақты тау бөктері даласы.	Н.В. Павлов(АА0002524)	23.06.1948
14	<i>Astragalus globiceps</i>	typus	Шу-Іле таулары, Құлжа-басы жотасы, Анракай теміржол станциясына жақын, уақытша ағындардың қиыршық тасты арналары бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002529)	02.06.1949
26	<i>Astragalus larvatus</i>	typus	Шу-Іле сулы бөлгіші. Құлжабасы таулары, Анракай станциясына жақын, таудың тасты шыңы мен етектерінде.	В.П. Голоскоков(АА0002525)	03.06.1949
17	<i>Astragalus karatjubeki</i>	Isotypus; cotypus	Шығыс Бетпақдала, Балқаш көлінің батыс жағалауы, Қара-Түбек мисы маңы, көлдің құмды жағалауы бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002534)	07.06.1949
18	<i>Astragalus karatjubeki</i>	Isotypus; cotypus	Шығыс Бетпақдала, Балқаш көлінің батыс жағалауы, Қара-Түбек мисы маңы, көлдің құмды жағалауы бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002535)	07.06.1949
19	<i>Astragalus karatjubeki</i>	Isotypus; cotypus	Шығыс Бетпақдала, Балқаш көлінің батыс жағалауы, Қара-Түбек мисы маңы, көлдің құмды жағалауы бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002536)	07.06.1949
50	<i>Astragalus sumnevicii</i>	isotypus	Шығыс Бетпақдала. Балқаш көлінің батыс жағалауы, Саршаған шығанағына жақын. Құм-қалқыма топырақты төбешіктерде, сазды шөлдің аралығында.	(АА0002490)	07.06.1949
51	<i>Astragalus sumnevicii</i>	isotypus	Шығыс Бетпақдала. Балқаш көлінің батыс жағалауы, Саршаған шығанағына жақын. Құм-қалқыма топырақты төбешіктерде, сазды шөлдің аралығында.	(АА0002491)	07.06.1949
52	<i>Astragalus sumnevicii</i>	typus	Шығыс Бетпақдала. Балқаш көлінің батыс жағалауы. Құм-қалқыма сазды төбешіктерде, сазды шөлдің ортасында.	В.П. Голоскоков(АА0002489)	07.06.1949
20	<i>Astragalus kasachstanicus</i>	isotypus	Қазақстанның қыртысты құрылымы, Көк Жақсы-Шад өзені бассейні, Қызыл-Жар мергелді төбелері, тасты қабаттардың беткейлері бойынша.	В.П. Голоскоков(АА0002457)	18.06.1949
21	<i>Astragalus kasachstanicus</i>	isotypus	Қазақстанның қыртысты құрылымы, Көк Жақсы-Шад өзені бассейні, Қызыл-Жар мергелді төбелері, тасты қабаттардың беткейлері бойынша.	В.П. Голоскоков(АА0002458)	18.06.1949
42	<i>Astragalus pulposus</i>	typus	ҚазКСР, Іле Алатауы. Сюгаты таулары. Пішүк-Нұра етектері. Құмды беткейлер.	В.П. Голоскоков(АА0002478)	17.05.1953
63	<i>Astragalus turajgyricus</i>	typus	Жетісу Алатауы, Торайғыр жотасының орталық бөлігі, 2132 м биіктіктен оңтүстік-шығысқа, 1600 м биіктіктегі тасты жотамен.	В.П. Голоскоков(АА0002504)	25.05.1953
12	<i>Astragalus galactanthys</i>	specimina autentica	Бостандық, Үгем тауының жотасы, Азар-жеке-сай шатқалының жоғарғы ағысы, 3200 м. Мұздық маңында.	Н.В. Павлов(АА0002532)	15.07.1954
13	<i>Astragalus galactanthys</i>	specimina autentica	Бостандық, Үгем тауының жотасы, Азар-жеке-сай шатқалының жоғарғы ағысы, 3200 м. Мұздық маңында.	Н.В. Павлов(АА0002533)	15.07.1954
27	<i>Astragalus neopopovii</i>	typus	Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс сілемдері. Шулак таулары, Монча-сай. Таудың тасты етектері бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002464)	28.05.1955

№	Түр	Тип	Жиналған оры	Жинаған	Жиналған уақыты
28	<i>Astragalus neoropovii</i>	isotypus	Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс сілемдері. Шулак таулары, Монча-сай. Таудың тасты етектері бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002465)	28.05.1955
29	<i>Astragalus neoropovii</i>	isotypus	Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс сілемдері. Шулак таулары, Монча-сай. Таудың тасты етектері бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002466)	28.05.1955
30	<i>Astragalus neoropovii</i>	isotypus	Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс сілемдері. Шулак таулары, Монча-сай. Таудың тасты етектері бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002467)	28.05.1955
31	<i>Astragalus neoropovii</i>	specimina autentica	Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс сілемдері. Шулак таулары, Монча-сай. Таудың тасты етектері бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002539)	28.05.1955
55	<i>Astragalus terekensis</i>	typus	Жоңғар Алатауының солтүстік-шығыс бөлігі. Теректі өзенінің шатқалдары. Тасты беткейлерде.	Б.А. Быков, В.В.Фисюн(АА0002494)	19.06.1956
56	<i>Astragalus terekensis</i>	isotypus	Жоңғар Алатауының солтүстік-шығыс бөлігі. Теректі өзенінің шатқалдары. Тасты беткейлерде.	С.Арыстанғалиев, В. Фисюн(АА0002495)	19.06.1956
48	<i>Astragalus steinbergianus</i>	Typus	Тарбағатайдың оңтүстік беткейінің етектері, Аягөз станциясының оңтүстік-шығыс бағытында, 30 км қашықтықта.	Е. С. Степанов(АА0002520)	14.06.1957
5	<i>Astragalus austrohungaricus</i>	typus	Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс сілемдері, Шулак таулары, Жарта өзенінің орта ағысы, түрлі түсті жыныстар қабаттарының тасты-ұсақтопырақты беткейлерінде.	В.П. Голоскоков(АА0002526)	22.05.1959
6	<i>Astragalus austrohungaricus</i>	isotypus	Юго-западные отроги Джунгарского Алатау, горы Чулак, среднее течение реки Жарта, по каменисто-мелкоземистым склонам пестроцветных толщ.	В.П. Голоскоков (АА0002527)	22.05.1959
32	<i>Astragalus nicolaii</i>	typus	Жоңғар Алатауының оңтүстік-батыс сілемдері. Шулак таулары, Монча-сай. Таудың тасты етектері мен сәл салмақталған қабаттары бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002468)	28.05.1959
33	<i>Astragalus nicolaii</i>	isotypus	Жоңғар Алатауының батыс сілемдері, Қотурқайын таулары, Чаған шыңына жақын, шалғынды беткейлер бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002469)	28.05.1959
57	<i>Astragalus trichanthus</i>	typus	Солтүстік Тянь-Шань, Қырғыз жотасының солтүстік-батыс шеті, Сюгаты өзенінің орта ағысы, оңтүстік тасты беткейлерінде (Жамбыл аймағының айналасы).	В.П. Голоскоков(АА0002500)	08.06.1963
58	<i>Astragalus trichanthus</i>	isotypus	Солтүстік Тянь-Шань, Қырғыз жотасының солтүстік-батыс шеті, Сюгаты өзенінің орта ағысы, оңтүстік тасты беткейлерінде (Жамбыл аймағының айналасы).	В.П. Голоскоков(АА0002501)	08.06.1963
59	<i>Astragalus trichanthus</i>	isotypus	Солтүстік Тянь-Шань, Қырғыз жотасының солтүстік-батыс шеті, Сюгаты өзенінің орта ағысы, оңтүстік тасты беткейлерінде (Жамбыл аймағының айналасы).	В.П. Голоскоков(АА0002502)	08.06.1963
60	<i>Astragalus trichanthus</i>	isotypus	Солтүстік Тянь-Шань, Қырғыз жотасының солтүстік-батыс шеті, Сюгаты өзенінің орта ағысы, оңтүстік тасты беткейлерінде (Жамбыл аймағының айналасы).	В.П. Голоскоков(АА0002503)	08.06.1963
7	<i>Astragalus basulutavicus</i>	typus	Терскей Алатауы, Бас-Ұлытау таулары, әктас жыныстары.	М. С. Байтенов (АА0002528)	25.07.1966
54	<i>Astragalus tekessicus</i>	typus	Терскей Алатауы, Басұлытау таулары (Текес өзені маңы).	М.С. Байтенов(АА0002493)	25.07.1966
35	<i>Astragalus psammophilus</i>	typus	Іле өзенінің орта ағысының оң жағалауы. Мион-құмы, Панфилов пен Хоргос арасындағы аймақ. Қабатты құмдар бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002474)	04.07.1971
36	<i>Astragalus psammophilus</i>	isotypus	Іле өзенінің орта ағысының оң жағалауы. Мион-құмы, Панфилов пен Хоргос арасындағы аймақ. Қабатты құмдар бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002475)	04.07.1971
37	<i>Astragalus psammophilus</i>	isotypus	Іле өзенінің орта ағысының оң жағалауы. Мион-құмы, Панфилов пен Хоргос арасындағы аймақ. Қабатты құмдар бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002476)	04.07.1971
38	<i>Astragalus psammophilus</i>	isotypus	Іле өзенінің орта ағысының оң жағалауы. Мион-құмы, Панфилов пен Хоргос арасындағы аймақ. Қабатты құмдар бойымен.	В.П. Голоскоков(АА0002477)	04.07.1971



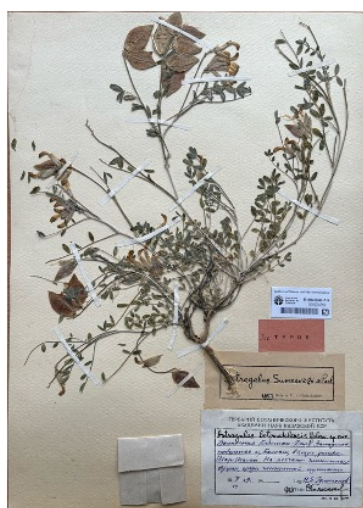
Typus *Astragalus nicolaii*
(AA0002468)



Typus *Astragalus vassilczenkoanus*
(AA0002506)



Typus *Astragalus turajgyricus*
(AA0002504)



Isotypus *Astragalus sumnevicii*
(AA0002490)

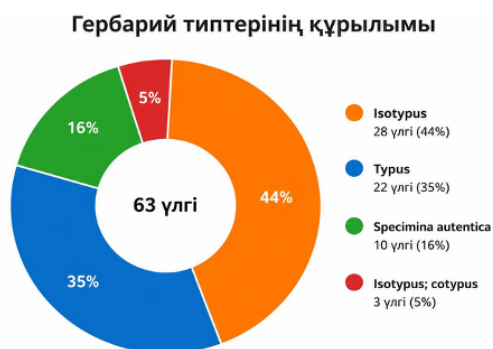


Isotypus *Astragalus rubtzovii*
(AA0002483)



Isotypus *Astragalus rupifragiformis*
(AA0002483)

Сурет 1. *Astragalus* L. туысының типтік гербарий үлгілері



Сурет 2. АА гербарий қорында сақталған *Astragalus* L. туысы түрлерінің типтік гербарий үлгілерінің үлесі

Жоғарыда аталған гербарий үлгілерінің типтік түрлерін анықтау барысында анықталған түрлер саны 64 соның ішінде, 23 үлгіде holotypus - 36%-ды, 31 үлгіде isotypus – 48,4%-ды, ал анықталмаған 10 үлгі – 15,6%-ды алып жатыр (Сурет 2).

Үлгілердің түрлері бойынша гербарий қорын талдау мына тұжырымдарға тоқталды:

- Isotypus-28 үлгіні (44%) қамтитын ең көп санат. Бұл түрдің бастапқы сипаттамасын растайтын қосымша типтік үлгілердің жақсы сақталуын көрсетеді.

- Саны бойынша екінші орында-typus (22 Үлгі, 35%). Түрдің ғылыми атауының негізі болып табылатын осы үлгілердің көп мөлшері коллекцияның ғылыми құндылығын едәуір арттырады.

- Specimina autentica 10 үлгіде ұсынылған (16%). Бұл үлгілер таксономиялық зерттеулер үшін де маңызды, өйткені олар түрлерді сипаттауға, нақтылауға немесе салыстыруға қызмет ете алады.

- Cotypus сирек кездеседі-3 дана (5%). Бұл санаттың аз мөлшері сирек немесе ерекше тарихи таксономиялық мәртебені көрсетеді.

Жалпы, isotypus және typus үлгілерінің басым болуы зерттелген гербарий қорының жалпы флористикалық маңыздылығынан тыс жоғары таксономиялық және номенклатуралық маңыздылығын көрсетеді.



Сурет 3. АА гербарий қорында сақталған *Astragalus* L. туысы түрлерінің типтік гербарий үлгілерінің жиналу жылдары

Жылдар бойынша гербарий үлгілерін жинау гистограммасын талдау айтарлықтай біркелкілікті анықтады. Белсенділіктің шыңы 1949 жылы 10 дана жиналған кезде болды, бұл бүкіл зерттеу кезеңіндегі ең жоғары көрсеткіш. Бұл сол жылы Қазақстанның шөлді, таулы және тау бөктеріндегі аудандарында қарқынды ботаникалық экспедициялар туралы куәландырады. Жоғары көрсеткіштері бар 1937 (6 үлгі), 1934 және 1955 (әрқайсысы 5 үлгі) және 1959, 1963 және 1971 (әрқайсысы 4 үлгі) кіреді. Бұл кезеңдер, әсіресе XX ғасырдың ортасы (1930-1960) *Astragalus* L. тұқымдасының үлгілерін жинаудың кілті болды. және Қазақстан флорасын белсенді зерттеу. Сонымен қатар, 1941-1944, 1945, 1957, 1972 және 1996 жылдары бір ғана үлгі тіркелді, бұл экспедициялық белсенділіктің төмендеуі, тарихи оқиғалар немесе зерттеу басымдықтарының өзгеруі сияқты әртүрлі факторларға байланысты болуы мүмкін.



Сурет 4. АА гербарий қорында сақталған *Astragalus* L. туысы түрлерінің типтік гербарий үлгілерінің Қазақстан аймақтары бойынша таралуы

Картадағы үлгілер Қазақстан аумағы бойынша біркелкі бөлінбеген. Олардың көпшілігі оңтүстік, оңтүстік-шығыс және таулы аймақтарда шоғырланған. Ең маңызды кластер Жоңғар Алатауы флоралық аймағы байқалады - 13 Үлгі. Бұл *Astragalus* L. өз түрлерінің биологиялық әртүрлілігінің негізгі орталықтарының бірін көрсете алатынын көрсетеді. Үлгілер саны бойынша екінші орында Бетпақдала флоралық аймағы тұр, онда 9 дана Тіркелген. Бұл көрсеткіш шөлді және шөлейт экожүйелердің *Astragalus* туысы түрлерінің тіршілік ету ортасы ретіндегі маңызды рөлін көрсетеді. Бетпақдаладан алынған материалдардың көп мөлшері бұл аймақта эндемиктердің немесе сирек кездесетін түрлердің болу мүмкіндігін меңзейді. Үшінші орынды Іле Алатауы алады-мұнда 8 үлгі табылды. Флористикалық әртүрлілігі жоғары тау жүйесі ретінде бұл аймақ табиғи түрде типтік өкілдердің айтарлықтай жинақталуымен сипатталды. Өз кезегінде, Шу-Іле таулары (5 үлгі), Іле өзені аңғары (4 үлгі) және Солтүстік Тянь-Шань (4 үлгі) жиналған материалдарда Қазақстанның оңтүстік және оңтүстік-шығыс аудандарының басым екендігін атап көрсетеді.

Экологиялық және флористикалық маңызы бойынша талдау нәтижесінде *Astragalus* туысы түрлері әртүрлі экологиялық жағдайларда кездесетіндігі дәлелденді. Атап айтқанда, тасты беткейлер, құмды аңғарлар, шөлді жазықтар, тау бөктері, өзен аңғарлары, шатқалдар, жоталар және таулы жерлер. Бұл олардың Қазақстан аумағындағы жоғары экологиялық бейімділігін көрсетеді. Мысалы, Бетпақдала өзендерінің аңғарлары және немесе құмды шөлді жағдайлармен сипатталады, ал Жоңғар Алатауы, Іле Алатауы, Тянь-Шань және Қаратау таулы экожүйелермен байланысты. *Astragalus* L. таралуы олардың әртүрлі ландшафттық аймақтармен байланысын көрсетеді. Осылайша, гербарий үлгілерін тек таксономиялық ресурс ретінде ғана емес, сонымен қатар экологиялық-географиялық ақпарат көзі ретінде де қарастыруға болады.

Қорытынды. *Astragalus* L. туысының типтік гербарий үлгілерін зерттеу – таксономия, флористика және биологиялық әртүрлілікті бағалау салаларында маңызды ғылыми мәнге ие. Жүргізілген талдау көрсеткендей, типтік үлгілер (holotype, isotype) түрлердің ғылыми атауын нақты бекітуге, дәл сипаттауға және жүйелік орнын анықтауға мүмкіндік береді. *Astragalus* туысы – түр саны жағынан ең ірі туыстардың бірі болғандықтан, оның гербарий материалдарын жүйелеу мен қайта қарау ерекше өзекті. Типтік үлгілерді мұқият зерттеу таксономиялық қателіктерді түзетуге, синонимдерді нақтылауға және жаңа түрлерді дұрыс сипаттауға ықпал етеді. Сонымен қатар, мұндай зерттеулер флораны қорғау, сирек және эндемик түрлерді анықтау жұмыстарында да маңызды рөл атқарады.

Қорытындылай келе, *Astragalus* L. туысының типтік гербарий үлгілерін жан-жақты зерттеу өсімдіктер систематикасын жетілдіруге, ботаникалық деректердің дәлдігін арттыруға және биоалуантүрлілікті сақтау стратегияларын ғылыми негіздеуге мүмкіндік береді.

Әдебиеттер

- Абдулина С. А. Список сосудистых растений Казахстана / под ред. Р. В. Камелина. – Алматы, 1999. – С. 90–95.
- Байтенов М. С., Закирова Р. О., Абенев Е. М. Қазақстанның Қызыл кітабы. 2-басылым, өңделген және толықтырылған. 2-том: Өсімдіктер. – Астана: ЖШС «ArtPrintXXI», 2014. – С. 169.
- Виноградова Р. М., Камелин Р. В., Филимонова З. Н., Цукерваник Т. И., Шерматов Г. М., Набиев М. М. Род *Astragalus* // Определитель растений Средней Азии. – Т. 4. – Ташкент: Изд-во ФАН УзССР, 1981. – С. 70–256.
- Гамаюнова А. П., Фисюн В. В. Подрод *Cercidotrix* Bge. рода *Astragalus* // Флора Казахстана. – Т. 5. – Алма-Ата: Издательство Академии наук Казахской ССР, 1961. – С. 70–281.
- Камелин Р. В. Род *Astragalus* L. – Астрагал // Ареалы деревьев и кустарников СССР: в 3 т. / С. Я. Соколов, О. В. Связева, В. А. Кубли; при участии Р. В. Камелина, Г. П. Яковлева, В. И. Грубова, Т. Г. Леоновой, И. В. Васильева, Н. В. Горбуновой, И. Н. Сафроновой, М. А. Иванишвили, А. Е. Катенина. – Л.: Наука, 1986. – Т. 3. – С. 26–50.
- Сергалиева М. У., Мажитова М. В., Сажотруева М. А. Растения рода Астрагал: перспективы применения в фармации // Астраханский медицинский журнал. – 2015. – № 2.
- Шабанова Г. А., Изверская Т. Д., Гендов В. С. Дикорастущие хозяйственно-ценные растения заповедника «Ягорлык». – Кишинев: Eco-TIRAS, 2012. – 262 с.
- Davis A. M. Protein, crude fiber, tannin and oxalate concentrations of some introduced *Astragalus* species // *Agronomy Journal*. – 1973. – Vol. 65, No. 4. – P. 613–615.
- Kubentayev S. A., Alibekov D. T., Perezhogin Y. V., Lazkov G. A., Kupriyanov A. N., Ebel A. L., Izbastina K. S., Borodulina O. V., Kubentayeva B. B. Revised checklist of endemic vascular plants of Kazakhstan // *PhytoKeys*. – 2024. – Vol. 238. – P. 241–279. DOI: 10.3897/phytokeys.238.114475.
- Munkhtulga D., Baasanmunkh S., Park J. H., Nyamgerel N., Kubentayev S., Alibekov D., Mukhtubayeva S., Idrissova Z., Urazalina A., Choi H. J. Phylogenetic relationships and critical taxonomic notes on the genus *Astragalus* L. (Fabaceae) in Kazakhstan (Central Asia): Part I // *PhytoKeys*. – 2026. – Vol. 274. – P. 185–227. DOI: 10.3897/phytokeys.274.180290.
- Podlech D., Zarre S. A Taxonomic Revision of the Genus *Astragalus* L. (Leguminosae) in the Old World. – Wien: Vienna Natural History Museum, 2013. – 3 vols. – P. 1–2439.

References

- Abdulina S. A. List of Vascular Plants of Kazakhstan / ed. by R. V. Kamelin. – Almaty, 1999. – P. 90–95.
- Baitenov M. S., Zakirova R. O., Abenov E. M. Red Data Book of Kazakhstan. 2nd ed., revised and supplemented. Vol. 2: Plants. – Astana: ArtPrintXXI LLP, 2014. – P. 169.
- Davis A. M. Protein, crude fiber, tannin and oxalate concentrations of some introduced *Astragalus* species // *Agronomy Journal*. – 1973. – Vol. 65, No. 4. – P. 613–615.
- Gamayunova A. P., Fisyun V. V. Subgenus *Cercidotrix* Bge. of the genus *Astragalus* // *Flora of Kazakhstan*. – Vol. 5. – Alma-Ata: Publishing House of the Academy of Sciences of the Kazakh SSR, 1961. – P. 70–281.
- Kamelin R. V. Genus *Astragalus* L. – Milkvetch // *Areas of Trees and Shrubs of the USSR: in 3 vols.* / S. Ya. Sokolov, O. V. Svyazeva, V. A. Kubli; with the participation of R. V. Kamelin, G. P. Yakovlev, V. I. Grubov, T. G. Leonova, I. V. Vasilieva, N. V. Gorbunova, I. N. Safronova, M. A. Ivanishvili, A. E. Katenina. – Leningrad: Nauka, 1986. – Vol. 3. – P. 26–50.
- Kubentayev S. A., Alibekov D. T., Perezhogin Y. V., Lazkov G. A., Kupriyanov A. N., Ebel A. L., Izbastina K. S., Borodulina O. V., Kubentayeva B. B. Revised checklist of endemic vascular plants of Kazakhstan // *PhytoKeys*. – 2024. – Vol. 238. – P. 241–279. DOI: 10.3897/phytokeys.238.114475.
- Munkhtulga D., Baasanmunkh S., Park J. H., Nyamgerel N., Kubentayev S., Alibekov D., Mukhtubayeva S., Idrissova Z., Urazalina A., Choi H. J. Phylogenetic relationships and critical taxonomic notes on the genus *Astragalus* L. (Fabaceae) in Kazakhstan (Central Asia): Part I // *PhytoKeys*. – 2026. – Vol. 274. – P. 185–227. DOI: 10.3897/phytokeys.274.180290.
- Podlech D., Zarre S. A Taxonomic Revision of the Genus *Astragalus* L. (Leguminosae) in the Old World. – Wien: Vienna Natural History Museum, 2013. – 3 vols. – P. 1–2439.
- Sergaliev M. U., Mazhitova M. V., Samotrueva M. A. Plants of the genus *Astragalus*: prospects for application in pharmacy // *Astrakhan Medical Journal*. – 2015. – No. 2.
- Shabanova G. A., Izverskaya T. D., Gendov V. S. Wild-growing Economically Valuable Plants of the Yagorlyk Reserve. – Chisinau: Eco-TIRAS, 2012. – 262 p.
- Vinogradova R. M., Kamelin R. V., Filimonova Z. N., Tsukervanik T. I., Shermatov G. M., Nabiev M. M. Genus *Astragalus* // *Conspectus Florae Asiae Mediae*. – Vol. 4. – Tashkent: FAN Publishing House of the Uzbek SSR, 1981. – P. 70–256.

SPECIFICS OF GENOMIC DNA ISOLATION FROM PLANTS OF THE GENUS *ROSA* USING VARIOUS PROTOCOLS AND THEIR MODIFICATIONS

¹A.N. Duisen* , ¹S.A. Kauanov , ¹A.Ya. Aliyeva , ¹A.D. Bakbergen , ¹A.E. Orazov 

¹Astana International University, Astana, Kazakhstan

*e-mail: duysenaiym@gmail.com

A.N. Duisen – MSc, Research Scientist of the Higher School of Natural Sciences, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: duysenaiym@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6394-4082>

S.A. Kauanov – Master's student, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: sultan.kauanov@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8526-1877>

A.Ya. Aliyeva – Bachelor student, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: aliyevaiymzhan16@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-4371-6706>

A.D. Bakbergen – Bachelor student, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: b.arunna08@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0003-8958-7636>

A.E. Orazov – PhD, Associate Professor, Head of the 'NatureLab' Research Laboratory, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: orazov_aidyn@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

Abstract. The *Rosa* genus includes several species of ecological and conservation importance. However, obtaining high-quality genomic DNA from *Rosa* leaf extracts can be difficult because secondary metabolites can interfere with DNA extraction and subsequent molecular analysis. This study evaluated the performance and versatility of the CTAB-based DNA extraction protocol for leaves of *Rosa acicularis* Lindl., *Rosa alberta* Regel and *Rosa spinosissima* L. from the Altai and Tarbagatai regions of Kazakhstan. Genomic DNA was extracted using a CTAB-based method and compared with the DNA obtained using the primary extraction method. DNA concentrations were measured spectrophotometrically. Differences between extraction methods were analyzed using Welch's t-test.

The CTAB protocol yielded the highest DNA amounts in the analysed samples. Average DNA concentration ranged from 188.95 to 385.24 ng/μl, depending on species and location. The highest average concentration was observed in *R. acicularis* from the Altai Mountains (385.24 ± 142.22 ng/μl), and the lowest in *R. spinosissima* (188.95 ± 89.38 ng/μl). Significant differences were found between individual samples, especially in *R. alberta* from Tarbagatai and *R. spinosissima* from the Altai Mountains. Samples processed with the primary extraction method generally showed lower and more variable DNA content; differences between extraction methods were statistically significant ($p < 0.05$).

The CTAB-based protocol provided sufficient DNA extraction for molecular analysis of the studied *Rosa* species and proved applicable to plant material from different regions of Kazakhstan. However, the large variability between samples suggests that DNA concentration alone does not fully reflect DNA quality. Further verification of DNA purity and PCR amplification efficiency is recommended for subsequent molecular biological applications.

Keywords: *Rosa acicularis*, *Rosa alberta*, *Rosa spinosissima*, CTAB-based method, DNA

ӘРТҮРЛІ ПРОТОКОЛДАРДЫ ЖӘНЕ ОЛАРДЫҢ МОДИФИКАЦИЯЛАРЫН ҚОЛДАНУ АРҚЫЛЫ *ROSA* ТУЫСЫНА ЖАТАТЫН ӨСІМДІКТЕРДЕН ГЕНОМДЫҚ ДНҚ БӨЛІП АЛУДЫҢ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ

¹А.Н. Дүйсен*, ¹С.А. Кауанов, ¹А.Я. Алиева, ¹А.Д. Бакберген, ¹А.Е. Оразов

¹Астана халықаралық университеті, Астана, Қазақстан

*e-mail: duysenaiym@gmail.com

А.Н. Дүйсен – MSc, Астана халықаралық университетінің Жаратылыстану ғылымдарының жоғары мектебінің ғылыми қызметкері, Астана қ., Қазақстан, e-mail: duysenaiym@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6394-4082>

С.А. Кауанов – магистрант, Астана халықаралық университеті, Астана қ., Қазақстан, e-mail: sultan.kauanov@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8526-1877>

А.Я. Алиева – бакалавр, Астана халықаралық университеті, Астана қ., Қазақстан, e-mail: aliyevaiymzhan16@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-4371-6706>

А.Д. Бакберген – бакалавр, Астана халықаралық университеті, Астана қ., Қазақстан, e-mail: b.arunna08@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0003-8958-7636>

А.Е. Оразов – PhD, қауымдастырылған профессор, Астана халықаралық университетінің 'NatureLab' ғылыми-зерттеу зертханасының меңгерушісі, Астана қ., Қазақстан, e-mail: orazov_aidyn@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

Аңдатпа. *Rosa* тұқымдасына экологиялық және табиғатты қорғауда маңызды бірнеше түрлер кіреді. Дегенмен, итмұрын жапырағының сығындыларынан жоғары сапалы геномдық ДНҚ алу екінші реттік метаболиттердің болуына байланысты қиын болуы мүмкін, бұл ДНҚ экстракциясына және кейінгі молекулалық талдауға кедергі келтіруі мүмкін. Бұл зерттеуде Қазақстанның Алтай және Тарбағатай аймақтарында жиналған *Rosa acicularis* Lindl., *Rosa alberta* Regel және *Rosa spinosissima* L. жапырақтары үшін СТАВ (цетилтриметиламмоний бромиді) көмегімен ДНҚ экстракция протоколының тиімділігі мен әмбебаптығы бағаланды. Зерттеу барысында геномдық ДНҚ СТАВ көмегімен бөлініп алынды және нәтижелер стандартты экстракция әдісімен алынған нәтижелермен салыстырылды. ДНҚ концентрациясы спектрофотометриялық түрде өлшенді. Экстракция әдістері арасындағы айырмашылықтар Уэлчтің 't'-тестін пайдаланып талданды.

СТАВ протоколы талданған үлгілерде ДНҚ-ның статистикалық тұрғыдан айтарлықтай жоғары мөлшерін берді. ДНҚ-ның орташа концентрациясы түрге және жинау орнына байланысты 188,95-тен 385,24 нг/мкл-ге дейін болды. Ең жоғары орташа концентрация Алтай аймағынан алынған *R. acicularis*-те байқалды ($385,24 \pm 142,22$ нг/мкл), ал ең төменгісі *R. spinosissima*-да байқалды ($188,95 \pm 89,38$ нг/мкл). Жеке үлгілер арасында, әсіресе Тарбағатайдан алынған *R. alberta* мен Алтайдан алынған *R. spinosissima* арасында айтарлықтай айырмашылықтар анықталды. Стандартты әдісті қолданып анализденген үлгілер, әдетте, төмен және тұрақсыз ДНҚ концентрациясын көрсетті, экстракция әдістері арасындағы айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды болды ($p < 0,05$).

СТАВ негізіндегі протокол зерттелген *Rosa* түрлерін молекулалық талдау үшін жеткілікті ДНҚ өнімділігін берді және Қазақстанның әртүрлі аймақтарынан алынған өсімдік материалымен жұмыс істеуге жарамды болып шықты. Дегенмен, үлгілер арасындағы айтарлықтай өзгергіштік ДНҚ концентрациясының өзі оның сапасын толық көрсетпейтінін көрсетеді. Молекулалық биология зерттеулерінде одан әрі пайдалану үшін ДНҚ тазалығын және ПТР күшейту тиімділігін қосымша тексеру ұсынылады.

Кілт сөздер: *Rosa acicularis*, *Rosa alberta*, *Rosa spinosissima*, СТАВ негізіндегі әдіс, ДНҚ

ОСОБЕННОСТИ ВЫДЕЛЕНИЯ ГЕНОМНОЙ ДНК ИЗ РАСТЕНИЙ РОДА *ROSA* С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РАЗЛИЧНЫХ ПРОТОКОЛОВ И ИХ МОДИФИКАЦИЙ

¹А.Н. Дуйсен*, ¹С.А. Кауанов, ¹А.Я. Алиева, ¹А.Д. Бакберген, ¹А.Е. Оразов

¹Международный университет Астана, Астана, Казахстан

*e-mail: duysenaiym@gmail.com

А.Н. Дуйсен – MSc, научный сотрудник Высшей школы естественных наук Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: duysenaiym@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6394-4082>

С.А. Кауанов – магистрант, Международный университет Астана, Астана, Казахстан, e-mail: sultan.kauanov@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8526-1877>

А.Я. Алиева – бакалавр, Международный университет Астана, Астана, Казахстан, e-mail: aliyevaiymzhan16@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-4371-6706>

А.Д. Бакберген – бакалавр, Международный университет Астана, Астана, Казахстан, e-mail: b.arunna08@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0003-8958-7636>

А.Е. Оразов – PhD, ассоциированный профессор, заведующий научно-исследовательской лабораторией 'NatureLab' Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: orazov_aidyn@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

Аннотация. Род *Rosa* включает ряд видов, имеющих важное экологическое и природоохранное значение. Однако получение высококачественной геномной ДНК из экстрактов листьев шиповника может быть затруднено из-за наличия вторичных метаболитов, способных препятствовать выделению ДНК и последующему молекулярному анализу. В данном исследовании оценивались эффективность и универсальность протокола выделения ДНК с использованием СТАВ (цетилтриметиламмоний бромид) для листьев *Rosa acicularis* Lindl., *Rosa alberta* Regel и *Rosa spinosissima* L., собранных в Алтайском и Тарбагатайском регионах Казахстана. Геномную ДНК выделяли методом с использованием СТАВ, а полученные результаты сравнивали с данными, полученными при использовании базового метода экстракции. Концентрацию ДНК измеряли спектрофотометрически. Различия между методами выделения анализировали с помощью t-критерия Уэлча.

Протокол с использованием СТАВ позволил получить наибольшее количество ДНК в анализируемых образцах. Средняя концентрация ДНК варьировала от 188,95 до 385,24 нг/мкл в зависимости от вида и места сбора. Наивысшая средняя концентрация была отмечена у *R. acicularis* из Алтайского региона ($385,24 \pm 142,22$ нг/мкл), а самая низкая — у *R. spinosissima* ($188,95 \pm 89,38$ нг/мкл). Были выявлены значительные различия между отдельными образцами, особенно у *R. alberta* из Тарбагатай и *R. spinosissima* с Алтая. Образцы, обработанные базовым методом, в целом демонстрировали более низкое и более вариабельное содержание ДНК, различие между методами выделения было статистически значимым ($p < 0,05$).

Протокол на основе СТАВ обеспечил выход ДНК, достаточный для молекулярного анализа изученных видов *Rosa*, и оказался пригодным для работы с растительным материалом из различных регионов Казахстана. Однако значительная вариабельность показателей между образцами свидетельствует о том, что одна лишь концентрация ДНК не в полной мере отражает ее качество. Для дальнейшего использования в молекулярно-биологических исследованиях рекомендуется дополнительная проверка чистоты ДНК и эффективности ПЦР-амплификации.

Ключевые слова: *Rosa acicularis*, *Rosa alberta*, *Rosa spinosissima*, метод на основе СТАВ, ДНК

Introduction. Obtaining high-quality genomic DNA is a fundamental prerequisite for a wide range of molecular genetic studies in plants, including polymerase chain reaction (PCR), DNA barcoding, phylogenetic analysis, population genetics, and DNA sequencing. The reliability of subsequent analyses depends largely on the quantity, purity, and integrity of the extracted DNA. Therefore, developing efficient, reproducible DNA extraction methods is a crucial step in molecular research on plant species (Csaikl et al., 1998; Lutz et al., 2011; Xin & Chen, 2012; Aboul-Maaty &

Oraby, 2019).

Isolating high-quality DNA from plant tissues can be challenging because plant cells contain a complex mixture of primary and secondary metabolites. In particular, polyphenolic compounds, polysaccharides, proteins, pigments, and other secondary metabolites may co-extract with nucleic acids during tissue disruption and DNA purification (Khanuja et al., 1999; Friar, 2005; Varma et al., 2007; Dehestani & Tabar, 2007; Japelaghi et al., 2011; Sahu et al., 2012). Polyphenols can oxidise and form complexes with DNA and proteins (Jobes et al., 1995; Hadi et al., 2017; Heikrujam et al., 2020), while polysaccharides can increase the viscosity of DNA preparations and interfere with enzymatic reactions (Perlman et al., 1987; Lodhi et al., 1994; dos Santos et al., 2012). Consequently, DNA preparations containing such impurities may lack sufficient purity and inhibit downstream PCR and sequencing reactions. Thus, DNA extraction efficiency can vary significantly by plant species, tissue type, and developmental stage (Rezadoost et al., 2016; Ruggieri et al., 2016).

Species of the genus *Rosa* are of particular interest for molecular genetic research due to their significant morphological diversity, close interspecific relationships, and taxonomic complexity (Matsumoto et al., 1998; Ritz et al., 2005; Koopman et al., 2008; Gaurav et al., 2022; Ergashov et al., 2026). Molecular methods serve as valuable tools for species identification, phylogenetic reconstruction, assessment of genetic diversity, and population studies of members of this genus (Steele et al., 2011; Yang et al., 2012; Patwardhan et al., 2014; Dissanayake et al., 2020). However, successfully applying molecular markers for *Rosa* species requires DNA of appropriate quality and purity to ensure reliable amplification and sequencing. DNA extraction from wild *Rosa* species can be particularly challenging because of the chemical composition of their tissues and compounds that interfere with DNA purification and PCR amplification (Wissemann & Ritz, 2005; Kaul et al., 2009; Debener & Linde, 2009; Maloupa et al., 2021). Among the species found in Kazakhstan, *Rosa acicularis*, *Rosa alberta*, and *Rosa spinosissima* are important representatives of the genus (Vdovina et al., 2024; Danilova et al., 2025; Yermagambetova et al., 2025); working with them may require optimising standard DNA isolation methods. Obtaining DNA suitable for reliable amplification is crucial for the subsequent molecular-genetic characterisation and species identification of these plants.

The cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) method is one of the most common approaches to plant DNA extraction because the reagent separates nucleic acids from various cellular components (Rogers & Bendich, 1988; Allen et al., 2006; Liu et al., 2025). However, standard CTAB protocols may need modification depending on the plant material and the concentration of interfering compounds. It has been reported that adding purification steps and using substances such as polyvinylpyrrolidone (PVP), reducing agents, or optimised salt concentrations can improve the quality of DNA extracted from plants rich in secondary metabolites (Porebski et al., 1997; Yadav et al., 2018; Buljević et al., 2025). Nevertheless, an extraction protocol optimised for a specific taxon or tissue type does not necessarily yield satisfactory results when applied to other species (Yockteng et al., 2013; Jones et al., 2023).

Despite the increasingly widespread use of molecular methods to study plant diversity in Kazakhstan, DNA isolation procedures optimised for a range of wild *Rosa* species remain insufficiently documented. Consequently, developing a reproducible method for obtaining DNA suitable for PCR amplification is a vital prerequisite for further molecular-genetic research on these species. This study compared a standard DNA extraction method with a CTAB-based method, optimised a protocol for DNA extraction from *Rosa acicularis*, *Rosa alberta*, and *Rosa spinosissima*, and evaluated the quality and suitability of the extracted DNA for subsequent molecular analysis via PCR. The optimised procedure is intended to provide a reproducible approach to molecular studies of these species, and potentially other plants that are difficult to analyse due to taxonomic or chemical characteristics.

Materials and Methods. The modified (Porebski et al., 1997) original CTAB-based method (Doyle, 1987) was applied to the leaves of *Rosa acicularis*, *Rosa alberta*, and *Rosa spinosissima*. They were collected during the active growing season from Tarbagatai and Altai Mountains in eastern Kazakhstan. They were subsequently air-dried, then transported to the laboratory in paper bags and stored at -80°C. The dry leaves underwent further DNA extraction. 20-25 mg of each plant tissue

sample taken from only healthy, young, non-browning, undamaged leaves was placed in a 2 mL round-bottom microcentrifuge tube. Veins and petioles were removed as well. The tubes were labelled with a permanent marker, indicating the sample number, species, and date. All manipulations were performed using sterile equipment and nitrile gloves to prevent contamination.

The whole experiment took 4 days, but could be done in less time. Two metal balls were added to each 2 mL round-bottom microcentrifuge tube with plant samples for mechanical tissue disruption. Before homogenization, the tissues were placed in liquid nitrogen for 10-15 minutes to freeze the samples. This was followed by a grinding process in a homogeniser under a fume hood by placing the tubes symmetrically in a chilled tube rack. The maximum speed was set.

Prior to DNA extraction, the lysis buffer solution was prepared for two batches under a fume hood, each containing 30 mL of CTAB, 0.6 g of PVP, and 60 μ L of β -mercaptoethanol. Preheated on a heating block at 65°C, 60 mL of CTAB Lysis Buffer BioChemica was separated into two tubes. 0.6 g of PVP was weighed for two tubes each and added. The solutions were vortexed. Finally, 2 portions of 60 μ L of β -mercaptoethanol were used to finish preparing the solutions. Total concentrations for 2 portions should contain 60 mL of CTAB, 120 μ L of β -mercaptoethanol, 1.2 g of PVP.

The next step, called lysis, started with adding 1100 μ L of prepared CTAB solution to the sample tubes, each followed by vortexing and incubation in 4 cycles for 15 minutes each at 65°C. It is important to note that after the first cycle, the metal balls should be discarded using a magnet, and the fourth cycle can be done on the second day; thus, the incubated samples (3rd cycle of incubation) were stored in a refrigerator.

On the next day, the samples were heated in a heating block at 65°C (4th cycle of incubation). 600-700 μ L of chloroform was added to each sample and vortexed. If the solution remained heterogeneous, the tubes were inverted several times to homogenise the mixture. The samples were centrifuged at 12000 rpm for 5 minutes at 4°C, after which the supernatants (300-350 μ L) were transferred to newly labelled 1.5 mL microcentrifuge tubes. DNA was precipitated by adding 3 M sodium acetate (pH 5.5) and 600 μ L of 96% ethanol. The tubes were gently inverted 10-20 times until visible DNA precipitation appeared, followed by overnight incubation at -20°C.

On the 3rd day, the samples were centrifuged at 12000 rpm for 15 minutes at 4°C. The supernatants were discarded, and the tubes were briefly air-dried before incubating in a concentrator at 60°C for 1 minute. DNA pellets were resuspended in 200 μ L of RNase-free ddH₂O; subsequently, 100 μ L of 5 M NaCl was added, and the mixture was then vortexed thoroughly. Next, 600 μ L of 96% ethanol was added, and the samples were mixed by gentle inversion, followed by incubation at -20°C for 30 minutes. The samples were centrifuged at 12000 rpm for 10 minutes, after which the supernatant was removed. The tubes were dried in a concentrator at 30°C for 2 minutes. 150 μ L ddH₂O (RNase-free) and 1 μ L RNase A (DNase- and Protease-free) were added to each sample and mixed by gentle inversion. Before storing the samples in the refrigerator, they were incubated for 30 minutes at 37°C.

On day 4, the DNA samples were measured using the NanoDrop UV/Vis Spectrophotometer (U2 MicroDigital, Republic of Korea). First, the tubes were vortexed and briefly centrifuged. The spectrophotometer pedestal was cleaned with a lint-free tissue prior to and between measurements, and 1.5 μ L of the DNA sample was used. DNA concentrations and absorbance ratios were recorded.

The standard method via the DNA extraction kit (Jena Bioscience, Germany) (Olawuyi et al., 2020) was also conducted to compare it with the CTAB-based method on *Rosa acicularis* and *Rosa spinosissima*. Sample collection and preparation were done the same way as in the above-mentioned protocol. Plant tissues were transferred to 2 mL microcentrifuge tubes containing two metal homogenization beads and frozen in liquid nitrogen for 10-15 minutes. The powdered material was homogenised at high speed using a bead homogeniser. Subsequently, 600 μ L of Cell Lysis Solution was added to each sample, followed by vortexing. The samples were incubated at 65°C for 60 minutes, with occasional vortexing to maximise particle lysis. After thawing, the tissue was removed using a magnet, and the lysates were stored at -20°C until the following day.

After thawing, 1.5 μ L of RNase A solution was added to each lysate. The samples were gently inverted and incubated at 37°C for 60 minutes, with occasional mixing. The lysates were then

concentrated, and 100 μL of protein precipitation solution was added. After mixing and cooling on ice for 10–15 minutes, the samples were centrifuged at 15,000 rpm for 15 minutes at -4°C .

The resulting supernatant was transferred to clean 1.5 mL microcentrifuge tubes, and 300 μL of chloroform was added. The samples were vortexed for 20–30 seconds and centrifuged at 15,000 rpm for 10 minutes and carefully transferred the upper aqueous phase containing genomic DNA to new tubes. The DNA was precipitated with an equal volume (300 μL) of pre-warmed isopropanol ($>99\%$), then vigorously inverted. The samples were incubated overnight at -20°C and then centrifuged at 15,000 rpm for 5 minutes at -4°C . The supernatant was removed, and the DNA pellets were air-dried and washed with 500 μL of wash buffer. The pellets were resuspended by vortexing and incubated at 60°C until completely dissolved. The samples were centrifuged at 5,000 rpm for 5 minutes, after which the supernatant was removed. A wash step was performed once with 500 μL of wash buffer. The pellets were then washed with 500 μL of ultrapure water and centrifuged at 5,000 rpm for 5 minutes. Excess water was removed, and the DNA pellets were allowed to dry for at least 10 minutes. The DNA was then resuspended in 100 μL of DNA hydration solution and incubated at 65°C for 60 minutes, with periodic agitation and brief centrifugation. The isolated DNA samples were stored at -20°C until further analysis.

The concentration of the synthetic genomic DNA was measured using a NanoDrop micro-volume spectrophotometer. DNA quality was assessed based on concentration and spectrophotometric purity (Olawuyi et al., 2020). The quality of DNA samples was statistically compared with the quality of DNA samples extracted with CTAB-based methods to determine whether the sample purity is acceptable for further genetic analyses.

Results. Using the CTAB-based method, DNA yield varied significantly by *Rosa* species and sampling region (Table 1). For *Rosa acicularis*, the mean DNA yield was 385.24 ± 142.22 ng/ μL in the Altai region and 230.68 ± 119.02 ng/ μL in the Tarbagatay region; for *Rosa alberta*, the yield was 231.84 ± 109.41 ng/ μL in the Altai region and 316.52 ± 220.64 ng/ μL in the Tarbagatay region. Additionally, for *Rosa spinosissima*, the mean yield was 334.27 ± 186.43 ng/ μL in the Altai region and 188.95 ± 89.38 ng/ μL in the Tarbagatay region (Table 1).

Table 1. Results of DNA concentrations of *Rosa acicularis*, *Rosa alberta*, and *Rosa spinosissima* leaves by the CTAB-based method.

Species	Area	n	Mean (ng/ μL)	SD (ng/ μL)	Minimum	Maximum
<i>Rosa acicularis</i>	Altai	8	385.24	142.22	171.68	531.98
<i>Rosa acicularis</i>	Tarbagatai	8	230.68	119.02	51.84	409.72
<i>Rosa alberta</i>	Altai	8	231.84	109.41	42.85	373.94
<i>Rosa alberta</i>	Tarbagatai	8	316.52	220.64	3.83	654.75
<i>Rosa spinosissima</i>	Altai	7	334.27	186.43	96.89	682.24
<i>Rosa spinosissima</i>	Tarbagatai	8	188.95	89.38	37.89	292.76

Overall, DNA yield for samples extracted using the CTAB method ranged from 3.83 to 682.24 ng/ μL . The highest mean yield was observed in *Rosa acicularis* from the Altai region (385.24 ng/ μL), while the lowest was in *Rosa spinosissima* from the Tarbagatay region (188.95 ng/ μL). Significant variability within groups was also observed, particularly for *Rosa alberta* from the Tarbagatay region (standard deviation [SD] = 220.64 ng/ μL) and *Rosa spinosissima* from the Altai region (SD = 186.43 ng/ μL). Some groups showed high standard deviation values (Table 1).

Samples processed using the original DNA extraction method exhibited higher variability (Table 2). The mean DNA concentration in *Rosa acicularis* samples from the Tarbagatai region was 37.93 ± 44.45 ng/ μL . In contrast, the mean concentration in *Rosa spinosissima* samples from the Altai region was significantly lower, at only 6.80 ± 11.46 ng/ μL (Table 2).

Table 2. Results of DNA concentrations of samples of *Rosa acicularis* and *Rosa spinosissima* leaves by the original DNA extraction method.

Species	Area	n	Mean (ng/μl)	SD (ng/μl)	Minimum	Maximum
<i>Rosa acicularis</i>	Tarbagatai	2	37.93	44.45	6.499	69.356
<i>Rosa spinosissima</i>	Altai	3	6.80	11.46	-2.765	19.5

DNA concentrations obtained using the CTAB and standard extraction methods differed significantly (Welch's t-test, $p = 5.94 \times 10^{-9}$) (Fig. 1). The CTAB method yielded significantly higher DNA concentrations than the standard method. The box plot also revealed considerable variability among samples obtained via the CTAB protocol, characterised by a wide interquartile range and overall distribution of DNA concentrations. In contrast, DNA concentrations obtained using the standard method were much lower and showed a narrower distribution. Several samples obtained via the CTAB method exhibited exceptionally high DNA concentrations exceeding 600 ng/μL, whereas concentrations obtained via the standard method generally remained below approximately 70 ng/μL ($p < 0.001$).

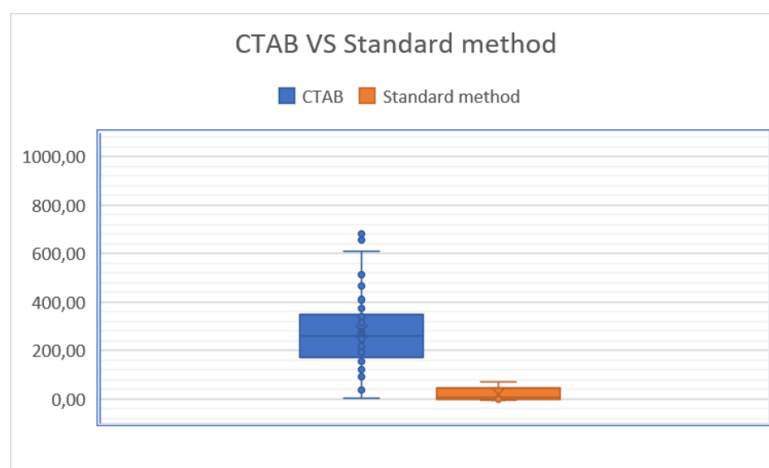


Figure 1. Box plot diagram showing the statistical difference between CTAB and the standard method ($p < 0.001$ ***; significant by Welch t-test)

The resulting DNA underwent PCR analysis using specific primers (Fig. 2).

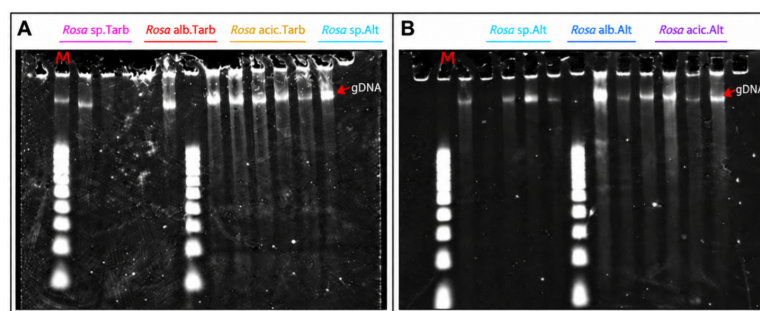


Figure 2. Agarose gel electrophoresis of genomic DNA (gDNA) from *Rosa* samples. (A) PCR amplification of samples from Tarbagatai (Tarb) and Altai (Alt) regions. (B) PCR amplification of samples from the Altai (Alt) region. M - DNA molecular weight marker; gDNA – genomic DNA

Discussion. The results indicate substantial differences in DNA yield from *Rosa* samples by extraction method. The CTAB method generally produced DNA concentrations above the overall mean; average values for the various groups (categorised by species and region) ranged from

188.95 to 385.24 ng/ μ L. However, the high standard deviation values recorded in some groups indicate significant variability among individual samples. The high variability among CTAB samples may reflect differences in how individual plant samples respond to the extraction procedure. Such variability may be linked to differences - across species or tissues - in the abundance of polysaccharides, polyphenolic compounds, pigments, and other secondary metabolites. These compounds can complicate the isolation and purification of plant genomic DNA and contribute to variation in DNA recovery among samples (Darling, 2022).

Significant differences in DNA concentration may reflect the specific biochemical composition of the leaf samples. Species of the genus *Rosa* contain high levels of polysaccharides, polyphenolic compounds, and other secondary metabolites that can interfere with DNA extraction and subsequent molecular analysis (Aboul-Maaty & Oraby, 2019). CTAB-based extraction protocols are widely used for plant samples because CTAB removes polysaccharides, while the addition of PVP and β -mercaptoethanol helps neutralise the effects of phenolic compounds (Porebski et al., 1997; Yadav et al., 2018; Buljević et al., 2025). Thus, the high DNA yield observed in several groups demonstrates the effectiveness of this CTAB-based protocol for most of the analysed *Rosa* samples (Xu et al., 2004; Jabbarzadeh et al., 2009).

However, DNA concentration alone does not fully reflect the quality of the extracted DNA. This is especially important for plant samples containing secondary metabolites, as co-extracted compounds can inflate spectrophotometer readings without necessarily indicating the presence of high-quality genomic DNA (Siegel et al., 2017; Tuncay & Uzun, 2025). When comparing primary extraction results from the two methods using Welch's t-test, we found statistically significant differences in DNA yield ($p < 0.001$). This suggests that the improved DNA recovery with the CTAB procedure may be due to the extraction chemistry's ability to facilitate cell lysis and separate DNA from a complex mixture of plant compounds. This is particularly important for *Rosa* species, which can contain high levels of phenolic compounds and other secondary metabolites. Modified CTAB procedures incorporating components such as PVP have previously been developed for plant tissues rich in polyphenols and polysaccharides (Porebski et al., 1997; Yadav et al., 2018; Buljević et al., 2025).

A significant limitation of this comparative study is the relatively small number of samples and the insufficient amount of reagents used for the primary extraction method. Specifically, the standard method sample included only two *R. acicularis* specimens from Tarbagatai and three *R. spinosissima* specimens from the Altai region. Future research should be conducted on a larger number of samples.

The results also suggest that extraction efficiency may vary by species and geographic origin. The results indicate that extraction efficiency can vary depending on the species and geographical origin of the samples. For instance, when using the CTAB protocol, *R. acicularis* samples from the Altai region yielded higher average DNA concentrations than those from the Tarbagatai region. In contrast, the opposite was true for *R. alberta*. A similar pattern was observed for *R. spinosissima*; DNA concentrations were higher in the Altai samples than in the Tarbagatai samples. These differences could reflect variation in leaf tissue properties, physiological state, environmental conditions, or secondary metabolite content in plants grown under different conditions (Yang et al., 2018; Reshi et al., 2023). However, because species and geographic groups were unevenly represented across the two sampling methods, this dataset cannot disentangle the influence of these factors from the effect of the sampling protocol itself.

Overall, the CTAB protocol yielded sufficient DNA for a significant proportion of the *Rosa* samples and represents a viable method for DNA extraction from this genus. For samples consistently yielding low DNA concentrations or unsatisfactory amplification results, further optimisation of parameters - such as the amount of plant material, grinding method, incubation conditions, and purification steps - may be required.

Conclusion. The results showed that modified CTAB was suitable for extracting genomic DNA from leaves of *Rosa acicularis*, *Rosa alberta*, and *Rosa spinosissima* collected in the Altai and Tarbagatay regions of Kazakhstan.

The CTAB method yielded significantly higher DNA concentrations than samples that

underwent a standard DNA extraction method. Therefore, the modified CTAB protocol can be considered a more effective method for extracting genomic DNA from *Rosa* leaves for subsequent analysis. However, further investigation with larger sample quantities is needed.

References

- Aboul-Maaty, N. A. F., & Oraby, H. A. S. (2019). Extraction of high-quality genomic DNA from different plant orders applying a modified CTAB-based method. *Bulletin of the National Research Centre*, 43(1), 1-10.
- Allen, G. C., Flores-Vergara, M. A., Krasynanski, S., Kumar, S., & Thompson, W. F. (2006). A modified protocol for rapid DNA isolation from plant tissues using cetyltrimethylammonium bromide. *Nature Protocols*, 1(5), 2320-2325.
- Buljević, N., Preiner, D., Šikuten, I., & Tomaz, I. (2025). Comparison of Different DNA Isolation Methods from Grapevine (*Vitis vinifera*) Leaves. *Separations*, 12(11), 316.
- Csaikl, U. M., Bastian, H., Brettschneider, R., Gauch, S., Meir, A., Schauerte, M., ... & Ziegenhagen, B. (1998). Comparative analysis of different DNA extraction protocols: a fast, universal maxi-preparation of high quality plant DNA for genetic evaluation and phylogenetic studies. *Plant Molecular Biology Reporter*, 16(1), 69-86.
- Danilova, A. N., Vdovina, T. A., Kotukhov, Y. A., Anufriyeva, O. A., Vinokurov, A. A., Isakova, E. A., ... & Sumbembayev, A. A. (2025). Study of the Geographical Distribution, Ecological-Biological Characteristics, and Economic Value of *Rosa acicularis* Lindl., *Rosa laxa* Retz., and *Rosa spinosissima* L.(Rosaceae) in Kazakhstan's Part of the Altai Mountains. *Diversity*, 17(7), 441.
- Darling, H. S. (2022). Do you have a standard way of interpreting the standard deviation? A narrative review. *Cancer Research, Statistics, and Treatment*, 5(4), 728-733.
- Debener, T., & Linde, M. (2009). Exploring complex ornamental genomes: the rose as a model plant. *Critical reviews in plant sciences*, 28(4), 267-280.
- Dehestani, A., & Tabar, S. K. (2007). A rapid efficient method for DNA isolation from plants with high levels of secondary metabolites. *Asian J. Plant Sci*, 6(6), 977-981.
- Dissanayake, A. J., Bhunjun, C. S., Maharachchikumbura, S. S. N., & Liu, J. K. (2020). Applied aspects of methods to infer phylogenetic relationships amongst fungi. *Mycosphere*, 11(1), 2652-2676.
- dos Santos, S., Piculell, L., Medronho, B., Miguel, M. G., & Lindman, B. (2012). Phase behavior and rheological properties of DNA-cationic polysaccharide mixtures. *Journal of colloid and interface science*, 383(1), 63-74.
- Doyle, J. J. L. (1987). Genomic plant DNA preparation from fresh tissue □ CTAB method. *Phytochemical bulletin*, 19(11), 11.
- Ergashov, I., Ismonova, G., Ibrokhimova, G., Yusupov, Z., Mamasoliev, S., Berdiyev, M., & Naralieva, N. (2026). Comparative chloroplast genome analysis and phylogeny of the genus *Rosa* (Rosaceae). *Analele Universității din Oradea, Fascicula Biologie*, 33(1), 24-32.
- Friar, E. A. (2005). Isolation of DNA from plants with large amounts of secondary metabolites. In *Methods in enzymology* (Vol. 395, pp. 1-12). Academic Press.
- Gaurav, A. K., Namita, Raju, D. V. S., Ramkumar, M. K., Singh, M. K., Singh, B., ... & Sevanthi, A. M. (2022). Genetic diversity analysis of wild and cultivated *Rosa* species of India using microsatellite markers and their comparison with morphology based diversity. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 31(1), 61-70.
- Hadi, S. M., Bhat, S. H., Azmi, A. S., Hanif, S., Shamim, U., & Ullah, M. F. (2007, October). Oxidative breakage of cellular DNA by plant polyphenols: a putative mechanism for anticancer properties. In *Seminars in cancer biology* (Vol. 17, No. 5, pp. 370-376). Academic Press.
- Heikrujam, J., Kishor, R., & Mazumder, P. B. (2020). The chemistry behind plant DNA isolation protocols. In *Biochemical analysis tools-Methods for bio-molecules studies*. IntechOpen.
- Jabbarzadeh, Z., Khosh-Khui, M., Salehi, H., & Saberivand, A. (2009). Optimization of DNA extraction for ISSR studies in seven important rose species of Iran.
- Japelaghi, R. H., Haddad, R., & Garoosi, G. A. (2011). Rapid and efficient isolation of high quality nucleic acids from plant tissues rich in polyphenols and polysaccharides. *Molecular biotechnology*, 49(2), 129-137.
- Jobes, D. V., Hurley, D. L., & Thien, L. B. (1995). Plant DNA isolation: a method to efficiently remove polyphenolics, polysaccharides, and RNA. *Taxon*, 44(3), 379-386.
- Jones, M. M., Nagalingum, N. S., & Handley, V. M. (2023). Testing protocols to optimize DNA extraction from tough leaf tissue: A case study in *Encephalartos*. *Applications in plant sciences*, 11(3), e11525.
- Kaul, K., Dhyani, D., & Sharma, R. K. (2009). Evaluation of DNA extraction methods for RAPD, SSR and AFLP analyses of wild rose species. *Floriculture and Ornamental Biotechnology*, 3(1), 25-30.
- Khanuja, S. P., Shasany, A. K., Darokar, M. P., & Kumar, S. (1999). Rapid isolation of DNA from dry and fresh samples of plants producing large amounts of secondary metabolites and essential oils. *Plant molecular biology Reporter*, 17(1), 74-74.
- Koopman, W. J., Wissemann, V., De Cock, K., Van Huylbroeck, J., De Riek, J., Sabatino, G. J., ... & Smulders, M. J. (2008). AFLP markers as a tool to reconstruct complex relationships: a case study in *Rosa* (Rosaceae). *American Journal of Botany*, 95(3), 353-366.
- Liu, B., Wu, H., Cao, Y., Ma, G., Zheng, X., Zhu, H., ... & Sui, S. (2025). Reducing costs and shortening the cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) method to improve DNA extraction efficiency from wintersweet and some other plants. *Scientific Reports*, 15(1), 13441.
- Lodhi, M. A., Ye, G. N., Weeden, N. F., & Reisch, B. I. (1994). A simple and efficient method for DNA extraction from grapevine cultivars and *Vitis* species. *Plant molecular biology Reporter*, 12(1), 6-13.
- Lutz, K. A., Wang, W., Zdepski, A., & Michael, T. P. (2011). Isolation and analysis of high quality nuclear DNA with reduced organellar DNA for plant genome sequencing and resequencing. *BMC biotechnology*, 11(1), 54.
- Maloupa, E., Karapatzak, E., Ganopoulos, I., Karydas, A., Papanastasi, K., Kyrkas, D., ... & Krigas, N. (2021). Molecular authentication, phytochemical evaluation and asexual propagation of wild-growing *Rosa canina* L.(Rosaceae) genotypes of Northern Greece for

sustainable exploitation. *Plants*, 10(12), 2634.

Matsumoto, S., Kouchi, M., Yabuki, J., Kusunoki, M., Ueda, Y., & Fukui, H. (1998). Phylogenetic analyses of the genus *Rosa* using the matK sequence: molecular evidence for the narrow genetic background of modern roses. *Scientia Horticulturae*, 77(1-2), 73-82.

Olawuyi, O. J., Erhonsele, O. O., Chukwuka, K. S., & Faneye, A. O. (2020). Morphological and Genomic responses of *Pennisetum glaucum* L. (Pearl Millet) to Lead nitrate. *Advances in Environmental Biology*, 14(7), 31-46.

Patwardhan, A., Ray, S., & Roy, A. (2014). Molecular markers in phylogenetic studies-a review. *Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biology*, 2(2), 131.

Perlman, D., Chikarmane, H., & Halvorson, H. O. (1987). Improved resolution of DNA fragments in polysaccharide-supplemented agarose gels. *Analytical biochemistry*, 163(1), 247-254.

Porebski, S., Bailey, L. G., & Baum, B. R. (1997). Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant molecular biology reporter*, 15(1), 8-15.

Reshi, Z. A., Ahmad, W., Lukatkin, A. S., & Javed, S. B. (2023). From nature to lab: A review of secondary metabolite biosynthetic pathways, environmental influences, and in vitro approaches. *Metabolites*, 13(8), 895.

Rezadoost, M. H., Kordrostami, M., & Kumleh, H. H. (2016). An efficient protocol for isolation of inhibitor-free nucleic acids even from recalcitrant plants. *3 Biotech*, 6(1), 61.

Ritz, C. M., Schmutz, H., & Wissemann, V. (2005). Evolution by reticulation: European dogroses originated by multiple hybridization across the genus *Rosa*. *Journal of Heredity*, 96(1), 4-14.

Rogers, S. O., & Bendich, A. J. (1988). Extraction of DNA from plant tissues. In *Plant molecular biology manual* (pp. 73-83). Dordrecht: Springer Netherlands.

Ruggieri, J., Kemp, R., Forman, S., & Van Eden, M. E. (2016). Techniques for nucleic acid purification from plant, animal, and microbial samples. In *Sample Preparation Techniques for Soil, Plant, and Animal Samples* (pp. 41-52). New York, NY: Springer New York.

Sahu, S. K., Thangaraj, M., & Kathiresan, K. (2012). DNA extraction protocol for plants with high levels of secondary metabolites and polysaccharides without using liquid nitrogen and phenol. *International Scholarly Research Notices*, 2012(1), 205049.

Siegel, C. S., Stevenson, F. O., & Zimmer, E. A. (2017). Evaluation and comparison of FTA card and CTAB DNA extraction methods for non-agricultural taxa. *Applications in plant sciences*, 5(2), 1600109.

Steele, P. R., & Pires, J. C. (2011). Biodiversity assessment: State-of-the-art techniques in phylogenomics and species identification. *American Journal of Botany*, 98(3), 415-425.

Tuncay, H. O., & Uzun, F. S. (2025). Effects of Drying Methods, Tissue Types and Grinding Methods on Plant DNA Quality. *European Journal of Biology*, 84(1), 103-113.

Varma, A., Padh, H., & Shrivastava, N. (2007). Plant genomic DNA isolation: an art or a science. *Biotechnology Journal: Healthcare Nutrition Technology*, 2(3), 386-392.

Vdovina, T. A., Lagus, O. A., Isakova, E. A., & Vinokurov, A. A. (2024). State of coenopopulations of wild berry plants in the territory of Kazakhstan Altai. *Fundamental and Experimental Biology*, 11629(4), 129-134.

Wissemann, V., & Ritz, C. M. (2005). The genus *Rosa* (Rosoideae, Rosaceae) revisited: molecular analysis of nrITS-1 and atp B-rbc L intergenic spacer (IGS) versus conventional taxonomy. *Botanical journal of the Linnean Society*, 147(3), 275-290.

Xin, Z., & Chen, J. (2012). A high throughput DNA extraction method with high yield and quality. *Plant methods*, 8(1), 26.

Xu, Q., Wen, X., & Deng, X. (2004). A simple protocol for isolating genomic DNA from chestnut rose (*Rosa roxburghii* Tratt) for RFLP and PCR analyses. *Plant Molecular Biology Reporter*, 22(3), 301-302.

Yadav, S., Ram, C., Singh, S., & Rana, M. K. (2018). Plant genomic DNA isolation—the past and the present, a review. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*, 31(03), 315-327.

Yang, L., Wen, K. S., Ruan, X., Zhao, Y. X., Wei, F., & Wang, Q. (2018). Response of plant secondary metabolites to environmental factors. *Molecules*, 23(4), 762.

Yang, Z., & Rannala, B. (2012). Molecular phylogenetics: principles and practice. *Nature reviews genetics*, 13(5), 303-314.

Yermagambetova, M., Imanbayeva, A., Ishmuratova, M., Sumbembayev, A., & Almerekova, S. (2025). Characterization of the four *rosa* L. Species from Kazakhstan based on complete plastomes and nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) sequences. *Genes*, 16(8), 852.

Yockteng, R., Almeida, A. M., Yee, S., Andre, T., Hill, C., & Specht, C. D. (2013). A method for extracting high-quality RNA from diverse plants for next-generation sequencing and gene expression analyses. *Applications in plant sciences*, 1(12), 1300070.

COMPARATIVE ASSESSMENT OF SOLUBLE PROTEIN CONTENT IN *PRUNUS SPINOSA* L. PLANT SAMPLES USING THE BRADFORD METHOD

¹A.B. Myrzagaliyeva^{ID}, ¹Y. Zhiger^{ID}, ²A.S. Niyazbek*^{ID}, ¹S.B. Abeuova^{ID},
¹A.E. Orazov^{ID}, ²S.A. Abiev^{ID}

¹Astana International University, Astana, Kazakhstan

²L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

*e-mail: aruniyazbeka@gmail.com

A.B. Myrzagaliyeva – D.Sc., Professor of the Higher School of Natural Sciences, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

Y. Zhiger – PhD Student, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: ertaizhiger@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-0273-8561>

A.S. Niyazbek – PhD Student, L. N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan, e-mail: aruniyazbeka@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-8272-5233>

S.B. Abeuova – PhD, Acting Associate Professor, Higher School of Natural Sciences, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: abeuova.salta@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7074-3123>

A.E. Orazov – PhD, Associate Professor, Head of the NatureLab Research Laboratory, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: orazov_aidyn@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

S.A. Abiev – Doctor of Biological Sciences, Professor, Professor at L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan, e-mail: abiev_sa@enu.kz, <https://orcid.org/0000-0003-4035-4025>

Abstract. The article presents results of determining soluble protein content in plant samples of *Prunus spinosa* L. using the Bradford method and assessing their comparative characteristics. The study used samples obtained from the leaves of *P. spinosa*. Protein extraction was performed using a 50 mM phosphate buffer solution at pH 7.0. To reduce the potential influence of phenolic compounds in plant tissues, polyvinylpyrrolidone (PVPP) was used during extraction. The obtained extracts were centrifuged, and the soluble protein content in the clear supernatant was determined using the Bradford colourimetric method. A series of bovine serum albumin (BSA) standard solutions was used to calculate protein concentration and construct a calibration curve.

The study showed that soluble protein content in *P. spinosa* samples varies by plant organ and by individual sample characteristics. Optical density values of leaf and fruit extracts were compared, and protein concentrations were calculated from these measurements. The Bradford method enabled a comparative assessment of soluble protein content in plant extracts. The calibration curve constructed using BSA standards served as the basis for quantitatively determining protein concentrations in the studied samples.

The results provide an opportunity to assess the distribution patterns of soluble proteins in *P. spinosa* tissues and to compare leaf samples. The findings may serve as baseline data for characterising the biochemical properties of *P. spinosa* and for planning further biochemical studies of the protein composition of plant materials.

Keywords: *Prunus spinosa* L., soluble protein, Bradford method, BSA, phosphate buffer, PVPP, protein extraction, spectrophotometry.

PRUNUS SPINOSA L. ӨСІМДІК ҮЛГІЛЕРІНДЕГІ ЕРИТІН АҚУЫЗ МӨЛШЕРІН БРЭДФОРД ӘДІСІМЕН САЛЫСТЫРМАЛЫ БАҒАЛАУ

**¹А.Б. Мырзагалиева, ¹Е. Жігер, ²А.С. Ниязбек*, ¹С.Б. Абеуова,
¹А.Е. Оразов, ²С.А. Абиев**

¹Астана халықаралық университеті, Астана қ., Қазақстан

²Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана қ., Қазақстан

*e-mail: aruniyazbeka@gmail.com

А.Б. Мырзагалиева – б.ғ.д., профессор, Астана халықаралық университетінің Жаратылыстану ғылымдарының жоғары мектебінің профессоры, Астана қ., Қазақстан, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

Е. Жігер – Докторант, Астана халықаралық университеті, Астана қ., Қазақстан, e-mail: ertaizhiger@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-0273-8561>

А.С. Ниязбек – Докторант, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия Ұлттық университеті, Астана қ., Қазақстан, e-mail: aruniyazbeka@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-8272-5233>

С.Б. Абеуова – PhD, Астана халықаралық университетінің Жаратылыстану ғылымдарының жоғары мектебінің қауымдастырылған профессорының міндетін атқарушысы, Астана қ., Қазақстан, e-mail: abeuova.salta@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7074-3123>

А.Е. Оразов – PhD, қауымдастырылған профессор, Астана халықаралық университетінің «NatureLab» ғылыми зерттеу зертханасының меңгерушісі, Астана қ., Қазақстан, e-mail: orazov_aidyn@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

С.А. Абиев – б.ғ.д., профессор, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің профессоры, Астана қ., Қазақстан, e-mail: abiev_sa@enu.kz, <https://orcid.org/0000-0003-4035-4025>

Аңдатпа. Мақалада *Prunus spinosa* L. өсімдік үлгілеріндегі еритін ақуыздардың мөлшерін Брэдфорд әдісімен анықтау және олардың салыстырмалы ерекшеліктерін бағалау нәтижелері қарастырылды. Зерттеу нысаны ретінде *P. spinosa* өсімдігінің жапырақтарынан алынған үлгілер пайдаланылды. Ақуыздарды экстракциялау рН 7,0 деңгейіндегі 50 мМ фосфатты-буферлік ерітінді көмегімен жүргізілді. Өсімдік ұлпаларындағы фенолдық қосылыстардың ықтимал әсерін төмендету мақсатында экстракция барысында поливинилпилипролидон (PVPP) қолданылды. Алынған экстракттар центрифугаланып, мөлдір супернатанттағы еритін ақуыз мөлшері Брэдфордтың колориметриялық әдісі арқылы анықталды. Ақуыз концентрациясын есептеу үшін сиыр сарысуы альбумині (BSA) негізіндегі стандартты ерітінділер қатары пайдаланылып, калибрлеу қисығы құрылды.

Зерттеу барысында *P. spinosa* өсімдік үлгілеріндегі еритін ақуыз мөлшерінің зерттелген өсімдік мүшесіне және үлгі ерекшеліктеріне байланысты өзгеретіні анықталды. Жапырақ және жеміс үлгілерінен алынған экстракттардың оптикалық тығыздық көрсеткіштері салыстырылып, олардың негізінде ақуыз концентрациялары есептелді. Брэдфорд әдісі өсімдік экстракттарындағы еритін ақуыздарды салыстырмалы түрде бағалауға мүмкіндік берді. BSA стандарттары бойынша алынған калибрлеу қисығы зерттелген үлгілердегі ақуыз концентрациясын сандық анықтаудың негізі ретінде қолданылды.

Алынған нәтижелер *P. spinosa* өсімдік ұлпаларындағы еритін ақуыздардың таралу ерекшеліктерін бағалауға және жапырақ үлгілерін салыстыруға мүмкіндік береді. Зерттеу нәтижелері *P. spinosa* түрінің биохимиялық ерекшеліктерін сипаттауда, сондай-ақ өсімдік материалдарының ақуыздық құрамын әрі қарай зерттеуге арналған биохимиялық талдауларды жоспарлауда бастапқы дерек ретінде негіз бола алады.

Кілт сөздер: *Prunus spinosa* L., еритін ақуыз, Брэдфорд әдісі, BSA, фосфатты буфер, PVPP, ақуыз экстракциясы, спектрофотометрия.

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА СОДЕРЖАНИЯ РАСТВОРИМОГО БЕЛКА В ОБРАЗЦАХ РАСТЕНИЙ *PRUNUS SPINOSA* L. МЕТОДОМ БРЭДФОРДА

¹А.Б. Мырзагалиева, ¹Е. Жигер, ²А.С. Ниязбек*, ¹С.Б. Абеуова,
¹А.Е. Оразов, ²С.А. Абиев

¹Международный университет Астана, г. Астана, Казахстан

²Евразийский национальный университет имени Л. Н. Гумилева, г. Астана, Казахстан

*e-mail: aruniyazbeka@gmail.com

А.Б. Мырзагалиева – д.б.н., профессор, профессор Высшей школы естественных наук Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

Е. Жигер – докторант, Международный университет Астана, г. Астана, Казахстан, e-mail: ertaizhiger@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-0273-8561>

А.С. Ниязбек – докторант, Евразийский национальный университет имени Л. Н. Гумилева, г. Астана, Республика Казахстан, e-mail: aruniyazbeka@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-8272-5233>

С.Б. Абеуова – PhD, и.о. ассоциированного профессора Высшей школы естественных наук Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: abeuova.salta@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7074-3123>

А.Е. Оразов – PhD, ассоциированный профессор, заведующий научно-исследовательской лабораторией "NatureLab" Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: orazov_aidyn@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

С.А. Абиев – доктор биологических наук, профессор, профессор Евразийского национального университета имени Л. Н. Гумилева, г. Астана, Казахстан, e-mail: abiev_sa@enu.kz, <https://orcid.org/0000-0003-4035-4025>

Аннотация. В статье представлены результаты определения содержания растворимых белков в образцах растения *Prunus spinosa* L. с использованием метода Брэдфорда и оценки их сравнительных особенностей. В качестве объекта исследования использовали образцы, полученные из листьев растения *P. spinosa*. Экстракцию белков проводили с использованием 50 мМ фосфатного буферного раствора с pH 7,0. С целью снижения возможного влияния фенольных соединений, содержащихся в растительных тканях, в процессе экстракции использовали поливинилпирролидон (PVPP). Полученные экстракты центрифугировали, а содержание растворимых белков в прозрачном супернатанте определяли колориметрическим методом Брэдфорда. Для расчета концентрации белка использовали ряд стандартных растворов на основе бычьего сывороточного альбумина (BSA), по которым была построена калибровочная кривая.

В ходе исследования установлено, что содержание растворимых белков в образцах *P. spinosa* изменяется в зависимости от исследуемого органа растения и особенностей образцов. Были сопоставлены показатели оптической плотности экстрактов, полученных из образцов листьев и плодов, на основании которых рассчитаны концентрации белка. Метод Брэдфорда позволил провести сравнительную оценку содержания растворимых белков в растительных экстрактах. Калибровочная кривая, построенная по стандартам BSA, использовалась в качестве основы для количественного определения концентрации белка в исследуемых образцах.

Полученные результаты позволяют оценить особенности распределения растворимых белков в тканях *P. spinosa* и провести сравнительный анализ образцов листьев. Результаты исследования могут служить исходными данными при характеристике биохимических особенностей *P. spinosa*, а также при планировании дальнейших биохимических исследований белкового состава растительного материала.

Ключевые слова: *Prunus spinosa* L., растворимый белок, метод Брэдфорда, BSA, фосфатный буфер, PVPP, экстракция белка, спектрофотометрия.

Introduction. A significant portion of leaf proteins are enzymes of the photosynthetic apparatus, especially ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (RuBisCO), which binds carbon dioxide. In addition, the leaf contains antioxidant enzymes, membrane proteins, transport proteins, and special proteins that protect the cell from stress. Therefore, the amount of soluble protein in the leaf is considered one of the most important biochemical indicators of the plant's metabolic activity and physiological state.

Methods for determining protein in plant material were developed gradually in the late 19th and early 20th centuries. One of the first methods was J. Kjeldahl's method for determining total nitrogen content. Later, the Biuret and Lowry methods enabled direct colourimetric assessment of proteins. In 1976, M. Bradford proposed a rapid and sensitive method based on the binding of the Coomassie Brilliant Blue G-250 dye to protein molecules. When the dye binds to protein, its spectral properties change, and the optical density of the formed complex is measured at 595 nm. The method's simplicity, relatively high sensitivity, and suitability for analysing small sample volumes have made it widely used in plant biochemistry (Bradford et al., 1976). However, phenolic compounds, tannins, pigments, and polysaccharides in plant leaves can co-extract with proteins and interfere with colourimetric measurements. Therefore, using polyvinylpyrrolidone (PVPP), which binds phenolic compounds, increases the accuracy and reproducibility of the results.

Drought is a major abiotic factor limiting plant growth and biochemical processes. Decreased soil moisture reduces leaf water potential, leading to stomatal closure, limiting carbon dioxide absorption, and reducing photosynthetic intensity. Under prolonged or severe water deficit, protein synthesis slows, and the degradation of some structural and photosynthetic proteins may increase. As a result, the total amount of soluble protein in the leaf decreases. However, the drought response is not unidirectional: the plant activates the synthesis of protective proteins, such as dehydrins, late embryogenesis proteins (LEA), heat shock proteins, and antioxidant enzymes. These proteins help maintain enzyme and membrane stability, reduce the harmful effects of reactive oxygen species, and restore metabolism after water deficit. Therefore, soluble protein levels under drought can vary with plant genotype, stress intensity and duration, leaf age, phenological stage, and habitat characteristics. (Bannerjee et al., 2016)

Prunus spinosa L. is a thorny shrub belonging to the Rosaceae family. It contributes to shrub community formation in natural populations, protects soil surfaces, and provides food and habitat for various animals. Because the fruits, leaves, and flowers are rich in phenolic compounds, flavonoids, anthocyanins, and other biologically active substances, most previous studies have focused on determining its phytochemical composition and antioxidant properties. The soluble protein content in the leaves of *P. spinosa*, especially in populations growing in natural and arid environments, has been relatively poorly studied. Therefore, determining leaf protein provides additional data needed to assess the physiological state and interpopulation biochemical variability of this species (Buchanan et al., 2015)

Studies on the response of *O* to drought have shown that plant populations respond to water deficit in a heterogeneous manner. Wanjiku and Bohne compared three ecotypes and found that their growth, morphological, physiological and biochemical parameters changed depending on the irrigation regime (Wanjiku et al., 2017). In subsequent experiments, K. Vander Mijnsbrugge and colleagues showed that summer drought affects leaf senescence, post-stress regrowth and bud break in the following season in *P. spinosa*. These works prove that the drought tolerance of the species is not limited only to responses to water deficit, but also to the ability to recover from stress (Vander Mijnsbrugge et al., 2025). However, these studies did not fully characterise total soluble protein content in the leaf as a key indicator. In this regard, determining the protein parameters of natural populations is relevant for explaining the ecological and biochemical features of the species.

The Mangystau region is arid, with low rainfall, high summer temperatures, intense evaporation, and unstable soil moisture. Under these conditions, plants face the combined effects of long-term water deficit, high temperatures, and soil characteristics. The microclimate, soil properties, moisture supply, and anthropogenic load differ between the Kogez and Samal-sai sites on the Karatau ridge. These differences may affect metabolic intensity and the accumulation level of soluble proteins

in the leaves of *P. spinosa* L. Therefore, comparison of samples from these sites allows us to assess the physiological state and interpopulation biochemical variability of the species in the arid conditions of Mangystau. (Imanbayeva et al., 2018)

This study aimed to determine the amount of soluble protein in *P. spinosa* leaf samples collected from the Kogez and Samal-sai sites in the Karatau Range of the Mangystau region using the Bradford method and to compare indicators between the two populations. During the study, we extracted leaf proteins with phosphate buffer, reduced the influence of phenolic compounds using PVPP, created a calibration curve using BSA standards, and conducted descriptive statistical analysis of the results. The data can supplement the initial biochemical characterisation of *P. spinosa* under arid conditions and serve as a basis for subsequent ecological, physiological, and molecular studies.

Materials and methods. We collected wild leaf samples of *P. spinosa* from the Kogez and Samal-sai sites of the Karatau Range in the Mangystau region of Kazakhstan. We divided the samples into two populations and analysed three replicates from each population.



Figure 1. *P. spinosa* on the Karatau ridge

Table 1. Characteristics of the studied *P. spinosa* specimens

No.	Plant type	Member studied	Mountain range	Sampled area	Sample mass, g
1	<i>P. spinosa</i>	Leaf	Karatau	Kogez, Mangystau region	0.100
2	<i>P. spinosa</i>	Leaf	Karatau	Samal-sai, Mangystau region	0.100

Ecological characteristics of the study areas. The studied Kogez and Samal gorges are located in the Western Karatau system and are characterised by an arid, semi-desert climate. The region's lack of moisture, high temperatures, and uneven rainfall mainly determine the spatial structure of plant communities. Although drought-adapted xerophytic species prevail in these conditions, mesophytic and ruderal plants are also widespread, depending on local water sources and terrain. Although the two sites share a similar climatic background, their soil composition, moisture regime, and grazing load differ.

The length of the Koghez Gorge is about 2000 m, and the width is 50-100 m. The gorge has moderately steep slopes and gravelly brown soils. The soil is stony, well-drained and relatively poor in nutrients. The humus content is 0.47%, carbonates 7.9%, and water-soluble salts 0.18%. The low humus content indicates low organic matter accumulation, and the relatively high carbonate content indicates that soil formation occurs in arid climate conditions. The low level of water-soluble salts indicates that the soil is not significantly salinised.

In the Kogez Gorge, a mixed hawthorn-wormwood community - *Caragana grandiflora* – *Artemisia* spp. - *Crataegus ambigua* has formed. The community includes 56 plant species, with a total projective cover of 55%. The main species include *Acanthophyllum pungens* (Bunge) Boiss, *Achnatherum splendens* (Trin.) Nevski, *Agropyron fragile* (Roth) P. Candargy, *Artemisia austriaca* Jacq., *Artemisia gurganica* (Krasch.), *Atraphaxis replicata* Lam., *Caragana grandiflora* (M. Bieb.) DC, *Crataegus ambigua* C.A. Mey, *Ephedra distachya* L., *Rosa iliensis* Chrshan, *Rosa laxa* Retz, *Salix alba* L, *Stipa caucasica* Schmalh, *Ulmus pumila* L.

The absence of livestock grazing has created favourable conditions for preserving the natural structure of the vegetation cover and restoring shrub and herbaceous species. In this regard, the Kogez community can be described as a relatively stable ecosystem with low anthropogenic disturbance. (A.A Imanbayeva et al., 2025) The Samal Gorge is about 2500 m long and 100 m wide. Its slopes range from moderately steep to steep. The fresh water flow along the gorge bottom is an important source of moisture in the arid region, creating spatial differences in soil moisture. The soil of the Samal Gorge is brown, loamy and stony. Although clay particles help retain moisture, the stony layers accelerate water movement to the lower horizons. The soil has 0.39% humus, 7.3% carbonates, and 0.12% water-soluble salts. These indicators suggest the soil is poor in organic matter and carbonates, has low salinity, and is generally well-drained.

The *Crataegus ambigua*–*Herba xerophytica* hawthorn–xerophytic herbaceous community is widespread in the Samal Gorge. We recorded 55 plant species, with a total projective cover of 50%. The community includes xerophytic, mesophytic, and ruderal species, such as *Acanthophyllum pungens*, *Agropyron fragile*, *Artemisia austriaca*, *Artemisia gurganica*, *Caragana grandiflora*, *Crataegus ambigua*, *Ephedra distachya*, *Malus sieversii*, *M. longifolia*, *Pyrus communis*, *Salix alba*, *Stipa caspia*, *S. caucasica*, and *Ziziphora tenuior*. Although the freshwater flow supports hygrophilous plant species, grazing may influence vegetation cover density, species regeneration, and overall community structure. Comparing the two sites, Kogez had 0.08 percentage points higher humus content than Samal, 0.6 percentage points higher carbonate content, and 0.06 percentage points higher water-soluble salts content. The projected vegetation cover in Kogez was also 5 percentage points higher than in Samal. These differences likely reflect the absence of grazing pressure in Kogez and the preservation of the plant community in a relatively natural state. Although the water source in Samal provides additional moisture, grazing may limit natural regeneration. These environmental and soil features may affect the physiological state of the studied plants and the amount of soluble protein in leaf tissues. In this regard, we used the same standardised extraction method for all samples to comparatively assess the biochemical characteristics of leaf samples from Kogez and Samal populations. This approach allowed us to distinguish changes arising from ecological differences between the study sites from those due to laboratory processing conditions.

For protein extraction, we weighed 0.100 g of each leaf sample and added 2.0 mL of 50 mM phosphate buffer (pH 7.0). To reduce interference from phenolic compounds, we added 40 mg of polyvinylpolypyrrolidone (PVPP) to each sample. The samples were homogenised three times for 1 min, with a 15-s break between each stage. Cool the homogenates for 10–15 min, then centrifuge at 10,000–12,000 rpm for 10 min. Remove the resulting clear supernatant without disturbing the pellet.

For the Bradford assay, add 2.0 mL of Bradford reagent to 40 µL of supernatant. Mix the mixture thoroughly, allow the colour reaction to proceed at room temperature, then measure the optical density at 595 nm. Prepare a control solution with 40 µL of distilled water and 2.0 mL of Bradford reagent, and use it to zero the spectrophotometer.

BSA standards at concentrations of 0.125, 0.250, 0.500, 0.750, and 1.000 mg/ml were analysed in the same volume and under the same conditions as the test samples. The calibration equation was

$A = aC + b$, where A is the optical density at 595 nm; C is the protein concentration in the extract (mg/ml); a is the slope; and b is the intercept. From this, $C = (A - b)/a$ was calculated.

We calculated the protein content of the starting plant material using the formula $P = (C \times V \times DF)/m$, where P is the protein content (mg/g), V is the extraction volume (2.0 mL), DF is the additional dilution factor, and m is the sample mass (0.100 g). Because we performed no additional dilution, we calculated P as $(C \times 2.0)/0.100 = C \times 20$ mg/g.

For each population, we calculated the arithmetic mean, standard deviation (SD), standard error (SE), median, minimum and maximum values, and coefficient of variation (CV). Because of the small number of replicates ($n = 3$ per population), no statistical significance analysis was performed (Haslam et al., 1989).

Results and discussion. The mean soluble protein content in the Kogez population was 0.7877 mg/g, with individual values ranging from 0.6697 to 0.9266 mg/g. The standard deviation was 0.1297 mg/g, and the coefficient of variation was 16.47%. This indicates moderate variability within the population.

The average soluble protein content in the Samal-sai population was 0.2425 mg/g, with individual values ranging from 0.1794 to 0.3054 mg/g. The coefficient of variation was 25.98%, and the relative variability was higher than in the Kogez population. The average protein content in the Kogez samples was 3.25 times higher than the Samal-sai value, with an absolute difference of 0.5452 mg/g.

Table 2. Descriptive statistics of soluble protein content in *P. spinosa* leaf samples

Population	n	Average, mg/g	SD, mg/g	SE, mg/g	Median, mg/g	Min, mg/g	Max, mg/g	CV, %	Extract
Blue	3	0.7877	0.1297	0.0749	0.7668	0.6697	0.9266	16.47	
Windy	3	0.2425	0.0630	0.0364	0.2428	0.1794	0.3054	25.98	

The differences between the two populations may be due to the physiological state of the plants, microclimate, soil moisture and nutrient content, sampling period, and other environmental conditions. Soluble protein levels may vary with developmental processes and environmental stress. However, this study design does not allow for a clear determination of the influence of individual factors.

The differences in soluble protein content in the studied populations are consistent with their environmental conditions. The higher average protein content in the Kögöz samples was observed alongside relatively high levels of humus and carbonates in the soil, good preservation of vegetation cover, and the absence of grazing pressure. Low disturbance of the natural community may provide favourable conditions for normal plant growth, preservation of the leaf apparatus, and metabolic stability (Kumar et al., 2013).

Although the permanent water source in the Samal Gorge provided moisture, the soil humus content was lower than in the Kogez, and grazing effects were observed. Grazing can mechanically damage plant tissues, reduce leaf biomass, and increase regrowth. These effects may indirectly

affect soluble protein accumulation by changing the plant's physiological state. In addition, the high coefficient of variation in the Samal samples may reflect heterogeneity in microtopography, distance to the watercourse, and grazing load at this site.

However, soil or grazing conditions alone cannot explain the observed biochemical differences. Plant age, phenological stage, leaf position, harvesting time, temperature, and sample storage conditions also affect protein content. Therefore, this work treats the relationship between ecological parameters and protein content not as a cause-and-effect conclusion, but as a scientific hypothesis to be tested in further studies (Orazov A., et al., 2022). In the future, it is recommended to measure soil moisture, total nitrogen, available phosphorus, temperature, and grazing intensity simultaneously, and to increase the number of biological replicates.

PVPP extraction yielded supernatants suitable for analysis by the Bradford method, and it reduced the influence of phenolic compounds in the leaf composition. However, the influence of pigments and residual phenolic compounds cannot be ruled out completely. Future studies should include extraction controls, run technical replicates, and verify that sample optical density values fall within the linear range of the BSA calibration curve.

The main limitation of the study is the small sample size. Therefore, treat the identified differences as preliminary descriptive results. Future studies should include more populations and independent plants, standardise the phenological period, and simultaneously measure environmental indicators.

Conclusion. Phosphate buffer extraction, PVPP, and the Bradford method allowed us to quantitatively compare the soluble protein content of *P. spinosa* leaf samples. The protein content in the Kogez population was 0.7877 ± 0.0749 mg/g, and in the Samal-sai population it was 0.2425 ± 0.0364 mg/g. Although the mean value in Kogez samples was 3.25 times higher, relative variability was higher in Samal-sai. These results provide an initial biochemical characterisation of the two populations and should be confirmed with studies using more biological replicates. Ecological comparisons showed that the Kogez site had better-preserved vegetation, relatively high soil humus content, and no grazing pressure. Although a freshwater stream runs through the Samal gorge, humus content is low, and grazing effects are noticeable. These factors may contribute to the physiological state of both populations; however, extensive ecological and biochemical studies are needed to prove their effect on soluble protein content.

Funding information. The study was conducted within the framework of the scientific project AP26198171 “Geoecological and molecular genetic assessment, distribution and development monitoring of rare plant species belonging to the families *Prunus*, *Sibiraea* and *Rosa* (Rosaceae) in Kazakhstan”.

References

- Bradford (1976). – Bradford, MM (1976). A rapid and sensitive method for quantitating microgram quantities of protein using the principle of protein-dye binding. *Analytical Biochemistry*, 72, 248–254. [in Eng]
- Bannerjee, A., Roychoudhuri, A. Group II proteins abundantly present in late embryogenesis (LEA): structural and functional aspects of abiotic stress in plants. *Plant Growth Regul* 79, 1–17 (2016). <https://doi.org/10.1007/s10725-015-0113-3>
- Buchanan et al., 2015 – Buchanan, B. B., Gruissem, W., Jones, R. L. (Eds.). (2015). *Biochemistry and Molecular Biology of Plants*. 2nd ed. Wiley Blackwell. [in Eng]
- Dai, M. (2010). – Dai, J., & Mumper, RJ (2010). Plant phenolics: extraction, analysis and their antioxidant and anticancer properties. *Molecules*, 15(10), 7313–7352. [in Eng.]
- Imanbayeva AA - Problem modern Dendrology, 2018, 137- 138
- Haslam (1989). – Haslam, E. (1989). *Plant Polyphenols: Vegetable Tannins Revisited*. Cambridge University Press. [in Eng]
- Kruger (2009). – Kruger, NJ (2009). The Bradford method for protein quantitation. In JM Walker (Ed.), *The Protein Protocols Handbook* (pp. 17–24). Humana Press. [in Eng]
- Kumar, P. (2013). – Kumar, S., Pandey, AK (2013). Chemistry and biological activities of flavonoids: an overview. *The Scientific World Journal*, 2013, 162750. [in Eng]
- Imanbaeva AA, Floristic and anatomical diversity of *Crataegus ambigua* CAMEy populations. ex AKBecker in various regions of the arid Mangistau region (Kazakhstan)
- Orazov et al., 2022 – Orazov, A., Myrzagaliyeva, A., Mukhitdinov, N., Tustubayeva, S. (2022). Callus induction with 6-BAP and IBA to preserve *Prunus ledebouriana* (Rosaceae), an endemic plant of the Altai and Tarbagatai regions of East Kazakhstan. *Biodiversitas*, 23(6), 3178–3184. [in Eng]
- Scopes, 1993 – Scopes, RK (1993). *Protein Purification: Principles and Practice*. 3rd ed. Springer [in Eng]

- Taiz et al., 2015 – Taiz, L., Zeiger, E., Møller, IM, Murphy, A. (2015). *Plant Physiology and Development*. 6th ed. Sinauer Associates. [in Eng]
- Wilson, W. (2018). Wilson, K., Walker, J. (Eds.). (2018). *Principles and Techniques of Biochemistry and Molecular Biology*. 8th ed. Cambridge University Press. [in Eng]

ӨСІМДІК АУРУЛАРЫ ҚОЗДЫРҒЫШТАРЫНЫҢ ТАРАЛУЫН БАҚЫЛАУ ЖӘНЕ БИОЛОГИЯЛЫҚ ҚАУІПСІЗДІК

¹С.Ғ. Кеңесбай^{id}, ¹Ш.Е. Сайлаубай^{id}, ¹М.Ж. Шарипова*^{id}, ²О.С. Абдураимов^{id},
¹Ш.Т. Тустубаева^{id}

¹Астана Халықаралық университеті, Астана, Қазақстан

²Өзбекстан Республикасы Ғылым академиясының Ботаника институты, Ташкент, Өзбекстан

*e-mail: mzhakypzhan@mail.ru

С.Ғ. Кеңесбай – Астана халықаралық университетінің «Biosafety and Biosecurity» білім беру бағдарламасының 2-курс студенті, Астана, Қазақстан, e-mail: kns.symbat@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0008-2873-7975>

Ш.Е. Сайлаубай – Астана халықаралық университетінің «Biosafety and Biosecurity» білім беру бағдарламасының 2-курс студенті, Астана, Қазақстан, e-mail: shyraileysailaubai@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8565-8751>

М.Ж. Шарипова – PhD, Астана Халықаралық университетінің қауымдастырылған профессоры, Астана, Қазақстан, e-mail: mzhakypzhan@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9467-1483>

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>

Ш.Т. Тустубаева – PhD, Астана Халықаралық университетінің қауымдастырылған профессоры м.а., Астана, Қазақстан, e-mail: tustubaeva.shynar@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6581-2403>

Аңдатпа. Мақалада өсімдік ауруларының қоздырғыштарын бақылау мен өсімдік биоқауіпсіздігі туралы әдеби деректерге шолу жасалды. Шығын үлкен. Негізгі азық-түлік дақылдары жыл сайын фитопатогендердің кесірінен өнімнің 13-22%-ын жоғалтады. Жұмыста ауруларды басқарудың негізгі тәсілдері қарастырылады: агротехникалық және карантиндік шаралар, төзімді сорттар селекциясы, химиялық қорғау және биологиялық бақылау агенттері. Өсімдік биоқауіпсіздігі «Бір денсаулық» (One Health) тұжырымдамасының бөлігі ретінде талданады, өйткені өсімдік денсаулығы азық-түлік қауіпсіздігімен, экожүйе тұрақтылығымен және адам денсаулығымен тікелей байланысты. Мониторинг пен тәуекелді бағалаудың, жергілікті қауымдастықтарды тартудың және гермоплазма алмасу кезіндегі карантиндік бақылаудың рөлі көрсетілген. Диагностика әдістері кезең-кезеңімен салыстырылады: көзбен бағалау мен микроскопиядан бастап серологиялық тәсілдерге (ELISA, LFD), ПТР-дың түрлі нұсқаларына және изотермиялық амплификацияға (LAMP, RPA) дейін. Қашықтықтан зондтауға жеке тоқталады: гиперспектрлік, мультиспектрлік және жылулық түсірілім, ұшқышсыз ұшу аппараттары, жасанды интеллект пен IoT датчиктері. Бірақ бір-бір әдіс жалғыз өзі жеткіліксіз. Ауруды ерте анықтау үшін далалық жедел тесттер мен қашықтықтан зондтауды зертханалық молекулалық растаумен ұштастыру керек, ал бұл ұштастыру ұлттық фитосанитарлық бақылау жүйесінің негізіне айналуы тиіс.

Кілт сөздер: өсімдік аурулары, фитопатогендер, биологиялық қауіпсіздік, «Бір денсаулық», фитосанитарлық мониторинг, молекулалық диагностика, қашықтықтан зондтау, биологиялық бақылау.

КОНТРОЛЬ РАСПРОСТРАНЕНИЯ ВОЗБУДИТЕЛЕЙ БОЛЕЗНЕЙ РАСТЕНИЙ И БИОЛОГИЧЕСКАЯ БЕЗОПАСНОСТЬ

¹С.Г. Кенесбай, ¹Ш.Е. Сайлаубай, ¹М.Ж. Шарипова*, ²О.С. Абдураимов,
¹Ш.Т. Тустубаева

¹Международный университет Астана, Астана, Казахстан

²Институт ботаники, Академия наук Республики Узбекистан, г. Ташкент, Узбекистан

*e-mail: mzhakypzhan@mail.ru

С.Г. Кенесбай – студент 2 курса образовательной программы «Biosafety and Biosecurity» Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: kns.symbat@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0008-2873-7975>

Ш.Е. Сайлаубай – студент 2 курса образовательной программы «Biosafety and Biosecurity» Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: shyraileysailaubai@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8565-8751>

М.Ж. Шарипова – PhD, ассоциированный профессор Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: mzhakypzhan@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9467-1483>

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>

Ш.Т. Тустубаева – PhD, и.о. ассоциированного профессора Международного университета Астана, Астана, Казахстан, e-mail: tustubaeva.shynar@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6581-2403>

Аннотация. Статья представляет обзор литературы по контролю возбудителей болезней растений и биобезопасности растений. Потери велики. Основные продовольственные культуры ежегодно теряют от фитопатогенов 13-22% урожая. Рассмотрены основные способы управления болезнями: агротехнические и карантинные меры, селекция устойчивых сортов, химическая защита, агенты биологического контроля. Биобезопасность растений разобрана как часть концепции «Единое здоровье» (One Health): здоровье растений напрямую связано с продовольственной безопасностью, устойчивостью экосистем и здоровьем человека. Показана роль мониторинга и оценки рисков, участия местных сообществ и карантинного контроля при обмене гермоплазмой. Методы диагностики сопоставлены по ступеням: от визуальной оценки и микроскопии к серологическим подходам (ИФА, иммунохроматографические тест-полоски), разным вариантам ПЦР и изотермической амплификации (LAMP, RPA). Отдельно разобрано дистанционное зондирование: гиперспектральная, мультиспектральная и тепловая съёмка, беспилотные летательные аппараты, искусственный интеллект и датчики IoT. Но ни один метод сам по себе задачу не закрывает. Раннее выявление болезней требует связи быстрых полевых тестов и дистанционного зондирования с лабораторным молекулярным подтверждением, причём эта связка должна лечь в основу национальной системы фитосанитарного контроля, а не оставаться набором разрозненных методик, которые каждая лаборатория применяет по-своему.

Ключевые слова: болезни растений, фитопатогены, биологическая безопасность, «Единое здоровье», фитосанитарный мониторинг, молекулярная диагностика, дистанционное зондирование, биологический контроль.

CONTROL OF THE SPREAD OF PLANT DISEASE PATHOGENS AND BIOSECURITY

¹S.G. Kengesbay, ¹Sh.E. Sailaubai, ¹M.Zh. Sharipova*, ²O. S. Abduraimov,
¹Sh.T. Tustubayeva

¹Astana International University, Astana, Kazakhstan

²Institute of Botany, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, Tashkent, Republic of Uzbekistan

*e-mail: mzhakypzhan@mail.ru

S.G. Kengesbay – second-year student of the “Biosafety and Biosecurity” educational program at Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: kns.symbat@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0008-2873-7975>

Sh.E. Sailaubai – second-year student of the “Biosafety and Biosecurity” educational program at Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: shyraileysailubai@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8565-8751>

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

O.S. Abduraimov – Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher at the 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>

Sh.T. Tustubayeva – PhD, Acting Associate Professor at Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: tustubaeva.shynar@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6581-2403>

Abstract. This review examines the control of plant disease pathogens and plant biosecurity. Losses are heavy. Major food crops lose 13-22% of their yield to pathogens every year. The paper covers the main approaches to disease management: agronomic and quarantine measures, breeding for resistance, chemical protection and biological control agents. Plant biosecurity is treated as part of the One Health concept, because plant health is directly linked to food security, ecosystem stability and human health. The roles of surveillance and risk assessment, community engagement and quarantine screening during germplasm exchange are described. Diagnostic methods are compared step by step, from visual assessment and microscopy to serological tools (ELISA, lateral flow devices), PCR variants and isothermal amplification (LAMP, RPA). Remote sensing is discussed separately: hyperspectral, multispectral and thermal imaging, unmanned aerial vehicles, artificial intelligence and IoT sensors. No single method is enough. Early detection requires rapid field tests and remote sensing combined with laboratory molecular confirmation, and this combination should form the basis of a national phytosanitary control system.

Keywords: plant diseases, phytopathogens, biosecurity, One Health, phytosanitary surveillance, molecular diagnostics, remote sensing, biological control.

Кіріспе. Өсімдіктердің инфекциялық аурулары тарихи тұрғыдан азық-түлік қауіпсіздігіне, экономикалық өсімге және экожүйелердің тепе-теңдігіне теріс әсер етіп, адамзат қоғамы мен қоршаған ортаға елеулі зардаптар әкелді. Мұның айқын мысалы ретінде Ирландиядағы ашаршылықты атауға болады, ол жаппай аштық пен халықтың әлеуметтік-экономикалық жағдайының күрт нашарлауына алып келді (Austin Bourke, 1964: 805-808).

Ауыл шаруашылығы дақылдарының патогендік аурулары өндірістік тізбектің кез келген сатысында туындап, тұрақты дамуға кері әсерін тигізеді. Статистикалық мәліметтерге сәйкес, негізгі азық-түлік дақылдары (күріш, бидай, жүгері, картоп) жыл сайын 13–22% көлемінде өнім жоғалтады. Бұл үдеріс тек тікелей экономикалық шығынға ғана емес, сонымен қатар фитосанитарлық бақылау мен басқару стратегияларын оңтайландыруға бағытталған қосымша шығындардың артуына алып келеді (Oerke E. C., 2006: 31-43; Savary S., et al., 2019: 430-439).

Өсімдік патологиясы – өсімдік организмі, патогендік факторлар және сыртқы

орта жағдайларының өзара күрделі байланысынан туындайтын құбылыс. Агротехникалық тәжірибе барысында адамзат осы үш фактордың тепе-теңдігін басқару арқылы өсімдіктің өнімділігін арттыруға және ауру қоздырғыштарының таралуын шектеуге бағытталған кешенді әдістемелерді қалыптастырды. (Bisht N., Mishra S.K., Chauhan P.S., 2020: 937-951.)

Тәсілдердің таңдауы ауру қоздырғышының түріне, климаттық-географиялық ерекшеліктерге, агрономиялық технологиялардың даму деңгейіне және мемлекеттік реттеу шараларына тікелей байланысты. Олар биотикалық және абиотикалық орта жағдайларын өзгерту, қоздырғыштың белсенділігін тежеу немесе өсімдіктің қорғаныс механизмдерін күшейту мақсатында жеке немесе кешенді түрде (интеграцияланған аурулармен күрес – IDM) қолданылады. Бұл әдістерді агротехникалық (ауыспалы егіс, тазалықты сақтау), карантиндік және жою шаралары, генетикалық селекция (төзімділік сорттарын шығару), физикалық әсерлер (топырақты жабу, суару режимін реттеу) және химиялық препараттар (пестицидтер, иммунностимуляторлар) деп бөлуге болады. Осы стратегиялардың ішінде ие мен қоздырғыш арасындағы өзара әрекеттесу негізіндегі тәсілдер экологиялық тұрғыдан қауіпсіз және экономикалық тиімді саналады. Мұндай тұрақты төзімділік ген-ген деңгейіндегі өзара әрекеттесу арқылы жүзеге асады, бұл мысалы, бидайдың сабақ дақтарына *Puccinia tritricina* немесе картоптың кешенді дақтарына *Phytophthora infestans* қарсы күресте байқалады (Denes T.E., Molnar I., Rakosy-Tican E., 2015: 165-175; Zhang, N. et al., 2021: 279-287).

Биологиялық бақылау әдісін пайдалану кезіндегі негізгі мәселе – оның тиімділігі. Биологиялық бақылау агенттері (ББА) егіннің көлемі мен сапасын қорғау, сонымен қатар жақсы экономикалық нәтижелерге жету үшін, патогендердің дамуын тоқтату не өсімдіктің иммундық деңгейін арттыру арқылы аурудың таралуына едәуір әсер етуі қажет. Жасымықтың фузариозды солуына қарсы қолданылатын коммерциялық ББА аурудың таралуын 50,0%-ға дейін азайтып, өнімділікті 58,7%-ға дейін көтерді (Campanella V., Miceli C., 2021: 105635).

B. myloliquefaciens (VFS2, VF11, VFS14, VFS15 және VFS21) штаммдары *Vicia faba* өсімдіктеріндегі *Fusarium equiseti* (Corda) Sacc. қоздырғышы тудырған ауыр жағдайларды едәуір төмендетіп, науқастану деңгейін толықтай 100%-ға дейін азайтып, өсімдіктердің даму көрсеткішін 82%-ға арттырды (Haddoudi I. et al., 2021: 1049-9644).

Өсімдіктердің биоқауіпсіздігі мен биоқауіпсіздігі осы салада шешуші рөл атқарады. Салауатты өсімдіктер экожүйенің тепе-теңдігін, тамақ қауіпсіздігін және халықтың сау-саламатты болуын қамтамасыз ету үшін аса маңызды, сондықтан өсімдіктердің биоқауіпсіздігі, яғни өсімдіктердің денсаулығын қорғау мен жақсартуға бағытталған шаралар One Health парадигмасының негізгі бөлігі болып табылады (Schröder R., Hilker M., 2008: 308-16).

Өсімдіктер жер бетіндегі тіршіліктің негізін құрайды, олар оттегіні шығарады, көміртекті жұтады және азық-түлік, талшықтар мен дәрі-дәрмекпен қамтамасыз етеді. Өсімдіктердің экологиялық қауіпсіздігі топырақ микроорганизмдерінен бастап, адамдар мен жыртқыштарға дейінгі барлық азық желісіне ықпал етеді. Дені сау өсімдіктер түрлі түрлер үшін өмір сүру ортасы мен азық-түлік ресурстарын ұсынып, биоәртүрлілікті жасайды, сонымен қатар экожүйе тұрақтылығын қамтамасыз етеді (Rawat U., Agarwal N.K. 2015:19-28).

Өсімдіктердің биоқауіпсіздігін сақтау тек ауыл шаруашылығының маңызды бағыты емес, сонымен қатар әлемдік деңгейде өте қажет. Осылайша, өсімдіктердің биоқауіпсіздігін «Бір денсаулық» концепциясымен біріктіру ғаламдық денсаулық сақтауды және экологиялық тұрақтылықты қамтамасыз ету аясында қажеттілік болып табылады. «Бір денсаулық» идеясы адам, жануар және ортаның денсаулық мәселелерінің тығыз байланысын көрсетеді, бұл контексте өсімдіктердің биоқауіпсіздігінің маңыздылығын айқындайды. Австралияда 2008 жылы карантин және биоқауіпсіздікті қамтамасыз ету шараларын қайта қарау нәтижесінде «Бір биоқауіпсіздік» бастамасы пайда болды, онда ауыл шаруашылығындағы зиянкестер мен ауруларға қарсы күресте федералдық және мемлекеттік деңгейде ынтымақтастықты нығайту ұсынылған (Durant S., Faunce T.A. 2018: 647-654).

Өсімдіктердің биоқауіпсіздігі тәжірибелерінің адам денсаулығына ықпалы One Health тақырыптарында жиі ескерілмейді. One Health аясында өсімдіктердің биоқауіпсіздігін

мойындау азық-түлік қауіпсіздігі мен экологияның тұрақтылығы арасындағы балансқа ерекше назар аударады, экожүйелер, жануарлар мен адамдардың денсаулығын жақсартатын ауыл шаруашылығының қажеттіліктеріне жауап беретін кешенді шешімдерді алға жылжытады (Hoffmann V., et al. 2022:62).

Зиянды организмдер, ауру тудырғыштар және олардың тасымалдаушыларына химиялық, сондай-ақ химиялық емес әдістермен бақылау және микробтарға қарсы дәрілердің тиімділігін төмендету қауіптерін басқару сәтті жүзеге асырылатын бағыттар болып табылады. Биоқауіпсіздіктегі аталмыш тәсілдерді біріктіру жануарлар мен өсімдіктерге әсер ететін зооноздық инфекциялар сияқты көпсалалы қатерлердің алдын алу мен азық-түлік жүйесінің тұрақтылығын қамтамасыз ету арқылы жүйенің нығаюына алып келеді (Mazzeo A. et al., 2022: 2736).

Мүдделі тараптардың зиянкестердің таралуын, популяциялардың өзгерісін және олардың таралуына әсер етеді дүлей факторларды түсінуі мақсатқа сай және тиімді жүру үшін стратегияларды жасауда көмектесе алады. Мұндай мәліметтерге негізделген әдіс тәуекел деңгейіне сәйкес іс-шараларға басымдылық бере отырып, ресурстарды дұрыс бөлуге мүмкіндік береді (Lafond V. et al., 2020: 218-245).

Бақылау зиянкестердің ықтимал шабуылдарының қаупін анықтауға мүмкіндік береді, бұл тәуекелдерді басқару стратегияларын жасауға қолдау көрсетеді. Бұл стратегияларға әлеуетті эпидемияларды жоюға арналған шұғыл шаралар енеді, осылайша биологиялық қауіпсіздікке дайындықты арттырады (Venette R.C. et al., 2021: 111-131).

Сонымен бірге, жергілікті халықтар, соның ішінде дәстүрлі халықтардың, биологиялық қауіпсіздікті қамтамасыз ету шараларына тартылуы маңызды, өйткені олар көбінесе баға жетпес дәстүрлі білімге ие және өсімдік денсаулығына қатысты саясатқа тікелей ықпал етеді. Қоғамдық ақпарат беру науқандары қоғамдастықтың биологиялық қауіпсіздікке қатысты шараларға қалыпты қатысуын арттыру, зиянкестер мен ауруларды алдын ала анықтау мен олар туралы хабарлауды қамтамасыз ету үшін аса маңызды (Thompson L. et al., 2022: 1-16).

Өсімдік ауруларының алдын алу және карантин шараларын енгізу үшін осы салада алғашқы қадамдар ретінде аурудың белгілерін визуалды бағалау мен қоздырғыштардың морфологиялық сипаттамаларын арнайы қоректік орталарда өсіру (егер бұл жүзеге асса) немесе микроскопиялық әдістер арқылы тексеру (егер оларды *in vitro* жағдайында өсіру мүмкіндігі болмаса) жүргізу кіреді (Ward E. et al., 2005: 1-16).

Қарапайымдылығы мен қолжетімділігіне қарамастан, бұл әдістермен байланысты жалпы проблемалар сенімділіктің төмендігі мен пайдаланудың қиындығы болып табылады, әсіресе *in vitro* өсіруге келмейтін немесе микроскоп арқылы бақылау қиын болатын патогендер үшін. Мұндай жағдайларда нуклеин қышқылы технологиясы диагностикадағы жылдамдық пен дәлдіктің арқасында ең тиімді таңдау болып табылады, өйткені ол жоғары сезімталдық пен ерекшелікпен көптеген үлгілерді зерттеуге мүмкіндік береді. Дәстүрлі түрде, молекулалық талдаудан өзге, жоғары өнімділікті талдауға арналған серологиялық әдістер де пайдаланылуда. Фенотиптік, серологиялық және молекулалық техникаларды қамтитын осы тәсілдердің барлығы ЕРРО хаттамаларында бірнеше әдістерден алынған қосымша ақпаратқа негізделген (Alvarez A.M., 2004: 339-366; López M.M. 2003: 233-243).

Қашықтықтан зондтау ұғымы - сенсор (спутник, ұшақ, ҰҰА/ЖҰА немесе зонд) арқылы қашықта жатқан нысан немесе орта жайлы сапалық әрі сандық деректер алу процесі. Біздің назарымызға ауылшаруашылық жүйелерінің уақыт пен кеңістікте қалай өзгередіні және осы зондтаудың түрі ресурстардың азаюы арқылы экологиялық ауыртпалықты төмендетуге қол жеткізуі өте маңызды. Атап айтқанда, молекулалық өзара әрекеттесулерді, ауыл шаруашылығы дақылдарының стресс факторларына жауап беру реакцияларын, сондай-ақ олардың биофизикалық және биохимиялық сипаттамаларын зерттеуге болады. Сонымен қатар өсімдіктердің стресс жағдайында пайда болатын өзгерістерін, атап айтқанда, жапырақ ауданының, хлорофилл мөлшерінің және жапырақ беті температурасының өзгеруін анықтауға мүмкіндік бар. Бұл өзгерістерді өсімдіктердің қалыпты физиологиялық күйімен салыстыру арқылы стресс әсерінің бастапқы кезеңдерінде-ақ анықтауға болады (Mulla D.J., 2013: 358–371;

Meroni M.R.M., Colombo R., 2010: 165–187).

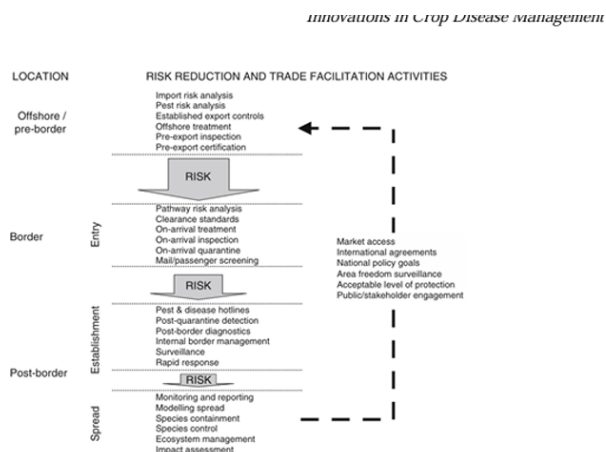
Дәлме-дәл егіншілікте қашықтықтан зондтау әдістерін қолдану 1980 жылдардың ішінде басталған. Алғашқы кезеңде бұл тек қана көрінетін немесе жақын инфрақызыл спектрдің бірнеше бөлігімен шектелген болатын, кейінірек гиперспектрлік қашықтықтан зондтау саласына көбірек назар аударылды. Басқа бір зерттеуде көрсетілгендей, өсімдіктермен байланысты процестер түрлі спектрлік аймақтарда бақылануы мүмкін: патоген споралары (патогеннің түріне байланысты) көрінетін жарық (VIS) диапазонында; хлорофиллдің ыдырау процессін (некроз немесе хлороз ошақтарындағы) көрінетін жарық пен «қызыл шекара» (red-edge) аймағында (550 нм; 650-720 нм); фотосинтездің бұзылуын флуоресценция (450-550 нм; 690–740 нм) және жылулық инфрақызыл (TIR) диапазонында (8000-14 000 нм); қартаю процесін түстің қоңырлануы қолданыла отырып, көрінетін жарық пен жақын инфрақызыл (NIR) диапазонында (680-800 нм), ал ылғалдың жоғалуы қысқа толқынды инфрақызыл (SWIR) диапазонында (1400-1600 нм және 1900–2100 нм) бақылауға болады; егін жабынының тығыздығы мен жапырақ ауданындағы өзгерістерді де жақын инфрақызыл (NIR) диапазонында зерттеуге болады; сонымен қатар транспирация қарқындылығындағы өзгерістерді жылулық инфрақызыл (TIR) диапазонында (8000-14 000 нм) бақылау мүмкіндігі бар. Сондықтан, бұл әдістерді егін дақылдарындағы ауруларды анықтау мақсатында тиімді пайдалануға болатыны айдан анық. Жақында гиперспектрлік радиометр жапырақтың шағылыстыру мүмкіндігіне сүйене отырып, II фотожүйе фотохимиясының ішкі тиімділігін, атап айтқанда, жапырақтағы хлорофилл флуоресценциясы (ChlF) негізінде айнымалы және максималды флуоресценцияны білдіретін Fv/Fm қатынасының мәнін бағалауға пайдаланылды (West J.S. et al., 2003: 593-614; Peng Y. et al., 2017: 026034).

Нақты айтқанда, бірінші бөлім спутниктер мен ұшақтардағы қашықтан басқару сенсорларын зерттейді, сонымен қатар ауыл шаруашылығындағы қолданбаларды талқылайды (жер пайдалану мен азот ағыны жөніндегі жер сатысы мен ГАЗ деректері, бидай өсімін бағалау немесе ауыл шаруашылығы жерлерін зерттеу үшін әуе гиперкеңістіктік ақпаратты қолдану және жер бедері мен ормандарды 3D қашықтан зондтау үшін әуе лидар деректері). Соңғы бөлім спутниктердің, ҰҰА және жердегі сенсорлардың артықшылықтары мен кемшіліктерін талдайды, ҰҰА-ның кең ауқымды мүмкіндіктерін немесе басқа екі жүйенің нақты қолдану үшін тиімділігін атап көрсетеді (мысалы, кейбір жердегі сенсорлар үшін жолда өңдеу мүмкіндіктері деректерді өңдеудің кідіріссіз гербицидтерді жедел қолдануға мүмкіндік береді). Бұл технологияның даму жолы сілтемеде баяндалғандай, жылулық және мультиспектрлік бейнелеу үшін арзан мини-ҰҰА-ны қарастырады (Bendig J. et al., 2012: 345-349).

Бұл зерттеуде авторлар шамамен 1 кг салмағы бар мини-ҰҰА жүйесін (HiSystems МК-Okto) қолданды, ол қолмен ұстап жүруге ыңғайлы NEC F30IS термиялық бейнелеу жүйесімен және төрт жолақты көпспектрлі камерамен (Tetracam Mini MCA) жабдықталады. Жүйе термиялық және көпспектрлі суреттерді алу үшін пайдалы екені анықталды, бұл геореференциялау арқасында деректердің салыстырылуын қамтамасыз етеді. 15 минуттық ұшу уақыты кішігірім жобаларда пайдалануға мүмкіндік береді. Қашықтан зондтау технологиясының тағы бір қолданысы ауыл шаруашылық учаскелерінің пайдалануын бақылау, егіндердің өнімділігін болжау, өнімділікті арттыру үшін дақылдарды бақылау және экожүйелік қызметтермен байланысты болып табылады (Weiss M. et al., 2020: 111402.).

Бұл зерттеуде зерттеушілер шамамен 1 кг салмағы бар мини-ҰҰА жүйесін (HiSystems МК-Okto) қолданды, ол жеңіл және портативті NEC F30IS термиялық бейнелеу жүйесімен қатар төрт жолақты көпспектрлі бейнелеу жүйесі (Tetracam Mini MCA) үшін жеткілікті болды. Жүйе жылу және көпспектрлі бейнелерді алу мақсатында тиімді болып шықты, бұл деректерді геореференцеу арқылы салыстыру мүмкіндігін береді. 15 минуттық ұшу уақытын шағын ауқымды жобалар үшін пайдалануға болады. Қашықтан зондтаудың тағы бір әлеуетті қолдануы аграрлық жерлерді басқару, дақылдардың өнімділігін болжау, өнімділікті арттыру мақсатында дақылдарды мониторинг жасау және экожүйе қызметтерімен байланысты мәселелерді шешу болып табылады (Lahlali R. et al., 2024: 159-170).

Дақылдарды дамыту үшін гермоплазма алмасуы қатаң биоқауіпсіздік шараларын қажет етеді. Үндістанда 23 мемлекеттен алынған майлы дақылдар мен *Brassica* тобына жататын көкөніс дақылдарына қатысты 40 жылға жуық (1975–2015 жж.) жүргізілген зерттеулер *Alternaria brassicicola* (65,5%) және *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (17,8%) қоздырғыштарының, сондай-ақ тағы да 16 патогеннің тұрақты түрде бар екенін көрсетті; осы патогендердің басым бөлігі АҚШ (26,3%) мен Канададан (24,0%) келген үлгілерден табылды (Akhtar J. et al., 2017: 120–130).



Сурет 1. Hulme (2013) бойынша жинақталған өсімдіктер биологиялық қауіпсіздігі континуумының құрылымы

Өсімдік ауруларының көп бөлігін визуалды әдіс арқылы байқап, анықтауға болады, ал қол лупалары мен бинокулярлы микроскоптар саңырауқұлақтардың жыныссыз көбею элементтерін (ацервулалар, пикнидиялар, спородохийлер, синнемалар) және жыныстық жолмен пайда болатын жеміс денелерін (клеистотецийлер, перитецийлер, апотецийлер, псевдотецийлер) зерттеуге жәрдемдеседі. Құрама микроскоптар саңырауқұлақ мицелийлерін, споралар мен бактерияларды табуға көмектессе, сканерлеуші және трансмиссиялық электронды микроскоптар вирус бөлшектерін анықтауға мүмкіндік береді. Жапырақ ауруларын автоматты түрде диагностикалауға арналған жүйелер қазіргі күні жасанды интеллект пен IoT датчиктерін пайдаланып, ауруды тікелей егістік ортасында тез анықтауға мүмкіндік береді (Jafar A. et al., 2024: 1356260).

Дәстүрлі диагностика тәсілдері әдетте көп уақыт алады, ал облигат өсімдік патогендерін (жалған ұнтақ зең, ұнтақ зең, тат және т. б.) өсіру арнайы қоректік ортада мүмкін емес. Вирустық аурулардың көріністері сортқа байланысты әртүрлі болып келеді, ал арнайы түрлері, нәсілдері немесе нұсқалары сыртқы белгілері арқылы айыруды қиындататын қаупі бар. Осындай кедергілер патогендерді молекулалық деңгейде анықтау үшін тиімді, нақты және жоғары сезімтал диагностикалық әдістерді талап етеді. Фитопатогендерді табу үшін молекулалық диагностика әдістерінен, мысалы, ПТР (PCR), qPCR, RT-PCR және мультиплексті ПТР кеңінен пайдаланылады. Негізгі жетістіктерге топырақтан *Sclerotium cepivorum* склероцияларын qPCR арқылы анықтау, *Rhizoctonia solani* анастомоздық топтарын нақтылау, топырақтағы *Plasmodiophora brassicae* көлемін анықтау, *F. oxysporum* f. sp. *lactucae* 1-нәсілін IRAP-PCR арқылы ажырату және селективті ортада *Phytophthora ramorum*-ды сезімтал RT-qPCR арқылы анықтау кіреді. Дегенмен, ПТР әдісі үлкен көлемдегі нысаналы тінді немесе бірнеше зерттеуді талап етуі мүмкін. Изотермиялық амплификация технологиялары, мысалы, LAMP, RCA және RPA, бұл проблемаларды шешуге арналған, өйткені олар ДНҚ/РНҚ-ны тұрақты температурада термоциклерсіз амплификациялап, анықтау шегі төмен және туыстас түрлерді немесе нысаналы емес штамдарды бөліп көрсету мүмкіндігін ұсынады. Бұл тәсілдер от жарасы (fire blight) ауруын, топырақ пен тұқым үлгілеріндегі кила ауруын, бидай жапырағының дақтылық ауруын тудыратын саңырауқұлақтарды, сондай-ақ *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum* 4-нәсілін далалық жағдайда анықтау үшін қолданылады.

RPA әдісі ДНҚ геномен (бананның шоғырланған шың вирусы, қызанақтың сары жапырақ бұйралану вирусы, үрмебұршақтың алтын мозаика вирусы) және РНҚ геномен (раушан розеткасының вирусы) қамтылған өсімдіктердің вирусын далалық жағдайда анықтауда тиімді нәтиже көрсетті. FISH және ELISA сияқты иммунологиялық әдістер де кеңінен қолдануға ие; ELISA вирустарды анықтау үшін көп пайдаланылады, дегенмен бактерияға қатысты нәтижелері тиімділікті төмендетуі мүмкін. Индия үкіметінің Биотехнология департаменті (DBT) бағалы дақылдардағы вирустарды анықтау үшін ELISA жинақтары мен ДНҚ-чиптерін қолдануға ынталандыруда. «Pocket Diagnostic» типтес бүйірлік ағын құрылғылары (LFD) 10 минут ішінде тіпті ағаш тіндерінен анықтауға мүмкіндік береді, бірақ олардың дәлдігі төмендеу болып табылады. Топырақтағы *Rhizoctonia solani* және *Peronospora destructor* спорангийлерін анықтау үшін мономерлі антиденелерді пайдаланатын LFD (латералды ағынды тест-жолақтар) жүйелері бар және олар 1990 жылдардан бері қолданылып келеді. RPA және LFD әдістерінің үйлесімі *Fusarium oxysporum* қоздырғышын егістіктер мен жылыжайларда тікелей мүдделі жерде анықтауға мүмкіндік берді (Hu S. et al., 2024: e4915).

References

- Akhtar J., Singh B., Kandan A., Kumar P., Maurya A.K., Dubey S.C. (2017). Interception of pathogens during quarantine processing: An effort towards safe import of oilseed and vegetable Brassicas germplasm in India. *Journal of Oilseed Brassica*, 8(2), 120–130. <https://epubs.icar.org.in/index.php/JOB/article/view/158793>.
- Alvarez A.M. (2004). Integrated approaches for detection of plant pathogenic bacteria and diagnosis of bacterial diseases. *Annual Review of Phytopathology*, 42, 339–366. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.42.040803.140329>.
- Bendig J., Boltan A., Bareth G. (2012). Introducing a low-cost mini-UAV for thermal- and multispectral-imaging. *The International Archives of the Photogrammetry, Remote Sensing and Spatial Information Sciences*, XXXIX-B1, 345–349. <https://doi.org/10.5194/isprsarchives-XXXIX-B1-345-2012>.
- Bisht N., Mishra S.K., Chauhan P.S. (2020). *Bacillus amyloliquefaciens* inoculation alters physiology of rice (*Oryza sativa* L. var. IR-36) through modulating carbohydrate metabolism to mitigate stress induced by nutrient starvation. *International Journal of Biological Macromolecules*, 143, 937–951. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2019.09.154>.
- Bourke P.M. (1964). Emergence of Potato Blight, 1843–1846. *Nature*, 203, 805–808. <https://doi.org/10.1038/203805a0>.
- Campanella V., Miceli C. (2021). Biological control of *Fusarium* wilt of *Ustica* landrace lentil. *Crop Protection*, 145, 105635. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2021.105635>.
- Dénes T.E., Molnár I., Rákossy-Tican E. (2015). New insights into the interaction between cultivated potato and *Phytophthora infestans*. *Studia Universitatis Babeş-Bolyai Biologia*, 60, 165–175. <https://studia.reviste.ubbcluj.ro/index.php/subbbiologia/article/view/4577>.
- Durant S., Faunce T.A. (2018). Analysis of Australia's new biosecurity legislation. *Journal of Law and Medicine*, 25(3), 647–654. https://papers.ssrn.com/sol3/papers.cfm?abstract_id=3241819.
- Gupta N., Slawson D.D., Moffat A.J. (2022). Using citizen science for early detection of tree pests and diseases: Perceptions of professional and public participants. *Biological Invasions*, 24, 123–138. <https://doi.org/10.1007/s10530-021-02631-3>.
- Haddoudi I., Cabrefiga J., Mora I., Mhadhbi H., Montesinos E., Mrabet M. (2021). Biological control of *Fusarium* wilt caused by *Fusarium equiseti* in *Vicia faba* with broad spectrum antifungal plant-associated *Bacillus* spp. *Biological Control*, 160, 104671. <https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2021.104671>.
- Hoffmann V., Paul B., Falade T., Moodley A., Ramankutty N., Olawoye J., Djouaka R., Lekei E., de Haan N., Ballantyne P. (2022). A One Health approach to plant health. *CABI Agriculture and Bioscience*, 3, 62. <https://doi.org/10.1186/s43170-022-00118-2>.
- Hu S., Yu H., Zhang C. (2024). Development of Recombinase Polymerase Amplification–Lateral Flow Dipstick (RPA–LFD) as a rapid on-site detection technique for *Fusarium oxysporum*. *Bio-protocol*, 14(1), e4915. <https://doi.org/10.21769/BioProtoc.4915>.
- Jafar A., Bibi N., Naqvi R.A., Sadeghi-Niaraki A., Jeong D. (2024). Revolutionizing agriculture with artificial intelligence: Plant disease detection methods, applications, and their limitations. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1356260. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1356260>.
- Lafond V., Lingua F., Lumnitz S., Paradis G., Srivastava V., Griess V.C. (2020). Challenges and opportunities in developing decision support systems for risk assessment and management of forest invasive alien species. *Environmental Reviews*, 28(3), 218–245. <https://doi.org/10.1139/er-2019-0024>.
- Lahlali R., Taoussi M., Laasli S.E., et al. (2024). Effects of climate change on plant pathogens and host-pathogen interactions. *Crop and Environment*, 3(3), 159–170. <https://doi.org/10.1016/j.crope.2024.05.003>.
- López M.M., Bertolini E., Olmos A., Caruso P., Gorris M.T., Llop P., Penyalver R., Cambra M. (2003). Innovative tools for detection of plant pathogenic viruses and bacteria. *International Microbiology*, 6, 233–243. <https://doi.org/10.1007/s10123-003-0143-y>.
- Mazzeo A., Tremonte P., Lombardi S.J., Caturano C., Correr A., Sorrentino E. (2022). From the intersection of food-borne zoonoses and EU green policies to an in-embryo One Health financial model. *Foods*, 11(18), 2736. <https://doi.org/10.3390/foods11182736>.
- Meroni M., Rossini M., Colombo R. (2010). Characterization of leaf physiology using reflectance and fluorescence hyperspectral measurements. In: Maselli F., Menenti M., Brivio P.A. (eds.). *Optical Observation of Vegetation Properties and Characteristics*. Research Signpost, Trivandrum, India.
- Mulla D.J. (2013). Twenty five years of remote sensing in precision agriculture: Key advances and remaining knowledge gaps. *Biosystems Engineering*, 114, 358–371. <https://doi.org/10.1016/j.biosystemseng.2012.08.009>.
- Oerke E.C. (2006). Crop losses to pests. *The Journal of Agricultural Science*, 144, 31–43. <https://doi.org/10.1017/S0021859605005708>.

- Peng Y., Zeng A., Zhu T., Fang S., Gong Y., Tao Y., Zhou Y., Liu K. (2017). Using remotely sensed spectral reflectance to indicate leaf photosynthetic efficiency derived from active fluorescence measurements. *Journal of Applied Remote Sensing*, 11, 026034. <https://doi.org/10.1117/1.JRS.11.026034>.
- Rawat U.S., Agarwal N.K. (2015). Biodiversity: concept, threats and conservation. *Environment Conservation Journal*, 16(3), 19–28. <https://doi.org/10.36953/ECJ.2015.16303>.
- Savary S., Willocquet L., Pethybridge S.J., Esker P., McRoberts N., Nelson A. (2019). The global burden of pathogens and pests on major food crops. *Nature Ecology & Evolution*, 3, 430–439. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0793-y>.
- Schröder R., Hilker M. (2008). The relevance of background odor in resource location by insects: A behavioral approach. *BioScience*, 58(4), 308–316. <https://doi.org/10.1641/B580406>.
- Thompson L., Stenekes N., Kruger H., Carr A. (2009). Engaging in Biosecurity: Literature Review of Community Engagement Approaches. Canberra: Bureau of Rural Sciences. <https://www.agriculture.gov.au/abares/research-topics/social-sciences/community-engagement>.
- Venette R.C., Gordon D.R., Juzwik J., Koch F.H., Liebhold A.M., Peterson R.K.D., Sing S.E., Yemshanov D. (2021). Early intervention strategies for invasive species management: Connections between risk assessment, prevention efforts, eradication, and other rapid responses. In: Poland T.M., Patel-Weynand T., Finch D.M., Miniati C.F., Hayes D.C., Lopez V.M. (eds.). *Invasive Species in Forests and Rangelands of the United States*. Springer, Cham, pp. 111–131. https://doi.org/10.1007/978-3-030-45367-1_6.
- Ward E., Foster S.J., Fraaije B.A., McCartney H.A. (2004). Plant pathogen diagnostics: Immunological and nucleic acid-based approaches. *Annals of Applied Biology*, 145, 1–16. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2004.tb00354.x>.
- Weiss M., Jacob F., Duveiller G. (2020). Remote sensing for agricultural applications: A meta-review. *Remote Sensing of Environment*, 236, 111402. <https://doi.org/10.1016/j.rse.2019.111402>.
- West J.S., Bravo C., Oberti R., Lemaire D., Moshou D., McCartney H.A. (2003). The potential of optical canopy measurement for targeted control of field crop diseases. *Annual Review of Phytopathology*, 41, 593–614. <https://doi.org/10.1146/annurev.phyto.41.121702.103726>.
- Zhang N., Yuan S., Zhao C., Park R.F., Wen X., Yang W., Liu D. (2021). TaNAC35 acts as a negative regulator for leaf rust resistance in a compatible interaction between common wheat and *Puccinia triticina*. *Molecular Genetics and Genomics*, 296, 279–287. <https://doi.org/10.1007/s00438-020-01746-x>.

SPATIAL STRUCTURE AND TAXONOMIC DIVERSITY OF THE GENUS *ROSA* L. IN THE TARBAGATAI MOUNTAINS OF EASTERN KAZAKHSTAN BASED ON GEOREFERENCED OBSERVATIONS

¹A.B. Myrzagaliyeva^{}, ¹Y. Zhiger*^{}, ¹S.A. Kauanov^{}, ¹M.Zh. Sharipova^{}, ¹A.E. Orazov^{}

¹Astana International University, Astana, Kazakhstan

*e-mail: ertaizhiger@gmail.com

A.B. Myrzagaliyeva – D.Sc., Professor of the Higher School of Natural Sciences, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

Y. Zhiger – PhD Student, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: ertaizhiger@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-0273-8561>

S.A. Kauanov – Master student, Junior Researcher at the NatureLab Research Laboratory, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: sultan.kaunov96@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8526-1877>

M.Zh. Sharipova – PhD, Associate Professor, Deputy Dean of the Higher School of Natural Sciences, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: moldir_zhumagul@aiu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-9467-1483>

A.E. Orazov – PhD, Associate Professor, Head of the NatureLab Research Laboratory, Astana International University, Astana, Kazakhstan, e-mail: orazov1994aidyn@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

Abstract. The mountain systems of Central Asia are important centres of floristic diversity; however, spatially representative and taxonomically verified data on the distribution of many wild taxa remain fragmentary. This study aimed to quantitatively assess the taxonomic structure, spatial distribution, degree of clustering, documented local species richness, and quality of a long-term array of georeferenced observations of the genus *Rosa* L. in the Tarbagatai mountain system of eastern Kazakhstan. The initial sample included 127 observations from 2019-2026; after taxonomic filtering, the analysis included 118 *Rosa* records corresponding to 109 unique coordinates. A total of 61 records (51.7%) were identified to the species level, while 57 records (48.3%) remained at the *Rosa* sp. level. The dataset includes *R. spinosissima* (33 observations), *R. laxa* (13), *R. platyacantha* (10), *R. alberti* (4), and *R. canina* (1). Ninety-six records were positionally accurate to within 100 m; after duplicate removal, they corresponded to 88 unique locations. Nearest neighbour analysis revealed strong spatial aggregation of high-precision locations: the observed mean nearest neighbour distance was 0.75 km, compared to a mean expected value of 3.02 km across 999 runs of complete spatial randomness (empirical $p = 0.001$). With grid thinning, the 96 high-precision observations corresponded to 32 occupied 1 x 1 km cells and 26 occupied 2 x 2 km cells, indicating significant route and observer bias. Species-identified, high-precision records occupied 14 5 x 5 km cells; the maximum documented richness, equal to four species, was observed in two cells in the central part of the studied spatial cluster. Only 15 records (12.7%) had Research Grade status, while 103 (87.3%) were classified as Needs ID. These results characterise the structure of the documented array of finds, rather than the demographic structure of populations, and provide a reproducible spatial basis for further expert verification, standardised monitoring, and subsequent modelling of species distributions with mandatory control for spatial sampling bias.

Keywords: *Rosa*; Rosaceae; Tarbagatai; East Kazakhstan; georeferenced observations; spatial structure; nearest neighbour analysis; spatial thinning; iNaturalist; taxonomic uncertainty.

ГЕОГРАФИЯЛЫҚ КООРДИНАТТАРМЕН БАЙЛАНЫСТЫРЫЛҒАН БАҚЫЛАУ ДЕРЕКТЕРІ НЕГІЗІНДЕ ШЫҒЫС ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ ТАРБАҒАТАЙ ТАУЛАРЫНДА *ROSA L.* ТУЫСЫНЫҢ КЕҢІСТІКТІК ҚҰРЫЛЫМЫ МЕН ТАКСОНОМИЯЛЫҚ АЛУАНТҮРЛІЛІГІ

¹А.Б. Мырзағалиева, ¹Е. Жігер*, ¹С.А. Кауанов, ¹М.Ж. Шарипова, ¹А.Е. Оразов

¹Астана халықаралық университеті, Астана, Қазақстан

*e-mail: ertaizhiger@gmail.com

А.Б. Мырзағалиева – б.ғ.д., профессор, Астана халықаралық университетінің Жаратылыстану ғылымдарының жоғары мектебінің профессоры, Астана қ., Қазақстан, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

Е. Жігер – Докторант, Астана халықаралық университеті, Астана қ., Қазақстан, e-mail: ertaizhiger@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-0273-8561>

С.А. Кауанов – магистрант, Астана халықаралық университетінің «NatureLab» ғылыми зерттеу зертханасының кіші ғылыми қызметкері, Астана қ., Қазақстан, e-mail: sultan.kaunov96@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8526-1877>

М.Ж. Шарипова – PhD, қауымдастырылған профессор, Астана халықаралық университетінің Жаратылыстану ғылымдарының жоғары мектебінің декан орынбасары, Астана қ., Қазақстан, e-mail: moldir_zhumagul@aiu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-9467-1483>

А.Е. Оразов – PhD, қауымдастырылған профессор, Астана халықаралық университетінің «NatureLab» ғылыми зерттеу зертханасының меңгерушісі, Астана қ., Қазақстан, e-mail: orazov1994aidyn@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

Аңдатпа. Орталық Азияның тау жүйелері флоралық алуантүрліліктің маңызды орталықтары болып табылады. Алайда кеңістіктік жағынан репрезентативті және таксономиялық тексерілген деректер әлі де толық емес. Бұл зерттеудің мақсаты — Шығыс Қазақстандағы Тарбағатай тау жүйесінде *Rosa L.* туысына қатысты көпжылдық, географиялық координаттармен байланыстырылған бақылау деректері негізінде таксономиялық құрылымын, кеңістіктік таралуын, шоғырлану дәрежесін, құжатталған жергілікті байлығын және сапасын сандық тұрғыдан бағалау.

Бастапқы деректер жиынтығы 2019-2026 жылдары тіркелген 127 бақылауды қамтыды. Таксономиялық сүзгіден кейін талдауға 109 бірегей координатаға сәйкес келетін *Rosa* туысының 118 жазбасы енгізілді. Олардың 61-і (51,7%) түр деңгейінде анықталған, ал 57-сі (48,3%) *Rosa sp.* деңгейінде қалды. Деректер жиынтығына *R. spinosissima* (33 бақылау), *R. laxa* (13), *R. platyacantha* (10), *R. alberti* (4) және *R. canina* (1) түрлері кірді. Орналасу дәлдігі 100 м-ден аспаған 96 жазба талдауға жоғары дәлдік координаталары ретінде алынды; дубликаттар алынып тасталғаннан кейін 88 бірегей орынға сәйкес келді.

Ең жақын көрші әдісімен жүргізілген талдау орналасуы жоғары дәлдікпен тіркелген орындардың айқын кеңістіктік шоғырлануын көрсетті: ең жақын көршіге дейінгі бақыланған орташа қашықтық 0,75 км болды, ал толық кездейсоқ кеңістіктік үлестірімнің 999 іске қосылуында күтілетін орташа қашықтық 3,02 км құрады (эмпирикалық $p = 0,001$). Тор ұяшықтары бойынша кеңістіктік сирету нәтижесінде жоғары дәлдіктегі 96 бақылау өлшемі 1 x 1 км болатын 32 ұяшыққа және 2 x 2 км болатын 26 ұяшыққа сәйкес келді. Бұл бақылау маршруттары мен бақылаушыларға байланысты тіркеудің елеулі біркелкісіздігін көрсетеді. Түр деңгейінде анықталған, жоғары дәлдікті жазбалар өлшемі 5 x 5 км болатын 14 ұяшықта тіркелді. Құжатталған ең жоғары байлық төрт түрге тең болып, зерттелген кеңістіктік шоғырдың орталық бөлігіндегі екі ұяшықта байқалды.

Тек 15 жазба (12,7%) «Зерттеу деңгейі» (Research Grade) мәртебесіне ие болды, ал 103 жазба (87,3%) «Анықтауды қажет етеді» (Needs ID) санатына жатқызылды. Алынған нәтижелер популяциялардың демографиялық құрылымын емес, құжатталған тіркелімдер жиынтығының құрылымын сипаттайды. Олар әрі қарай сараптамалық тексеру, стандартталған мониторинг

және кеңістіктік тіркеу біржақтылығын міндетті түрде ескере отырып, түрлердің таралуын модельдеу үшін қайта өндіруге болатын кеңістіктік негіз қалыптастырады.

Кілт сөздер: *Rosa*; Rosaceae; Тарбағатай; Шығыс Қазақстан; географиялық координаттармен байланыстырылған бақылаулар; кеңістіктік құрылым; ең жақын көрші әдісін талдау; кеңістіктік сирету; iNaturalist; таксономиялық белгісіздік.

ПРОСТРАНСТВЕННАЯ СТРУКТУРА И ТАКСОНОМИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ РОДА *ROSA* L. В ГОРАХ ТАРБАГАТАЯ ВОСТОЧНОГО КАЗАХСТАНА НА ОСНОВЕ ГЕОПРИВЯЗАННЫХ ДАННЫХ НАБЛЮДЕНИЙ

¹А.Б. Мырзагалиева, ¹Е. Жигер*, ¹С.А. Кауанов, ¹М.Ж. Шарипова, ¹А.Е. Оразов

¹Международный университет Астана, г. Астана, Казахстан

*e-mail: ertaizhiger@gmail.com

Мырзагалиева А.Б. – д.б.н., профессор, профессор Высшей школы естественных наук Международного университета Астана, г. Астана, Казахстан, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

Жигер Е. – Докторант Международного университета Астана, г. Астана, Казахстан, e-mail: ertaizhiger@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0006-0273-8561>

Кауанов С.А. – магистрант, младший научный сотрудник научно-исследовательской лаборатории «NatureLab» Международного университета Астана, г. Астана, Казахстан, e-mail: sultan.kaunov96@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-8526-1877>

Шарипова М.Ж. – PhD, ассоциированный профессор, заместитель декана Высшей школы естественных наук Международного университета Астана, г. Астана, Казахстан, e-mail: moldir_zhumagul@aiu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-9467-1483>

Оразов А.Е. – PhD, ассоциированный профессор, заведующий научно-исследовательской лабораторией «NatureLab» Международного университета Астана, г. Астана, Казахстан, e-mail: orazov1994aidyn@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-1390-9507>

Аннотация. Горные системы Центральной Азии являются важными центрами флористического разнообразия, однако пространственно репрезентативные и таксономически проверенные данные о распространении многих дикорастущих таксонов остаются фрагментарными. Цель исследования — количественно оценить таксономическую структуру, пространственное распределение, степень кластеризации, документированное локальное видовое богатство и качество многолетнего массива геопривязанных наблюдений рода *Rosa* L. в горной системе Тарбагатай Восточного Казахстана.

Исходная выборка включала 127 наблюдений за 2019-2026 годы. После таксономической фильтрации в анализ вошли 118 записей рода *Rosa*, соответствующих 109 уникальным координатам. До видового уровня было определено 61 запись (51,7%), тогда как 57 записей (48,3%) остались на уровне *Rosa* sp. В наборе данных представлены *R. spinosissima* (33 наблюдения), *R. laxa* (13), *R. platyacantha* (10), *R. alberti* (4) и *R. canina* (1). Для 96 записей погрешность определения местоположения не превышала 100 м; после удаления дубликатов они соответствовали 88 уникальным местоположениям.

Анализ ближайшего соседа выявил выраженную пространственную агрегацию местоположений с высокой точностью геопривязки: наблюдаемое среднее расстояние до ближайшего соседа составило 0,75 км, тогда как среднее ожидаемое значение по результатам 999 реализаций модели полной пространственной случайности — 3,02 км (эмпирическое $p = 0,001$). При пространственном прореживании по сетке 96 высокоточных наблюдений соответствовали 32 занятым ячейкам размером 1 x 1 км и 26 занятым ячейкам размером 2 x 2 км, что указывает на существенное смещение выборки, связанное с маршрутами обследования и активностью наблюдателей. Записи, определённые до видового уровня и имеющие высокую точность геопривязки, были представлены в 14 ячейках размером 5 x 5 км. Максимальное

документированное видовое богатство составило четыре вида и было отмечено в двух ячейках центральной части исследуемого пространственного кластера.

Лишь 15 записей (12,7%) имели статус «Исследовательский уровень» (Research Grade), тогда как 103 записи (87,3%) относились к категории «Требуется определение» (Needs ID). Полученные результаты характеризуют структуру документированного массива находок, а не демографическую структуру популяций, и формируют воспроизводимую пространственную основу для дальнейшей экспертной проверки, стандартизированного мониторинга и последующего моделирования распространения видов с обязательным учётом пространственного смещения выборки.

Ключевые слова: *Rosa*; Rosaceae; Тарбагатай; Восточный Казахстан; геопривязанные наблюдения; пространственная структура; анализ ближайшего соседа; пространственное прореживание; iNaturalist; таксономическая неопределённость.

Introduction. The mountainous regions of Central Asia are characterised by high topographic heterogeneity and pronounced floristic differentiation. Elevation gradients, slope aspect, and spatial heterogeneity of moisture and soil conditions create a mosaic of habitats that supports diversity at the ecosystem, species, and population levels (Tayjanov et.al., 2017). In such landscapes, the spatial structure of plant finds is determined by both ecological gradients and the configuration of available habitats, making georeferenced data particularly valuable for analysing taxon distribution.

Tarbagatai is one of the key mountain systems of eastern Kazakhstan and represents a transitional area between the Central Asian, Siberian, and intracontinental floristic complexes. Published data on the region's flora vary in scope and methodology, but consistently point to high species richness and pronounced vertical zonation. The southern macroslope successively features desert-steppe, steppe, shrub, subalpine, and alpine belts (Orazov, A et.al., 2021; Myrzagaliyeva, A et.al., 2024). The rugged topography creates additional ecological heterogeneity: foothill hilly areas, lowlands, midlands, valleys, and gorges create contrasting microclimatic and edaphic conditions (Myrzagaliyeva, A et.al., 2024).

The genus *Rosa* L. includes ecologically and economically significant representatives of the family Rosaceae. Wild *Rosa* species in Kazakhstan are important components of natural communities, sources of genetic resources, and objects of medicinal, food, and breeding use. Field studies indicate interspecific differences in altitudinal and edaphic confinement and significant ecological plasticity of individual taxa (Danilova, AN et.al., 2025; Myrzagaliyeva, A et.al., 2026). At the same time, the genus taxonomy remains complex due to high morphological variability, hybridisation, and partial overlap of diagnostic features. Therefore, identification based on a limited set of photographs requires caution, and in controversial cases, it is advisable to combine morphological and molecular data (Yermagambetova, M et.al., 2025).

In recent years, botanical studies of wild and resource-significant plants of Kazakhstan have increasingly relied on integrating morphological, molecular phylogenetic, genomic, ecological, and spatial data. This approach was applied in a comprehensive taxonomic revision of *Gagea alberti*, a study of the chloroplast genome of the Kazakh apricot *Prunus armeniaca*, an assessment of the morphological and genetic resources of wild relatives of almond, and a floristic-anatomical analysis of *Crataegus ambigua* populations (Kubentayev, S et.al., 2025; Imanbayeva, A et.al., 2025). Taken together, these studies highlight the potential of combining independent lines of evidence to study taxonomically complex, ecologically flexible, and conservation-significant plants, which is particularly relevant for the spatial analysis of representatives of the genus *Rosa* in the mountain ecosystems of eastern Kazakhstan.

Comparable regional studies show that comparing spatially dispersed localities with habitat parameters and functional traits significantly improves understanding of the ecological and population characteristics of rare and wild species. Thus, for *Eranthis longistipitata* in the Western Tien Shan, interlocal differences in the phytochemical profile and growing conditions were revealed (Aimenova, Z. et.al., 2023). At the same time, an analysis of *Dactylorhiza incarnata* populations in the Kalbinsky Altai demonstrated the informative value of a joint assessment of the ecological optimum, plant

community structure, and anthropogenic load (Danilova, AN. et.al.,2021). These examples further substantiate the need to combine georeferenced *Rosa* finds with independent ecological, population, and functional measurements.

Citizen science platforms and digital biodiversity databases, including iNaturalist, are significantly expanding the volume of available georeferenced observations, especially for hard-to-reach areas. However, such data are generated independently of a unified sampling design. They are subject to several types of bias: uneven observational effort, concentration of finds along roads and routes, repeat visits to accessible sites, and taxonomic identification errors. For plants, an additional limitation is the lack of a full set of diagnostic features in photographs. Therefore, using such data in spatial ecology requires simultaneous assessment of the geographic accuracy, taxonomic reliability, and spatial dependence of observations (López-Guillén. et.al.,2021).

Despite individual floristic and ecological studies of Tarbagatai, the spatial structure of long-term georeferenced *Rosa* records and the influence of observer bias on their interpretation remain poorly characterised quantitatively. The present study aimed to comprehensively evaluate the long-term array of observations of the genus *Rosa* in the Tarbagatai mountain system of eastern Kazakhstan. In this study: (1) the taxonomic and temporal structures of the data were characterized; (2) the documented spatial coverage of individual species was assessed; (3) the deviation of the distribution of localities from complete spatial randomness was tested; (4) the sensitivity of the results to sample clustering by grid thinning was quantified; (5) the documented local species richness was determined; (6) the spatial precision, degree of taxonomic verification, and concentration of observational effort were assessed; and (7) the results were interpreted in the context of the orography and altitudinal zonation of Tarbagatai. The working hypothesis was that the observed spatial pattern would be significantly heterogeneous due to the combined effect of the ecological mosaic nature of the mountain landscape and the uneven survey of the territory.

Materials and methods.

2.1. Study area and relief features

The studied localities are located within the Tarbagatai mountain system and adjacent territories of eastern Kazakhstan, approximately between 46.984–47.434° N and 80.986–82.848° E. The region is characterised by a sharply continental climate, pronounced seasonality, and a combination of foothill, low-mountain, and mid-mountain relief forms. According to published data, the maximum absolute altitudes of Tarbagatai reach approximately 3000–3100 m, and the average annual precipitation in different parts of the region varies from approximately 177 to 405 mm (Myrzagaliyeva, A. et.al.,2024).

For the southern macroslope, a sequential change in altitudinal zones has been described: desert-steppe - approximately 500-700 m, steppe - 700(600)-1000(1200) m, shrub - 1000(1200)-1700(1800) m, subalpine - 1700(1800)-2400 m and alpine - 2400-3100 m (Orazov, A. et.al.,2021). In the middle part of Tarbagatai, shrub communities with the participation of *R. spinosissima* were previously noted from approximately 800-900 to 1350-1450 m above sea level (Orazov, A. et.al.,2021). Such pronounced vertical and orographic differentiation creates an ecological basis for the spatial separation of wild rose habitats.

The original dataset did not contain a standardised field for absolute elevation or other topographic covariates. Therefore, in this analysis, topography was used only as geographic and ecological context, based on locality locations and the published vertical zonation scheme. Quantitative conclusions about the influence of elevation, slope, or aspect on species distribution were not drawn, as the relevant parameters were not extracted from the digital elevation model for each observation point.

2.2. Initial data array and pre-processing

The original CSV file contained 127 observation records. After excluding records not belonging to the genus *Rosa*, the analytical sample consisted of 118 observations from 2019–2026. We used available metadata for each record, including observation ID, date, observer name, geographic coordinates, positional accuracy, taxonomic identification, quality status, and a link to the original record. All included observations were designated as uncultivated. Exactly matching coordinates

were included in the original dataset description but were removed during analysis steps that required spatially unique localities.

Figure 1 presents the general sequence of data preparation and analytical procedures. The temporal structure was estimated from the full analytical array ($n = 118$), while detailed spatial procedures were performed after filtering by positional accuracy (≤ 100 m) and removing duplicate coordinates.

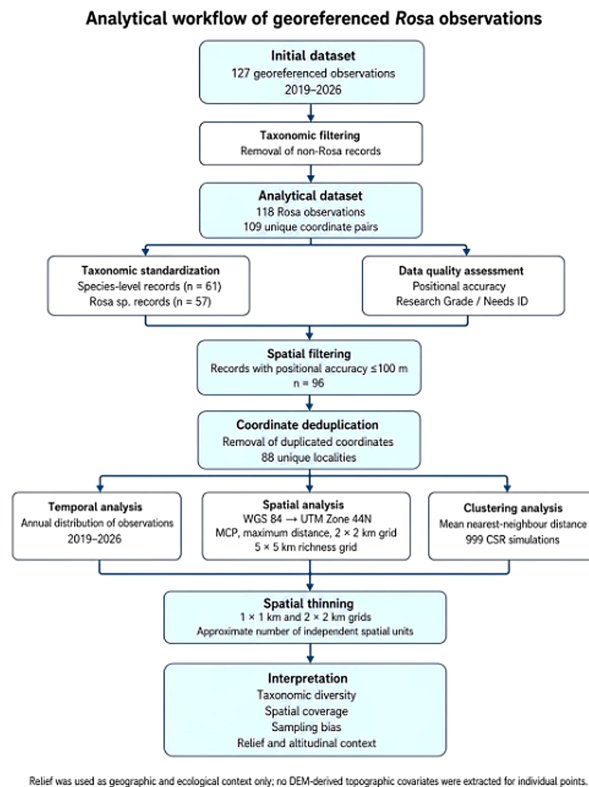


Figure 1. Analytical scheme for processing georeferenced observations of the genus *Rosa*

2.3. Taxonomic standardisation

At the species level, the dataset included *Rosa spinosissima* L., *R. laxa* Retz., *R. platyacantha* Schrenk, *R. alberti* Regel, and *R. canina* L. Records without species identification were retained in the *Rosa* sp. category and were not allocated between species based on spatial proximity or associated indirect features. This conservative approach minimises the risk of artificially inflating species representation in the context of the genus's complex taxonomy, where reliable identification requires a combined assessment of characters of leaves, stipules, spines, pedicels, sepals, flowers, and fruits (Yermagambetova, M. et.al.,2025).

2.4 Data quality assessment

Data quality was assessed using two independent components: taxonomic resolution and spatial accuracy. Taxonomic resolution was characterised by the proportion of records identified to species level, the proportion of *Rosa* sp. records, and the distribution of iNaturalist Research Grade and Needs ID statuses. Spatial accuracy was assessed using the positional_accuracy field; records with a stated error of ≤ 100 m were used for detailed spatial calculations. The proportion of observations with an error of ≤ 10 m and the median positional error were also calculated.

2.5. Time analysis

The number of observations was summarised by calendar year, separately considering records identified to the species level and records of *Rosa* sp. Because the dataset combines targeted expeditionary and opportunistic observations and is not based on a constant, standardised effort, interannual differences were interpreted solely as changes in documentation intensity, rather than changes in population abundance, density, or occurrence.

2.6. Spatial analysis

Geographic coordinates are initially presented in the WGS 84 system. To calculate distances and areas, records with a positional accuracy of ≤ 100 m were projected into UTM Zone 44N (EPSG:32644). For each species-defined taxon, the number of high-precision records and spatially unique localities, the maximum pairwise geographic distance, the area of the minimum convex polygon (MCP), and the number of occupied 2×2 km grid cells were calculated. To estimate documented local species richness, we used a 5×5 km grid and counted the number of different species-defined *Rosa* taxa in each occupied cell. We used MCP and grid metrics only as descriptive characteristics of the spatial coverage of observations. We did not interpret them as formal estimates of Extent of Occurrence or Area of Occupancy according to IUCN criteria.

2.7. Analysis of spatial clustering and sensitivity to selection bias

Spatial clustering was assessed using high-precision records (positional error ≤ 100 m) after removing completely overlapping coordinates. For the *Rosa* assemblage and for species with a sufficient number of unique localities, the mean nearest-neighbour distance (NN) was calculated. We compared the observed value with the null distribution from 999 realisations of complete spatial randomness (CSR), in which a fixed number of points were randomly placed within the MCP of the corresponding sample. The empirical p was determined from the position of the observed NN value relative to the simulated distribution. To assess the robustness of the inferences to spatial dependence, grid thinning was also performed, and the number of occupied 1×1 and 2×2 km cells was counted as an approximate number of spatially independent observation units. This approach allows estimation of the degree of pseudoreplication caused by repeated findings within the same local areas (Clark, P. J. et.al., 1954; Aiello-Lammens et.al., 2015).

2.8. Statistical processing

For categorical indicators, we calculated absolute frequencies and proportions. Because the data were collected opportunistically, taxon registration frequencies were not interpreted as indicators of relative abundance or population density. We used two-sided empirical significance levels for Monte Carlo procedures. Formal interspecies parametric comparisons of spatial metrics were not performed, as after precision filtering, removal of duplicate coordinates, and control for spatial dependence, the effective sample size for individual species was limited. All statistical results were interpreted as properties of the array of georeferenced findings, rather than as direct estimates of population demographic structure.

2.9. Using generative artificial intelligence

Generative artificial intelligence was used exclusively for language editing, structural standardisation of the draft text, and consistency checking of wording. It was not used to generate the source data, taxonomically identify observations, or perform statistical calculations. All numerical results were derived from the original dataset, and the authors reviewed and approved the final formulations, interpretations, and conclusions.

Results and discussion.

3.1. General structure and taxonomic composition of data

After taxonomic filtering, the analytical sample included 118 *Rosa* observations, corresponding to 109 unique coordinate pairs. Sixty-one records (51.7%) were identified to the species level, while 57 records (48.3%) were identified only to the genus level. Thus, the current verified dataset contains five species-identified taxa, but almost half of the observations remain taxonomically unresolved.

Table 1. Taxonomic structure of georeferenced observations of the genus *Rosa*

Taxon	Number of observations	Share, %
<i>Rosa spinosissima</i>	33	28.0
<i>Rosa laxa</i>	13	11.0
<i>Rosa platyacantha</i>	10	8.5
<i>Rosa alberti</i>	4	3.4

Taxon	Number of observations	Share, %
<i>Rosa canina</i>	1	0.8
<i>Rosa sp.</i>	57	48.3

R. spinosissima had the largest number of records—33 observations, accounting for 28.0% of the total sample and 54.1% of the records identified to species level. It was followed by *R. laxa* (13 observations), *R. platyacantha* (10), *R. alberti* (4), and *R. canina* (1). The high proportion of *Rosa sp.* limits the interpretation of the current species count as a complete estimate of the genus's taxonomic diversity in the studied part of Tarbagatai.

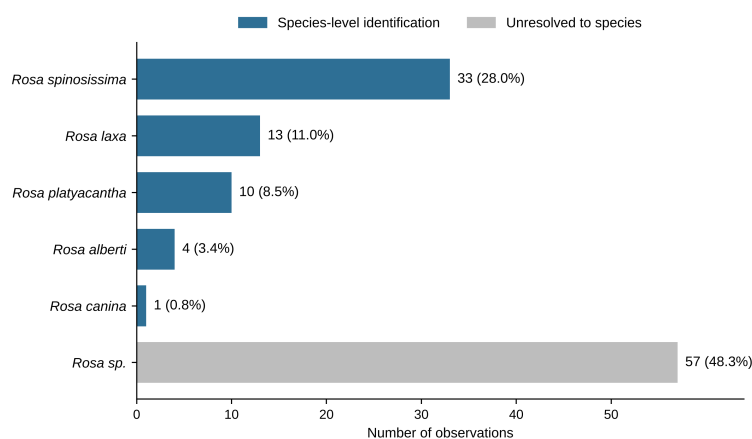


Figure 2. Taxonomic structure of the array of geo-referenced observations of the genus *Rosa*

3.2. Temporal structure of observations

The temporal distribution of observations was markedly uneven. Only isolated records were available from 2019 to 2022, while the bulk of the dataset was compiled in 2023, 2024, and 2026. The maximum number of observations was recorded in 2026—53 records, of which 27 were identified to the species level, and 26 remained at the *Rosa sp.* level.

Table 2. Annual structure of observations and level of taxonomic identification

Year	Total	Defined to the species level	<i>Rosa sp.</i>
2019	1	1	0
2020	1	0	1
2022	2	1	1
2023	22	15	7
2024	35	16	19
2025	4	1	3
2026	53	27	26
Total	118	61	57

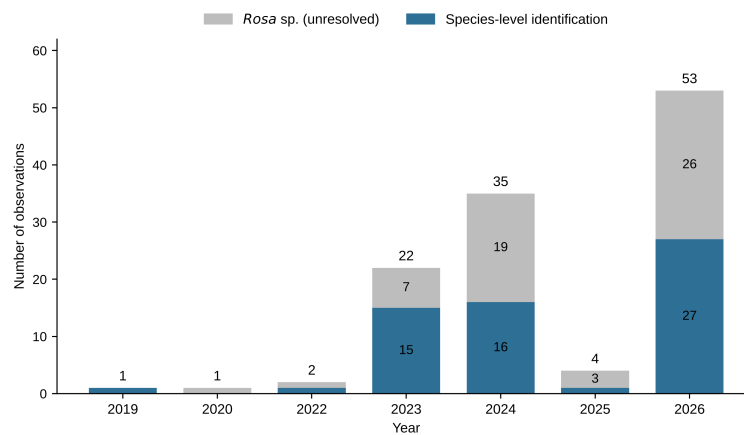


Figure 3. Interannual distribution of *Rosa* observations, divided into species-level records and *Rosa* sp. level records

The observed increase in records in recent years primarily reflects increased intensity of field and digital documentation. Because there is no standardised, ongoing observational effort, this increase cannot be interpreted as evidence of population growth or expansion. Similarly, the low number of records in 2019–2022 and 2025 reflects the structure of the available dataset, rather than the actual absence of taxa in the region.

3.3 Spatial distribution

All observations were located within 46.984–47.434° N and 80.986–82.848° E, forming a latitudinal spatial pattern generally consistent with the orographic orientation of the Tarbagatai Range and adjacent valleys. The distribution included both local clusters of repeated observations and distant localities, expanding the genus's documented spatial coverage. Overlaying the points on the relief shows a preferential concentration of observations within the mountain front, foothills, and accessible valleys; however, this visual association is not considered a quantitatively confirmed dependence on topography.

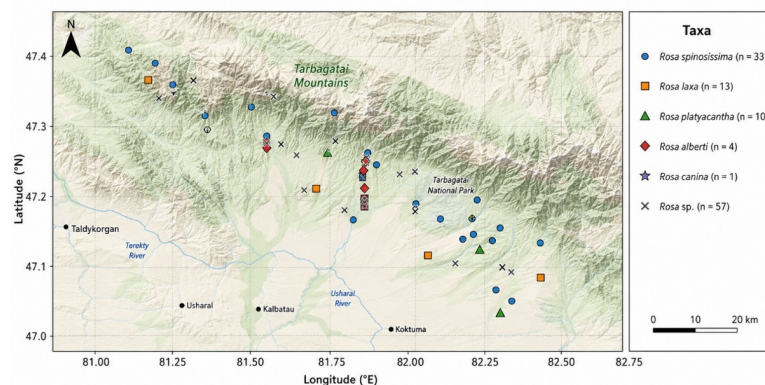


Figure 4. Spatial distribution of 118 georeferenced observations of the genus *Rosa* in the Tarbagatai mountain system against the background of the relief

Ninety-six observations with a positional accuracy of ≤ 100 m were used for spatial calculations. Of these, 44 records were identified to species level, and 52 belonged to *Rosa* sp. Among the species-identified taxa, the greatest documented spatial coverage was found for *R. spinosissima*.

Table 3. Descriptive indicators of the spatial coverage of species-defined *Rosa* records with a positional accuracy of ≤ 100 m.

View	Entries, n	Unique localities, n	Area of occupied 2 x 2 km cells, km ²	MCP, km ²	Max. distance, km
<i>Rosa spinosissima</i>	18	17	40	974.3	121.1
<i>Rosa laxa</i>	11	9	24	242.9	46.3
<i>Rosa platyacantha</i>	10	9	28	400.5	56.0
<i>Rosa alberti</i>	4	4	12	69.0	25.9
<i>Rosa canina</i>	1	1	4	---	---

For *R. spinosissima*, the maximum distance between high-precision localities was 121.1 km, and the MCP area was 974.3 km². The corresponding maximum distances were 56.0 km for *R. platyacantha*, 46.3 km for *R. laxa*, and 25.9 km for *R. alberti*. A single high-precision record of *R. canina* did not allow us to estimate the spatial extent or area of the MCP. These values characterise only the documented coverage of the available sample and are not estimates of the taxa's full regional range.

3.4 Spatial clustering and sensitivity to spatial sampling bias

Of the 96 high-precision observations, 88 corresponded to unique coordinates. For the *Rosa* set, the average distance to the nearest unique locality was 0.75 km, while the average value across 999 CSR realisations was 3.02 km (95% simulation interval 2.66–3.37 km). The observed NN distance was significantly smaller than expected under complete spatial randomness (empirical $p = 0.001$), indicating significant aggregation of the observation set. For individual species, no statistically significant deviation from the CSR was detected: for *R. spinosissima*, the observed/expected distance was 4.52/4.96 km ($p = 0.610$), for *R. laxa*, 3.79/3.44 km ($p = 0.652$), and for *R. platyacantha*, 2.62/4.34 km ($p = 0.070$). For the latter species, a tendency toward spatial aggregation was observed; however, given the number of localities available, it did not reach the accepted level of statistical significance.

Table 4. Nearest-neighbour scores and grid-thinning results for high-precision *Rosa* observations

Group	Unique localities, n	Observed NN, km	Expected NN (CSR), km	p	1 x 1 km cells	2 x 2 km cells
All Rosa	88	0.75	3.02	0.001	32	26
<i>R. spinosissima</i>	17	4.52	4.96	0.610	11	10
<i>R. laxa</i>	9	3.79	3.44	0.652	8	6
<i>R. platyacantha</i>	9	2.62	4.34	0.070	7	7

Grid thinning confirmed the high spatial redundancy of the original dataset. Ninety-six high-precision records corresponded to 32 occupied 1x1 km cells and 26 occupied 2x2 km cells. After thinning, 11 and 10 occupied cells remained for *R. spinosissima*, 8 and 6 for *R. laxa*, and 7 and 7 for *R. platyacantha*. Consequently, the nominal number of records significantly exceeds the approximate number of spatially independent observation units, which must be accounted for in subsequent statistical modelling.

3.5. Documented local species richness

Species-identified high-precision observations occupied 14 5x5 km grid cells. Eight cells recorded one species, four cells recorded two species, and two cells recorded local richness of up to four species. Both richest cells were located in the central part of the spatial cluster, approximately 47.20–47.24° N and 81.83° E. In one cell, *R. spinosissima*, *R. laxa*, *R. platyacantha*, and *R. alberti* were recorded together; in the second, *R. spinosissima*, *R. laxa*, *R. alberti*, and *R. canina*. These cells are priority sites for standardised field verification; however, their increased richness should not be separated from uneven survey intensity.

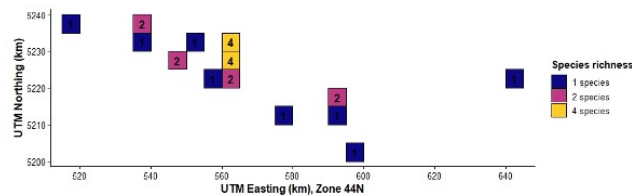


Figure 5. Documented local species richness of *Rosa* in occupied 5x5 km cells based on high-precision species-identifying observations. Numbers within cells correspond to the number of species recorded

3.6 Spatial accuracy, taxonomic verification and observational effort

Spatial accuracy was high for most of the dataset, with 85 observations (72.0%) having a reported error of ≤ 10 m and 96 (81.4%) having an error of ≤ 100 m; the median positional error was 4 m. Taxonomic verification, in contrast, remained limited, with only 15 records (12.7%) having Research Grade status, while 103 (87.3%) were Needs ID.

The main data-quality limitations were therefore not georeferencing, but taxonomic uncertainty and the concentration of observational effort. The two most active observers generated 107 of the 118 records (90.7%), indicating a significant imbalance in data sources and potentially amplifying route and spatial bias. Combined with the grid-thinning results, this confirms the need to control for spatial dependence and observer bias before any subsequent species distribution modelling.

3.7. Field photo illustrations of the morphological diversity of *Rosa*

To document morphological diversity, the article includes field photographs of five species-defined taxa from the analysed dataset (Figure 6): *Rosa laxa* Retz., *R. alberti* Regel, *R. canina* L., *R. spinosissima* L., and *R. platyacantha* Schrenk. The images cover the flowering and fruiting phases and demonstrate differences in the general appearance of flowers or hypanthia, leaflet structure, and shoot characteristics. For the genus *Rosa*, such comprehensive photo documentation is essential, as reliable field identification often requires the simultaneous assessment of several morphological traits.

Photographs served as a documentary supplement to georeferenced data and were not used as independent confirmation of each record's identification. For subsequent expert review of Needs ID observations and *Rosa* sp. records, standardised photo series are preferred, including the general appearance of the bush, spine character, stipules, both leaflet surfaces, pedicels, sepals, flowers, and mature fruits. When possible, link digital records to herbarium vouchers and specimens for molecular analysis.

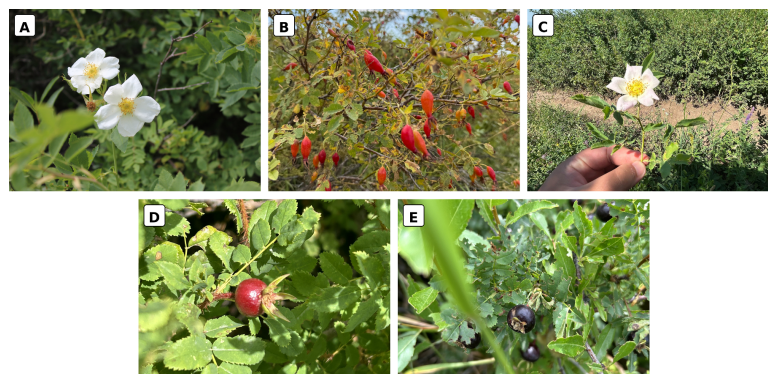


Figure 6. Field photographs of species of the genus *Rosa*: (A) *R. laxa* Retz.; (B) *R. alberti* Regel; (C) *R. canina* L.; (D) *R. spinosissima* L.; (E) *R. platyacantha* Schrenk

Discussion.

4.1. Diversity of the genus *Rosa* and the structure of observations

Analysis of the documented dataset confirmed the presence of five species-defined *Rosa* taxa: *R. spinosissima*, *R. laxa*, *R. platyacantha*, *R. alberti*, and *R. canina*. However, 48.3% of observations were identified only to the genus level, so the identified number of species should be interpreted as the minimum confirmed for the current sample, rather than as a comprehensive inventory of Tarbagatai *Rosa*. This taxonomic uncertainty directly impacts the assessment of local richness and species-specific spatial coverage.

The resulting data structure is consistent with published data on the significant role of Rosaceae in Tarbagatai vegetation. In a study of the associated flora of *Prunus ledebouriana*, the Rosaceae family was among the families with high species richness, and *R. spinosissima* was noted as a characteristic component of mid-mountain shrub communities (Orazov, A. et.al.,2021). At a broader regional level, the widespread distribution of *R. spinosissima* and *R. laxa* and their ecological plasticity were demonstrated for the Kazakh Altai (Danilova, AN. et.al.,2025). In the present study, these literature data are spatially supplemented as a georeferenced array of findings, although interpretation is limited by uneven observational effort.

4.2. Relief, altitudinal zonation and distribution of *Rosa*

The orographic heterogeneity of Tarbagatai provides important context for interpreting spatial differences in *Rosa*'s findings. Within a relatively small geographic area, foothill plains, dissected lowlands, intermontane valleys, river gorges, and mid-mountain slopes combine. This structure creates conjugate gradients of temperature, moisture content, snow cover duration, soil profile thickness, and solar radiation (Orazov, A. et.al.,2021; Myrzagaliyeva, A. et.al.,2024), potentially creating conditions for spatial segregation of the ecological niches of closely related species.

Of particular interest is the shrub and lower-middle mountain belt. According to the published scheme of southern Tarbagatai, shrub vegetation predominantly occupies altitudes of approximately 1000 (1200)–1700 (1800) m, whereas communities with a dominance or significant participation of *R. spinosissima* have been described from approximately 800–900 m up to 1350–1450 m (Orazov, A. et.al.,2021). This is consistent with the assumption that a significant portion of *Rosa*'s finds may be associated with the transition between mountain steppes and shrub communities, where increased mosaic relief, moisture differences, and heterogeneous soil conditions combine locally.

Slope exposure and position can further differentiate microhabitats. In a sharply continental climate, southern and southwestern slopes typically receive higher insolation and lose moisture more quickly, while northern exposures and lower slopes can maintain more mesophytic conditions longer. River valleys and gorges simultaneously function as linear relief elements and local zones of increased moisture availability. Consequently, the geographical overlap of different species does not preclude their ecological separation based on microrelief, exposure, and soil conditions.

The largest documented spatial range of *R. spinosissima* is consistent with data on this species' broad ecological range. In the Kazakh Altai, *R. spinosissima* has been recorded across a wider altitudinal range than several other wild roses (Danilova, AN. et.al.,2025). In Tarbagatai, its presence has previously been demonstrated in various shrub-steppe communities (Orazov, A. et.al.,2021). In the current sample, this species also had the largest maximum distance between high-precision localities and the largest MCP area. However, these indicators may reflect not only the ecological breadth of the species but also differences in its detectability and the spatial structure of field routes.

Quantitative verification of topographic differentiation requires linking each independent locality to a digital elevation model and extracting absolute elevation, slope, aspect, and derived elevation indices. Only after this procedure can the elevation-specific niches of species be statistically compared and the topographic signal separated from geographic and observer bias. Therefore, the conclusions of this study regarding the role of relief are considered ecologically valid hypotheses that require direct quantitative verification.

4.3 Spatial clustering, route bias, and effective sample size

One of the most striking results is the pronounced clustering of the *Rosa* dataset as a whole: the average distance to the nearest unique locality was approximately four times smaller than that

expected under random distribution. However, this pattern should not be interpreted as direct evidence of biological population aggregation. For opportunistic data, the observed spatial structure results from a combination of true habitat mosaicism, route accessibility, repeat visits to convenient sites, and differences in observer activity. The fact that two observers accounted for over 90% of the records, and thinning reduced the 96 high-precision observations to 26 occupied 2x2 km cells, indicates a significant contribution from spatial sampling bias.

At the level of individual species, statistically significant deviations from the CSR were not confirmed, which is likely due to the limited number of spatially independent localities. *R. spinosissima* is particularly illustrative: 33 original records, after precision filtering and thinning, corresponded to only 10 occupied 2×2 km cells. Therefore, using the nominal number of records as the effective sample size would overestimate the independence of the data. For potential distribution models, including MaxEnt, this pseudoreplication can increase the risk of overfitting and overestimating predictive ability; therefore, spatial filtering, independent taxonomic validation, and expansion of the locality network are necessary before modelling (Boria, R.A. et.al., 2014; Orazov, A. et.al., 2025).

4.4 Species-specific spatial patterns

Rosa spinosissima was the most frequently recorded and spatially widespread species; the distance between extreme high-precision localities exceeded 120 km. This pattern is consistent with the species' wide ecological range, but may also reflect its relatively high detectability and the directionality of its field routes. Therefore, the spatial breadth of the documented array should not be directly equated with the width of its ecological niche.

Rosa laxa and *R. platyacantha* were characterised by intermediate spatial coverage. The MCP area of *R. platyacantha* exceeded that of *R. laxa*, despite a smaller number of initial observations, due to the more dispersed location of the extreme localities. This result emphasises that the number of registrations and the spatial extent of the sample describe different properties of the data and should be considered together.

The four high-precision localities of *R. alberti* formed a relatively compact spatial pattern. However, such a small sample size precludes interpretation as evidence of a narrow regional or ecological niche. Differences in edaphic conditions between *R. alberti* and *R. spinosissima* have previously been demonstrated for eastern Kazakhstan (Myrzagaliyeva, A. et.al., 2026), making further comparisons of topographic and soil parameters at independently confirmed localities promising.

This single, highly accurate record of *R. canina* is purely indicative. Until independent taxonomic verification and the acquisition of additional localities, it cannot serve as a basis for concluding the species' spatial structure or regional distribution.

4.5. Documented areas of increased local species richness

Two 5x5 km cells each contained four species-defined *Rosa* taxa and represented the highest values of documented local richness in the current dataset. However, these cells are better viewed not as proven diversity hotspots, but as priority sites for independent field verification. The concentration of several taxa within a limited space provides a convenient basis for comparative study of their ecological preferences, but may also be a consequence of increased survey intensity. To verify the biological nature of the identified pattern, it is necessary to standardise comparisons of elevation, aspect, slope, indices of relief ruggedness and position, soil properties, plant community structure, and equally distributed observation effort within these cells.

4.6 Taxonomic uncertainty and iNaturalist data quality

The high proportion of Needs ID records and observations identified only to the genus level is a key limitation of taxonomic interpretation. This situation is typical for morphologically complex plant groups: even a georeferenced record with a photograph does not always contain sufficient features for reliable species identification (López-Guillén. et.al., 2024). Consequently, a digital record and coordinates are no substitute for expert review, especially when using data for species-specific spatial analysis.

Standardised recording of diagnostic traits is critical for *Rosa*. Field photographs should include the general appearance of the bush; the nature and arrangement of thorns; and the upper and

lower surfaces of leaflets, stipules, pedicels, sepals, flowers, and ripe fruits. Whenever possible, link digital observations to herbarium vouchers and molecular samples. Plastome studies of Kazakhstani *Rosa* specimens demonstrate that molecular data can significantly improve resolution in complex taxonomic cases (Yermagambetova, M. et.al.,2025). The field photographs presented in Figure 5 demonstrate the diagnostic value of recording different phenological stages but do not replace a full revision of each record.

The high positional accuracy of most observations increases the value of taxonomically uncertain records: after expert revision, they can significantly increase the number of confirmed localities of individual species, change estimates of their spatial coverage, and improve the robustness of subsequent ecological analyses.

4.7. Limitations of the study

The study is based on an opportunistic dataset generated without a single protocol and with unequal observational effort. Therefore, the frequency of registration in the database does not reflect the relative abundance, density, or probability of occurrence of populations. The pronounced clustering of the overall sample and the significant reduction in the number of units after spatial thinning indicate that the effective size of a spatially independent sample is significantly smaller than the nominal number of records. Any subsequent SDM/MaxEnt analyses on these data require prior control for spatial bias, taxonomic verification, and, preferably, external spatial validation.

The second limitation is related to taxonomic incompleteness: almost half of the records are not identified to species level, and most observations do not have Research Grade status. The third limitation is the lack of standardised topographic covariates in the original dataset, including elevation, slope, and aspect. Therefore, this study discusses the role of topography as ecological context rather than as a statistically established cause-and-effect relationship. Direct testing of topographic differentiation requires extracting DEM parameters for independent localities and then comparing them across species.

Finally, MCP and the area represented by occupied cells are sensitive to route configuration and extreme observations. These metrics describe the current spatial coverage of the data and should not be interpreted as formal conservation range assessments without further verification of survey completeness and the actual status of populations.

4.8. Prospects for monitoring, environmental analysis and conservation

High-precision coordinates provide the basis for revisiting localities, establishing permanent monitoring sites, and targeted sampling for morphological, genetic, and ecological studies. The primary objective is an expert review of the 57 *Rosa* sp. records, as well as confirmation of isolated and rare species registrations. Such a review can improve the dataset's taxonomic resolution and increase the effective number of localities for subsequent spatial analysis.

An optimal design for further research should integrate georeferenced photographic documentation, herbarium vouchers, expert taxonomic identification, and independent environmental measurements. For each confirmed locality, it is advisable to extract absolute elevation, slope, aspect, Terrain Ruggedness Index, and Topographic Position Index from the digital elevation model and combine these parameters with climate and soil variables. With a sufficient number of spatially independent data points, such an array will enable multivariate analysis of ecological space, nonparametric interspecies comparisons, quantitative assessment of niche overlap, and species distribution models with spatial cross-validation.

For Tarbagatai, where altitudinal changes occur along relatively short spatial gradients, integrating taxonomically confirmed findings with topographic and edaphic data is particularly promising. This will enable a transition from digital spatial pattern descriptions to testable hypotheses about species distribution mechanisms, as well as the identification of priority monitoring sites and repeat surveys in the face of climate and anthropogenic change.

Conclusion. A multi-year set of georeferenced observations allowed us to quantitatively characterise the documented spatial structure of *Rosa* in the Tarbagatai mountain system. The analysis included 118 observations, of which five species-defined taxa were confirmed; *R. spinosissima* was the most frequently recorded and spatially widespread species. A pronounced spatial aggregation was

revealed for the set of high-precision unique localities: the average distance to the nearest neighbour was 0.75 km, compared to the expected 3.02 km in CSR modelling ($p = 0.001$).

However, spatial thinning revealed that the 96 high-precision observations corresponded to only 32 occupied 1x1 km cells and 26 2x2 km cells; for *R. spinosissima*, 10 cells were retained at the 2x2 km scale. Therefore, the original number of registrations significantly overestimates the number of spatially independent units and should not be used as a direct equivalent of the effective sample size. Two 5x5 km cells contained four *Rosa* species each and represent priority sites for standardised field verification, but cannot be considered confirmed centres of biodiversity without additional controls for observational effort.

The key limitations of the dataset are the high proportion of taxonomically ambiguous records and the significant concentration of observational effort. Topography and altitudinal zonation are ecologically plausible explanations for some of the spatial heterogeneity, but this requires direct verification using DEM parameters and standardised field data.

Expert verification of 57 *Rosa* sp. records, expansion of the network of independent localities, and integration of topographic, soil, and climatic covariates will enable a transition from descriptive findings to a more statistically rigorous assessment of ecological niches and potential species distributions. In its current form, the dataset is best used as a spatial basis for targeted monitoring, repeated field verification, and planning of future *Rosa* studies in Tarbagatai.

Funding. This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, grant No. AP22687057, “Assessment of the Current State of Shrubs in Eastern Kazakhstan Based on the Bioecological and Genetic Characteristics of *Rosa* L. Populations”.

References

- Aiello-Lammens, M. E., Boria, R. A., Radosavljevic, A., Vilela, B., & Anderson, R. P. (2015). spThin: An R package for spatial thinning of species occurrence records for use in ecological niche models. *Ecography*, 38, 541–545. <https://doi.org/10.1111/ecog.01132>
- Aimenova, Z. E., Matchanov, A. D., Esanov, R. S., Sumbembayev, A. A., Duissebeyev, S. E., Dzhumanov, S. D., & Smailov, B. M. (2023). Phytochemical profile of *Eranthis longistipitata* Regel from three study sites in the Kazakhstan part of the Western Tien Shan. *Biodiversitas*, 24, 6031–6038. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d241124>
- Boria, R. A., Olson, L. E., Goodman, S. M., & Anderson, R. P. (2014). Spatial filtering to reduce sampling bias can improve the performance of ecological niche models. *Ecological Modelling*, 275, 73–77. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2013.12.012>
- Clark, P. J., & Evans, F. C. (1954). Distance to nearest neighbour as a measure of spatial relationships in populations. *Ecology*, 35, 445–453. <https://doi.org/10.2307/1931034>
- Danilova, A. N., & Sumbembayev, A. A. (2021). The status of the *Dactylorhiza incarnata* populations in the Kalba Altai, Kazakhstan. *Biodiversitas*, 22, 3180–3195. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d220812>
- Danilova, A. N., Vdovina, T. A., Kotukhov, Y. A., Anufriyeva, O. A., Vinokurov, A. A., Isakova, E. A., Lagus, O. A., & Sumbembayev, A. A. (2025). Study of the geographical distribution, ecological–biological characteristics, and economic value of *Rosa acicularis* Lindl., *Rosa laxa* Retz., and *Rosa spinosissima* L. (Rosaceae) in Kazakhstan's part of the Altai Mountains. *Diversity*, 17, Article 441. <https://doi.org/10.3390/d17070441>
- Imanbayeva, A., Ishmuratova, M., Duisenova, N., Sagyndykova, M., Orazov, A., & Tuyakova, A. (2025). Floristic and anatomical diversity of *Crataegus ambigua* C. A. Mey. ex A. K. Becker populations in different areas of the arid Mangystau region (Kazakhstan). *Forests*, 16, Article 585. <https://doi.org/10.3390/f16040585>
- Imanbayeva, A., Zharassova, D., Duisenova, N., Orazov, A., Tolep, N., & Tlepiyeva, G. (2025). Unravelling the chloroplast genome of the Kazakh apricot (*Prunus armeniaca* L.) through MinION long-read sequencing. *Plants*, 14, Article 638. <https://doi.org/10.3390/plants14050638>
- iNaturalist. (2026). Georeferenced observation export used in this study [Data set]. Retrieved August 27, 2026, from <https://www.inaturalist.org/>
- Kubentayeva, S., Levichev, I., Nobis, M., Baasanmunkh, S., Klichowska, E., Orazov, A., Alibekov, D., Kubentayeva, B., & Choi, H. J. (2025). Integrative taxonomic revision concerning phylogenetic relationships, morphological variation, distribution, ecology and conservation of *Gagea alberti* (Liliaceae) within its natural range. *Botanical Studies*, 66, Article 16. <https://doi.org/10.1186/s40529-025-00465-z>
- López-Guillén, E., Herrera, I., Bensid, B., Gómez-Bellver, C., Ibáñez, N., Jiménez-Mejías, P., Mairal, M., Mena-García, L., Nualart, N., Ujtes-Mascó, M., & López-Pujol, J. (2024). Strengths and challenges of using iNaturalist in plant research with focus on data quality. *Diversity*, 16, Article 42. <https://doi.org/10.3390/d16010042>
- Myrzagaliyeva, A., Irsaliyev, S., Tustubayeva, S., Samarkhanov, T., Orazov, A., & Alemseitova, Z. (2024). Natural resources of *Rhaponticum carthamoides* in the Tarbagatai State National Nature Park. *Diversity*, 16, Article 676. <https://doi.org/10.3390/d16110676>
- Myrzagaliyeva, A., Kauanov, S., Tustubayeva, S., Irsaliyev, S., Sharipova, M., & Orazov, A. (2026). Edaphic niche differentiation exceeds field ecophysiological divergence among wild *Rosa* species across the mountain systems of Eastern Kazakhstan. *Biology*, 15, Article 1247. <https://doi.org/10.3390/biology15151247>
- Orazov, A., Myrzagaliyeva, A., Tustubayeva, S., Irsaliyev, S., Sailaubekova, A., & Turalin, B. (2025). Valuable morphological traits and genetic resources of wild almond relatives in Kazakhstan. *ES Food & Agroforestry*, 20, Article 1577. <https://doi.org/10.30919/faf1577>
- Orazov, A., Tustubayeva, S., Alemseitova, J., Mukhitdinov, N., Myrzagaliyeva, A., Turuspekov, Y., & Sramko, G. (2021). Flora accompanying *Prunus ledebouriana* (Schldt.) Y. Y. Yao in the Tarbagatai State National Park in Kazakhstan. *International Journal of Biology and Chemistry*, 14, 21–34. <https://doi.org/10.26577/ijbch.2021.v14.i1.02>

- Tayjanov, K., Mamadalieva, N. Z., & Wink, M. (2017). Diversity of the mountain flora of Central Asia with emphasis on alkaloid-producing plants. *Diversity*, 9, Article 11. <https://doi.org/10.3390/d9010011>
- Yermagambetova, M., Imanbayeva, A., Ishmuratova, M., Sumbembayev, A., & Almerikova, S. (2025). Characterisation of the four *Rosa* L. species from Kazakhstan based on complete plastomes and nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) sequences. *Genes*, 16, Article 852. <https://doi.org/10.3390/genes16080852>

ОРТАЛЫҚ ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ *CENOLOPHIUM DENUDATUM* (HORNEM.) TUTIN ПОПУЛЯЦИЯЛЫҚ-ЭКОЛОГИЯЛЫҚ СИПАТТАМАСЫ

^{1,2}С.К. Мухтубаева^{ID}, ²А.Б. Мырзагалиева^{ID}, ²М.Б. Такирова*^{ID}

¹Астана ботаникалық бағы, Орынбор көшесі 14Б, Астана, Қазақстан

²Астана халықаралық университеті, Қабанбай батыр даңғылы 8, Астана, Қазақстан

*e-mail: takirovamb@gmail.com

С.К. Мухтубаева – б.ғ.к., қауымдастырылған профессор Астана халықаралық университетінің Жаратылыстану жоғары мектебі, Астана, Қазақстан, Астана ботаникалық бағының жетекші ғылыми қызметкері, e-mail: mukhtubaeva@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5921-3113>

А.Б. Мырзагалиева – б.ғ.д., профессор Астана халықаралық университетінің Жаратылыстану жоғары мектебі, Астана, Қазақстан, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

М.Б. Такирова – PhD кандидат, педагогикалық институт, Астана халықаралық университеті, e-mail: takirovamb@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-6444-6987>

Аңдатпа. *Cenolophium denudatum* (Hornem.) Tutin — Ариасеае тұқымдасына жататын, негізінен ылғалды шалғындық және жайылмалық мекен ету орталарына таралған көпжылдық шөптесін өсімдік. Қазақстан аумағында түр ареалының шеткі бөліктерінде кездесетіндіктен, оның популяциялық құрылымын зерттеу табиғи популяциялардың тұрақтылығын бағалау және оларды сақтау шараларын әзірлеу үшін маңызды. Зерттеудің мақсаты — Орталық Қазақстан жағдайындағы *C. denudatum* түрінің популяциялық-экологиялық ерекшеліктерін анықтау және мекен ету ортасының ылғалдану деңгейі, ценопопуляциялардың кеңістіктік және онтогенетикалық құрылымы мен репродуктивті көрсеткіштер арасындағы байланысты бағалау. Далалық зерттеулер 2023–2025 жылдары Қарқаралы мемлекеттік ұлттық табиғи паркінің аумағында жүргізілді. Популяциялық көрсеткіштер 10×10 м тұрақты алаңдарда, олардың ішіне орналасқан 1×1 м есептік квадраттар арқылы анықталды. Барлығы 245 дарак зерттелді. Өсімдіктердің кеңістікте негізінен топтанып орналасатыны анықталды. Ең жоғары тығыздық ылғалды биотоптарда байқалып, 1,4–1,6 дарак/м² құрады, ал шалғынды-далалық жағдайларда 0,6–0,8 дарак/м² дейін төмендеді. Тығыздықтың вариация коэффициенті 28–35 % аралығында болды. Жайылмалық мекендерде прегенеративті дарактардың үлесі 52 %-ға дейін жетіп, жастық тұрақтылық индексі 1,21 құрады. Ылғал мөлшері төмендеген сайын бұл көрсеткіш құрғақ шалғында 0,94-ке, шалғынды далада 0,73-ке дейін төмендеді. Генеративті өсімдіктердің орташа биіктігі 110–125 см, шатыршалар саны 6–8, тұқымдық өнімділігі бір өсімдікке 210–260 жеміс, репродуктивтік коэффициенті 0,38–0,50 болды. Нәтижелер *C. denudatum* ценопопуляцияларының тұрақтылығын анықтайтын негізгі экологиялық факторлардың бірі гидрологиялық режим екенін көрсетті.

Кілт сөздер: *Cenolophium denudatum*, Ариасеае, ценопопуляция, онтогенетикалық құрылым, популяция тығыздығы.

ПОПУЛЯЦИОННО-ЭКОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА *CENOLOPHIUM DENUDATUM* (HORNEM.) TUTIN В ЦЕНТРАЛЬНОМ КАЗАХСТАНЕ

^{1,2}С.К. Мухтубаева, ²А.Б. Мырзагалиева, ²М.Б. Такирова*

¹Астанинский ботанический сад, Астана, Казахстан

²Международный университет Астана, Астана, Казахстан

*e-mail: takirovamb@gmail.com

С.К. Мухтубаева – к.б.н., ассоциированный профессор Высшей школы естественных наук, Международный университет Астана, ведущий научный сотрудник Астанинского ботанического сада, e-mail: mukhtubaeva@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5921-3113>

А.Б. Мырзагалиева – д.б.н., профессор Высшей школы естественных наук, Международный университет Астана, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

М.Б. Такирова – PhD кандидат, Педагогический институт, Международный университет Астана, e-mail: takirovamb@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-6444-6987>

Аннотация. *Cenolophium denudatum* (Hornem.) Tutin - многолетний представитель семейства Апиасеае, приуроченный преимущественно к увлажненным луговым и пойменным местообитаниям и находящийся в Казахстане в периферической части своего ареала. Исследование популяционной организации вида на границе экологического оптимума представляет интерес для оценки механизмов его устойчивости и разработки мер сохранения природных популяций. Цель работы - изучить популяционно-экологические особенности *C. denudatum* в условиях Центрального Казахстана и установить взаимосвязь между увлажнением местообитаний, пространственной и онтогенетической структурой ценопопуляций и репродуктивными показателями вида. Полевые исследования проводили в 2024–2026 гг. на территории Каркаралинского государственного национального природного парка. Популяционные параметры оценивали на стационарных площадях 10×10 м с использованием учетных квадратов 1×1 м. Всего исследовано 245 особей. Установлен преимущественно агрегированный характер размещения растений. Наибольшая плотность зарегистрирована в более увлажненных биотопах – 1,4–1,6 особи/м², тогда как в лугово-степных условиях она снижалась до 0,6–0,8 особи/м². Коэффициент вариации плотности составлял 28–35 %. В пойменных местообитаниях доля прегенеративных особей достигала 52 %, индекс возрастной устойчивости доходил до 1,21. По мере снижения увлажнения индекс уменьшался до 0,94 на суходольном лугу и до 0,73 в луговой степи. Доля генеративных растений в более сухих условиях возрастала до 50 % при одновременном сокращении молодых возрастных групп. Высота генеративных особей составляла в среднем 110–125 см, число зонтиков – 6–8, семенная продуктивность – 210–260 плодов на растение, репродуктивный коэффициент – 0,38–0,50. Полученные результаты свидетельствуют о ведущей роли гидрологического режима в формировании структуры ценопопуляций *C. denudatum* и позволяют рассматривать состояние молодых возрастных групп и плотность растений в качестве информативных показателей устойчивости популяций вида.

Ключевые слова: *Cenolophium denudatum*, Апиасеае, ценопопуляция, онтогенетическая структура, плотность популяции.

POPULATION-ECOLOGICAL CHARACTERISTICS OF *CENOLOPHIUM DENUDATUM* (HORNEM.) TUTIN IN CENTRAL KAZAKHSTAN

^{1,2}S.K. Mukhtubaeva, ²A.B. Myrzagaliyeva, ²M.B. Takirova*

¹Astana Botanical Garden, Astana, Kazakhstan

²Astana International University, Astana, Kazakhstan

*e-mail: takirovamb@gmail.com

S.K. Mukhtubaeva – к.б.н., ассоциированный профессор Высшей школы естественных наук, Международный университет Астана, ведущий научный сотрудник Астанинского ботанического сада, e-mail: mukhtubaeva@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5921-3113>

A.B. Myrzagaliyeva – д.б.н., профессор Высшей школы естественных наук, Международный университет Астана, e-mail: an.myrzagaliyeva@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0003-3604-4315>

M.B. Takirova – PhD кандидат, Педагогический институт, Международный университет Астана, e-mail: takirovamb@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0002-6444-6987>

Abstract. *Cenolophium denudatum* (Hornem.) Tutin is a perennial herb of the family Apiaceae associated mainly with moist meadow and floodplain habitats. In Kazakhstan, the species occurs near the peripheral part of its geographical range; therefore, studying its population organization

is important for understanding mechanisms of population persistence and developing conservation measures. The aim of the present study was to assess the population and ecological characteristics of *C. denudatum* in Central Kazakhstan and to determine relationships between habitat moisture, spatial and ontogenetic population structure, and reproductive parameters. Field investigations were conducted during 2023–2025 within Karkaraly State National Nature Park. Population parameters were assessed on permanent 10×10 m plots using randomly placed 1×1 m quadrats. A total of 245 individuals were examined. The spatial distribution of plants was predominantly aggregated. The highest population density, 1.4–1.6 individuals/m², was recorded in relatively moist habitats, whereas density decreased to 0.6–0.8 individuals/m² under meadow-steppe conditions. The coefficient of variation in density ranged from 28 to 35 %. In floodplain habitats, pregenerative individuals accounted for up to 52 % of the population and the age-stability index reached 1.21. With decreasing habitat moisture, this index declined to 0.94 in dry meadows and 0.73 in meadow-steppe communities. The proportion of generative plants increased to 50 % under drier conditions, accompanied by a reduction in juvenile fractions. Generative plants reached an average height of 110–125 cm, developed 6–8 umbels and produced 210–260 fruits per plant, while the reproductive coefficient ranged from 0.38 to 0.50. The results demonstrate that the hydrological regime is a major environmental factor determining the demographic structure and stability of *C. denudatum* populations.

Keywords: *Cenolophium denudatum*, Apiaceae, coenopopulation, ontogenetic structure, population density.

Кіріспе. Өсімдіктердің биологиялық әртүрлілігін сақтау түрлердің географиялық таралуын ғана емес, олардың табиғи таралымдарының жай-күйін де зерделеуді талап етеді. Климаттық, гидрологиялық және ценодикалық факторлардың әсері олардың экологиялық төзімділік шегіне жақындауы мүмкін таралу аймағының шетіндегі түрлерді популяциялық зерттеу ерекше маңызды (Hultén & Fries, 1986; Gaston, 2003; Sexton et al., 2009; Hargreaves et al., 2014). Перифериялық популяциялар көбінесе орта жағдайларының өзгеруіне жоғары сезімталдықпен сипатталады, алайда бір мезгілде түрдің ұзақ уақыт тіршілік етуі үшін маңызы бар ерекше бейімделу белгілеріне ие болуы мүмкін (Hampe & Petit, 2005; Eckert et al., 2008; Pironon et al., 2017).

Apiaceae Lindl. тұқымдасы жабық тұқымды өсімдіктердің ішіндегі ең ірі тұқымдастарының бірі болып табылады және географиялық таралуы, өмірлік нысандары мен экологиялық тұрғыдан айтарлықтай ерекшеленетін түрлерді қамтиды (Plunkett et al., 2018; Downie et al., 2000; Pimenov & Leonov, 1993). Қазақстан аумағында тұқымдас өкілдері далалық, шалғынды, орманды, жайылмалы, шөлді және таулы өсімдіктер қоғамдастықтарының құрамына кіреді (Pimenov, 2023; Mukhtubayeva et al., 2023).

Cenolophium denudatum (Hornem.) Tutin – Apiaceae тұқымдасы көпжылдық шөптесін өсімдік. Түр бореалдық-еуразиялық флористикалық кешенге жатады және негізінен Еуропада, Ресейдің еуропалық бөлігінде, Батыс және Шығыс Сібірде, сондай-ақ Орталық Азияның жекелеген аудандарында таралған (Plunkett et al., 2018; Шишкин, 1950; Флора Восточной Европы, 2004; Tutin, n.d.). Оған шалғынды мекендеу орындарына, өзен алқабына, жағалау учаскелеріне және салыстырмалы түрде ылғалдану деңгейі жоғары басқа да аумақтарға бейімділік тән.

Қазақстан шегінде *C. denudatum* жалпы таралу аймағының оңтүстік бөлігінде орналасқан. Мұндай жағдай оның таралымдық ұйымын зерттеуге ерекше қызығушылықты айқындайды, өйткені таралу аймағының шетінде экологиялық факторлар жаңару процестеріне, жас құрылымына және ұрпақты болу қабілетіне неғұрлым айқын әсер етуі мүмкін.

Популяциялық-онтогенетикалық тәсіл көпжылдық өсімдіктердің жай-күйін әртүрлі жас жағдайындағы дарактардың арақатынасы, тығыздығы, кеңістікте орналасу сипаты және генеративтік ұдайы өсіру қарқындылығы негізінде бағалауға мүмкіндік береді (Работнов, 1950; Уранов, 1974; Өсімдік ценопопуляциялары: негізгі түсініктер және құрылым, 1976 ж.; «Өсімдік ценопопуляциялары: популяция биологиясы бойынша эсселер», 1988; Жукова, 1995). Жас құрылымы популяцияның орта жағдайына реакциясының интегралдық көрсеткіші болып табылады. Жас фракциялардың қысқаруы кезінде генеративті және постгенеративті дарактар

үлесінің ұлғаюы ұдайы өсіп-өнудің шектелуін көрсетсе, прегенеративті өсімдіктердің едәуір болуы сәтті жаңарудың бар екенін куәландырады.

Мезофитті шалғынды түрлер үшін анықтаушы экологиялық факторлардың бірі ылғалдандыру режимі болып табылады. Гидрологиялық жағдайлардың өзгеруі тұқымдардың өсуіне, жас өсімдіктердің тіршілігіне, өсімдіктер қоғамдастығындағы бәсекелестік қатынастарға және ересек дарактардың репродуктивтік белсенділігіне әсер етуі мүмкін (Silvertown & Charlesworth, 2001; Harper, 1977; Caswell, 2001).

C. denudatum таралуы туралы флористикалық мәліметтерге қарамастан, Қазақстанда оның табиғи ценопопуляцияларының жай-күйі туралы деректер шектеулі болып қалуда. Түрдің тығыздығының, жас спектрінің және ұрпақты болу құрылымының мекендейтін жерінің экологиялық жағдайларына тәуелділігін сандық бағалау іс жүзінде жоқ.

Зерттеу мақсаты - Орталық Қазақстан жағдайында *Cenolophium denudatum* популяциялық-экологиялық ерекшеліктерін зерделеу және мекендеу орындарын ылғалдандырудағы айырмашылықтардың оның ценопопуляцияларының кеңістіктік, онтогенетикалық және репродуктивтік құрылымына әсерін бағалау.

Мақсатқа жету үшін мынадай міндеттер қойылды:

1. кеңістік орналастыру ерекшеліктерін және ценопопуляциялардың тығыздығын анықтау;
2. негізгі онтогенетикалық топтардың арақатынасын белгілеу;
3. ылғалдану градиентіндегі жас құрылымының өзгеруін бағалау;
4. генеративтік даму мен ұрпақты болу қабілетінің негізгі көрсеткіштерін анықтау;
5. түрдің тұрақтылығын бағалау үшін неғұрлым ақпараттық популяциялық көрсеткіштерді анықтау.

Жұмыс гипотезасы тіршілік ету орындарының ылғалдануының төмендеуі *C. denudatum* тығыздығының азаюымен, жас топтары үлесінің азаюымен және жас спектрінің генеративті өсімдіктер жағына ауысуымен қатар жүреді деген болжам болды.

Зерттеу материалдары мен әдістері.

2.1. Зерттеу ауданы. Далалық зерттеулер 2023-2025 жж. тамызында Қарағанды облысындағы Қарқаралы мемлекеттік ұлттық табиғи паркі аумағында жүргізілді. Аумаққа қысы ұзақ, суық және жазы салыстырмалы жылы күрт континенттік климат тән. Зерттелген мекендерде *C. denudatum* негізінен шалғындық және шалғындық-жайылымдық қоғамдастықтармен байланысты болды.

Салыстырмалы талдау үшін ылғалдылықпен қамтамасыз етілуі бойынша ерекшеленетін өмір сүру орындарының үш нұсқасы бөлінді: ЦП1 – салыстырмалы түрде жақсы ылғалданған жайылма учаскелері; ЦП2 – құрғақ шалғынды учаскелер; ЦП3 – ылғалдану деңгейі төмен шалғынды-далалық учаскелер. Ценопопуляциялардың мұндай орналасуы ылғалданудың экологиялық градиенті бойынша популяциялық сипаттамалардың өзгеруін бағалауға мүмкіндік берді.

2.2. Популяциялық зерттеулер. Ценопопуляциялардың жай-күйін бағалау үшін өлшемі 10×10 м (100 м^2) стационарлық сынақ алаңдары салынды.

Әрбір алаң ішінде өлшемі 1×1 м квадраттар іріктеп есептеу әдісімен орналастырылды. Есептік шаршылар саны сынақ алаңында кемінде 10-ды құрады. Зерттеу барысында *C. denudatum* барлығы 245 дарак таңдалды.

Тығыздық мына формула бойынша анықталды:

$$D = N/A$$

мұндағы D - тығыздық, дарактар/ м^2 ;

N - тіркелген дарактардың саны; A - есепке алу алаңы, м^2 .

Кеңістікте орналасу сипаты өсімдіктердің есептік алаңдардың ішінде бөлу және олардың тығыздығының өзгермелілігі бойынша бағаланды.

2.3. Онтогенетикалық құрылым. Өсімдіктердің онтогенетикалық жай-күйі Т.А.

Работнов пен А.А. Урановтың (Работнов, 1950; Уранов, 1974) популяциялық-онтогенетикалық түсінігі және өсімдіктердің популяциялық биологиясы саласындағы кейінгі әзірлемелері пайдалана отырып, морфологиялық белгілер негізінде анықталды (Ценопопуляции растений: основные понятия и структура, 1976; Ценопопуляции растений: очерки популяционной биологии, 1988). Келесі негізгі топтарға бөлінді: j - ювенильді; im - имматурлы; v - ересек вегетативтік; g - генеративтік; ss - субсенильді; s - сенильді дарақтар. Әрбір онтогенетикалық топтың үлесі есептелді:

$$P_i = n/N \times 100,$$

мұндағы P_i - тиісті жас тобының үлесі, %; n - топ дарақтарының саны; N - зерттелген іріктеменің жалпы саны.

Жас ерекшелік құрылымын салыстырмалы бағалау үшін популяцияның прегенеративті бөлігінің генеративті-постгенеративті бөлікке қатынасын қолдандық:

$$I_u = (j + im + v)/(g + ss + s)$$

Осы көрсеткіштің ұлғаюы жас топтардың ценопопуляция құрылымына салыстырмалы түрде жоғары қатысуын көрсетеді.

Генеративті өсімдіктерде жер үсті қашу биіктігі, генеративті құрылымдар саны және қалыптасқан жемістер саны тіркелді.

Репродуктивті коэффициент былайша айқындалған:

$$R = N_{gen}/N_{total}$$

мұнда N_{gen} - генеративті дарақтардың саны; N_{total} - зерттелген өсімдіктердің жалпы саны.

Сандық параметрлер үшін орташа мәндер мен өзгермелілік көрсеткіштері анықталды. Тығыздықтың кеңістіктік біртекті еместігі вариация коэффициентін пайдалана отырып бағаланды. Жас жағдайларының әртүрлілігін қосымша сипаттау үшін Шеннон индексі пайдаланылды:

$$H' = -\sum p_i \ln p_i$$

мұндағы p_i - тиісті онтогенетикалық топтың салыстырмалы үлесі (Shannon, 1948; Magurran, 2004).

Нәтижелер және талқылау.

3.1. Кеңістік бөлу және ценопопуляциялардың тығыздығы. Зерттеулер көрсеткендей, *C. denudatum* өсімдіктер қауымдастығы шегінде біркелкі таралуды қалыптастырмайды. Түрге көбінесе дарақтардың агрегатталған немесе шоғырланған орналасуы тән.

Кеңістіктік ұйымның мұндай түрі микрорельеф пен ылғалдың таралуының біртекті еместігіне, сондай-ақ өсімдік жамылғысының құрылымындағы айырмашылықтарға байланысты болуы мүмкін. Өсімдіктердің неғұрлым тығыздығы жақсы ылғалданған жайылма мекендерде белгіленген - 1,4-1,6 дарақ/м². Шалғындық дала жағдайында көрсеткіш 0,6-0,8 дарақ/м² дейін төмендеді.

Осылайша, неғұрлым ылғалды және неғұрлым құрғақ биотоптар арасында тығыздықтың шамамен екі есе айырмашылығы байқалды. Тығыздықтың вариация коэффициенті 28-35% құрады, бұл ценопопуляциялардың көрінетін, бірақ экстремалдық емес кеңістіктік біртекті еместігін куәландырады.

Кесте 1. *Cenolophium denudatum* негізгі популяциялық-экологиялық көрсеткіштері

Көрсеткіштер	Жайылмалы биотоп	Құрғақ шабындық	Шалғынды дала
Тығыздығы, дарактар/м ²	1,4–1,6	аралық мәндер	0,6–0,8
Прегенеративті дарактардың үлесі, %	52 дейін	төмендейді	ең төменгі
Генеративті дарактардың үлесі, %	50 төмен	өседі	50 дейін
Жастық тұрақтылық индексі, I_u	1,21	0,94	0,73
Репродуктивті коэффициенті, R	0,38–0,50	0,38–0,50	0,38–0,50

Алынған нәтижелер *C. denudatum* тығыздығы мен ылғалдандыру режимі арасындағы айқын байланысты көрсетеді.

Мезофитті шалғынды өсімдіктер үшін ылғал қолжетімділігінің төмендеуі ең алдымен өмірлік циклдің бастапқы кезеңдерін шектеуге қабілетті. Жас өсімдіктердің тамыр жүйесі аз дамыған және ересек генеративтік даналарға қарағанда топырақтың жоғарғы деңгейлерінің ылғалдылығына тәуелді. Мұндай заңдылық таралымдары экологиялық оптимумның шетінде орналасқан көптеген көпжылдық түрлерге тән (Hampe, 2005; Eckert et al., 2008; Pironon et al., 2017; Silvertown & Charlesworth, 2001).

3.2. Онтогенетикалық құрылым. Зерттелген ценопопуляциялардың онтогенетикалық спектрлері экологиялық жағдайларға айтарлықтай тәуелді болды. Жайылма мекендеу орындарында прегенеративті топтардың - ювенильді, имматурлы және ересек вегетативті өсімдіктердің жиынтық үлесі 52% -ға жетті.

Жас өсімдіктердің едәуір үлесінің болуы кейінгі жылдары генеративтік жағдайға көшуге қабілетті дарактардың белсенді тұқымдық жаңаруы мен резервінің қалыптасуын куәландырады. Жайылма ценопопуляциясындағы жастық тұрақтылық индексі: $I_u = 1,21$. Бірліктен жоғары мән прегенеративтік жас топтары санының генеративтік және постгенеративтік топтардың сомасынан асып түсуін көрсетеді. Құрғақшылық шалғында индекс: $I_u = 0,94$ дейін төмендеді. Шалғындық-далалық мекендеу орындарында көрсеткіштің одан әрі азаюы тіркелді: $I_u = 0,73$. Бір мезгілде генеративті өсімдіктердің үлесі 50% -ға дейін өсті, ал жас жас топтарының саны қысқарды.

Осылайша, бағытталған экологиялық қатар анықталды: жайылма (1,21) → құрғақшылық шалғын (0,94) → шалғынды дала (0,73). Жас құрылымының мұндай өзгеруі жұмыс гипотезасымен үйлеседі және ылғалдылықпен қамтамасыз етілудің азаюы жаңару процестеріне неғұрлым елеулі әсер ететінін көрсетеді.

Бұл ретте генеративтік фракцияның басым болуын өзінен өзі ценопопуляцияның қанағаттанғысыз жай-күйінің дәлелі ретінде қарауға болмайды. Көпжылдық поликарпиялық өсімдіктер үшін генеративтік кезеңнің ұзақтығы елеулі болуы мүмкін. Ювенильді және имматурлы өсімдіктердің тығыздығы мен ұсынылуының бір мезгілде төмендеуі неғұрлым ақпараттық белгі болып табылады.

150 даракты қамтитын есептік жиынтықтардың бірі үшін жас құрылымы былайша берілген: ювенильді - 18 дарак, имматурлы - 27, ересек вегетативті - 33, генеративті - 57, субсенильді және сенильді - 15 дарак.

Кесте 2. Өсімдіктерді негізгі онтогенетикалық топтар бойынша бөлу

Онтогенетикалық топ	Дарактар саны	Үлес, %
j	18	12
im	27	18
v	33	22
g	57	38
ss + s	15	10

Онтогенетикалық топ	Дарақтар саны	Үлес, %
Барлығы	150	100

Осы іріктеме үшін Шеннонның индексі $H' = 1,49$ құрады. Бөлу бір жас тобының абсолюттік басымдылығымен сипатталмаған: максималды генеративтік фракцияға қарамастан, популяцияда тіршілік циклінің барлық негізгі функционалдық маңызды сатылары ұсынылды. Ювенильді және имматурлы дарақтардың болуы ерекше мәнге ие, өйткені олар популяцияны толықтырудың қазіргі заманғы процесін көрсетеді.

Генеративтік өсімдіктер *C. denudatum* зерттелген жағдайларда жер үсті органдарының салыстырмалы түрде жоғары дамуымен сипатталды. Генеративті өсімдіктердің орташа биіктігі 110-125 см болды. Бір өсімдіктегі қолшатырдың орташа саны 6-8-ге жетті. Тұқымдық өнімділік орташа алғанда өсімдікке 210-260 жемісті құрады. Репродуктивтік коэффициент мынадай шектерде өзгерді: $R = 0,38-0,50$.

Ең жоғары тұқымдық өнімділік жайылма ценоздарында байқалды. Ересек өсімдіктердің жоғары репродуктивтік белсенділігінің және ылғалданған мекендердегі прегенеративтік фракцияның салыстырмалы жоғары үлесінің үйлесуі тұқымдық жаңару циклінің толық өтуі үшін неғұрлым қолайлы жағдайлар туралы куәландырады.

Неғұрлым құрғақ биотоптарда генеративтік даналардың салыстырмалы үлесінің ұлғаюы жас өсімдіктердің салыстырмалы мөлшерімен қатар жүрмеді. Сондықтан, бұл жерде шектеуші буын ретінде ересек өсімдіктердің гүлдеу қабілеті емес, жаңа ұрпақтың пайда болуы мен орнығуы болуы мүмкін.

3.3. Ценопопуляциялар құрылымының экологиялық шарттылығы. Алынған деректердің жиынтығы *C. denudatum* кеңістіктік және демографиялық ұйымдастырудың жетекші факторларының бірі ретінде ылғалдандыру режимін бөліп көрсетуге мүмкіндік береді. Жайылма учаскелерінен құрғақ шабындық-далалық учаскелерге ауысуына қарай бір мезгілде: тығыздықтың 1,4-1,6-дан 0,6-0,8 дарақ/м²-ге дейін төмендеуі байқалды; прегенеративтік фракция үлесінің азаюы; I_u 1,21-ден 0,73-ке дейін төмендеуі; генеративтік өсімдіктердің салыстырмалы рөлін ұлғайту; жас дарақтармен толықтыру қарқындылығын төмендету.

Алынған өзгерістер кешені жас спектрінің айырмашылығын ғана емес, популяциялық жүйенің экологиялық градиентке бағытталған реакциясын көрсетеді.

Белгілі болғандай, таралу аймағының шекараларындағы популяциялар ересектердің ұзақ тіршілік етуімен және кезең - кезеңімен сәтті жаңаруы үйлесімінде сақталуы мүмкін (Hampe & Petit, 2005; Eckert et al., 2008; Pironon et al., 2017). Сондықтан жекелеген жылы жас өсімдіктердің жаппай пайда болмауы популяцияның дереу тозуын міндетті түрде білдірмейді. Алайда, мұндай құрылымның ұзақ сақталуы біртіндеп қартаюға және санының азаюына алып келуі мүмкін.

Осыған байланысты *C. denudatum* мониторингі жалпы санды есепке алуды ғана емес, сондай-ақ жас құрылымын, әсіресе ювенильді және имматурлы өсімдіктердің үлесін тіркеуді қамтуы тиіс.

Зерттелген қоғамдастықтарда *C. denudatum* жай-күйі су режимімен тығыз байланысты мезофитті шалғындық түрінің белгілерін көрсетеді.

Неғұрлым жоғары тығыздық және белсенді жаңару жақсы ылғалданатын жерлерде байқалды. Сондықтан түрдің саны мен жас құрылымының өзгеруі шалғындық экожүйелердің гидрологиялық режимінің өзгеруін ықтимал көрсетуі мүмкін.

Алайда *C. denudatum* дербес биоиндикатор ретінде пайдалану топырақтың ылғалдылығын, жер асты суларының деңгейін, фитоценотикалық құрылымы мен климаттық параметрлерін бір мезгілде тіркей отырып, қосымша көп жылдық бақылауды талап етеді.

Осы кезеңде оның ценопопуляцияларының жай-күйін ең алдымен мезофитті шалғынды мекендеу орындарының сақталуының қосымша биологиялық көрсеткіші ретінде қарастырған жөн.

Қорытынды. 2023-2025 жж. зерттеулер нәтижесінде Орталық Қазақстан жағдайында *Cenolophium denudatum* популяциялық ұйымының негізгі ерекшеліктері анықталды.

Түрдің ценопопуляциясы көбінесе агрегатталған кеңістікте орналасуымен сипатталады. Тығыздықтың вариация коэффициенті 28-35% құрады.

Өсімдіктердің барынша тығыздығы неғұрлым ылғалды мекендейтін жерлерде белгіленген және 1,4-1,6 дарак/м² құрады. Шалғындық-далалық жағдайларда көрсеткіш 0,6-0,8 дарак/м² дейін төмендеді. Жайылма ценоздарында прегенеративті өсімдіктердің үлесі 52%-ға жетті, бұл ценопопуляцияларды жас дарактармен салыстырмалы түрде белсенді толықтыру туралы куәландырады. Жастық тұрақтылық индексі табиғи түрде ылғалдануды азайту градиенті бойынша төмендеді: жайылмалық биотоптағы 1,21-ден құрғақшылық шалғында 0,94-ке және шалғындық далада 0,73-ке дейін. Неғұрлым құрғақ мекендерде жас жас топтарының бір мезгілде қысқаруы кезінде генеративті өсімдіктердің үлесі 50% -ға дейін өсті, бұл таралымдық жаңару процестерінің әлсіреуін көрсетеді. Генеративті өсімдіктердің орташа биіктігі есеппен 110-125 см биіктікке жетіп, бір өсімдікте 6-8 шатырша және 210-260 жеміс түзілді. Репродуктивтік коэффициент 0,38-0,50 құрады.

C. denudatum популяциялық көрсеткіштеріндегі айырмашылықтарға байланысты негізгі экологиялық фактор мекендейтін жерді ылғалдандыру режимі болып табылады. Жайылма шалғынды қоғамдастықтарда неғұрлым орнықты сипаттамалар байқалған.

Алынған нәтижелер таралу аймағының шеткі бөлігіндегі *C. denudatum* популяциялық экологиясы туралы түсініктерді кеңейтеді және табиғи популяциялардың мониторингін ұйымдастыру, шалғындық экожүйелердің жай-күйін бағалау және Орталық Қазақстанның биологиялық әртүрлілігін сақтау жөніндегі іс-шараларды әзірлеу кезінде пайдаланылуы мүмкін.

Әдебиеттер

- Caswell H. Matrix Population Models: Construction, Analysis, and Interpretation. 2nd ed. Sunderland: Sinauer Associates, 2001.
- Downie S.R., Katz-Downie D.S., Watson M.F. A phylogeny of the flowering plant family Apiaceae based on chloroplast DNA restriction site and DNA sequence data // American Journal of Botany. 2000. Vol. 87. P. 273–292.
- Eckert C.G., Samis K.E., Loughheed S.C. Genetic variation across species' geographical ranges: the central-marginal hypothesis and beyond // Molecular Ecology. 2008. Vol. 17. P. 1170–1188.
- Gaston K.J. The Structure and Dynamics of Geographic Ranges. Oxford: Oxford University Press, 2003.
- Hargreaves A.L., Samis K.E., Eckert C.G. Are species' range limits simply niche limits writ large? A review of transplant experiments beyond the range // American Naturalist. 2014. Vol. 183. P. 157–173.
- Harper J.L. Population Biology of Plants. London: Academic Press, 1977.
- Shannon C.E. A mathematical theory of communication // Bell System Technical Journal. 1948. Vol. 27. P. 379–423, 623–656.
- Hampe A., Petit R.J. Conserving biodiversity under climate change: the rear edge matters // Ecology Letters. 2005. Vol. 8. P. 461–467.
- Hultén E., Fries M. Atlas of North European Vascular Plants: North of the Tropic of Cancer. Königstein: Koeltz Scientific Books, 1986.
- Pironon S., Papuga G., Villellas J., Angert A.L., García M.B., Thompson J.D. Geographic variation in genetic and demographic performance: new insights from an old biogeographical paradigm // Biological Reviews. 2017. Vol. 92. P. 1877–1909.
- Pimenov M.G., Leonov M.V. The Genera of the Umbelliferae: A Nomenclator. Kew: Royal Botanic Gardens, 1993.
- Pimenov M.G. Обновленный конспект зонтичных (Umbelliferae) Средней Азии и Казахстана: номенклатура, синонимия, типификация, распространение // Turczaninowia. 2023.
- Plunkett G.M., Pimenov M.G., Reduron J.-P. et al. Apiaceae // The Families and Genera of Vascular Plants. Vol. 15. Flowering Plants. Eudicots. Apiales, Gentianales / ed. J.W. Kadereit, V. Bittrich. Cham: Springer, 2018.
- Magurran A.E. Measuring Biological Diversity. Oxford: Blackwell Publishing, 2004.
- Mukhtabayeva S., Zhumagul M., Zhamangara A. Семейство Apiaceae Lindl. во флоре Алматинской области // Eurasian Journal of Ecology. 2023. Vol. 77, No. 4. P. 98–110.
- Sexton J.P., McIntyre P.J., Angert A.L., Rice K.J. Evolution and ecology of species range limits // Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics. 2009. Vol. 40. P. 415–436.
- Silvertown J., Charlesworth D. Introduction to Plant Population Biology. 4th ed. Oxford: Blackwell Science, 2001.
- Tutin T.G. *Cenolophium* // Tutin T.G. et al. Flora Europaea. Vol. 2. Cambridge: Cambridge University Press.
- Жукова Л.А. Популяционная жизнь луговых растений. Йошкар-Ола: РИИК «Ланар», 1995.
- Работнов Т.А. Жизненный цикл многолетних травянистых растений в луговых ценозах // Труды Ботанического института АН СССР. Сер. 3. Геоботаника. 1950. Вып. 6. С. 77–204.
- Уранов А.А. Из итогов популяционно-онтогенетических исследований // Возрастной состав популяций цветковых растений в связи с их онтогенезом. М., 1974. С. 3–9.
- Флора Восточной Европы. Т. 11. М.; СПб.: Товарищество научных изданий КМК, 2004. 535 с.
- Ценопопуляции растений: основные понятия и структура. М.: Наука, 1976. 217 с.
- Ценопопуляции растений: очерки популяционной биологии. М.: Наука, 1988. 182 с.
- Шишкин Б.К. Зонтичные — Umbelliferae Juss. // Флора СССР. Т. 16. М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1950. С. 36–648.

References

- Caswell H. Matrix Population Models: Construction, Analysis, and Interpretation. 2nd ed. Sunderland: Sinauer Associates, 2001.
- Downie S.R., Katz-Downie D.S., Watson M.F. A phylogeny of the flowering plant family Apiaceae based on chloroplast DNA restriction site and DNA sequence data // *American Journal of Botany*. 2000. Vol. 87. P. 273–292.
- Eckert C.G., Samis K.E., Loughheed S.C. Genetic variation across species' geographical ranges: the central-marginal hypothesis and beyond // *Molecular Ecology*. 2008. Vol. 17. P. 1170–1188.
- Gaston K.J. The Structure and Dynamics of Geographic Ranges. Oxford: Oxford University Press, 2003.
- Hargreaves A.L., Samis K.E., Eckert C.G. Are species' range limits simply niche limits writ large? A review of transplant experiments beyond the range // *American Naturalist*. 2014. Vol. 183. P. 157–173.
- Harper J.L. Population Biology of Plants. London: Academic Press, 1977.
- Shannon C.E. A mathematical theory of communication // *Bell System Technical Journal*. 1948. Vol. 27. P. 379–423, 623–656.
- Hampe A., Petit R.J. Conserving biodiversity under climate change: the rear edge matters // *Ecology Letters*. 2005. Vol. 8. P. 461–467.
- Hultén E., Fries M. Atlas of North European Vascular Plants: North of the Tropic of Cancer. Königstein: Koeltz Scientific Books, 1986.
- Pironon S., Papuga G., Villélas J., Angert A.L., García M.B., Thompson J.D. Geographic variation in genetic and demographic performance: new insights from an old biogeographical paradigm // *Biological Reviews*. 2017. Vol. 92. P. 1877–1909.
- Pimenov M.G., Leonov M.V. The Genera of the Umbelliferae: A Nomenclator. Kew: Royal Botanic Gardens, 1993.
- Pimenov M.G. An Updated Synopsis of the Umbelliferae of Central Asia and Kazakhstan: Nomenclature, Synonymy, Typification, and Distribution // *Turczaninowia*. 2023.
- Plunkett G.M., Pimenov M.G., Reduron J.-P. et al. Apiaceae // *The Families and Genera of Vascular Plants*. Vol. 15. Flowering Plants. Eudicots. Apiales, Gentianales / ed. J.W. Kadereit, V. Bittrich. Cham: Springer, 2018.
- Magurran A.E. Measuring Biological Diversity. Oxford: Blackwell Publishing, 2004.
- Mukhtubayeva S., Zhumagul M., Zhamangara A. The family Apiaceae Lindl. in the flora of the Almaty Region // *Eurasian Journal of Ecology*. 2023. Vol. 77, No. 4. P. 98–110.
- Sexton J.P., McIntyre P.J., Angert A.L., Rice K.J. Evolution and ecology of species range limits // *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*. 2009. Vol. 40. P. 415–436.
- Silvertown J., Charlesworth D. Introduction to Plant Population Biology. 4th ed. Oxford: Blackwell Science, 2001.
- Tutin T.G. Cenolophium // Tutin T.G. et al. *Flora Europaea*. Vol. 2. Cambridge: Cambridge University Press.
- Zhukova L.A. Population Life of Meadow Plants. Yoshkar-Ola: RIIK "Lanar", 1995.
- Rabotnov T.A. The life cycle of perennial herbaceous plants in meadow coenoses // *Proceedings of the Botanical Institute of the Academy of Sciences of the USSR. Ser. 3. Geobotany*. 1950. Issue 6. P. 77–204.
- Uranov A.A. From the results of population-ontogenetic studies // *Age structure of flowering plant populations in relation to their ontogenesis*. Moscow, 1974. P. 3–9.
- Flora of Eastern Europe. Vol. 11. Moscow; St. Petersburg: KMK Scientific Press, 2004. 535 p.
- Plant Coenopopulations: Basic Concepts and Structure. Moscow: Nauka, 1976. 217 p.
- Plant Coenopopulations: Essays on Population Biology. Moscow: Nauka, 1988. 182 p.
- Shishkin B.K. Umbelliferae — Umbelliferae Juss. // *Flora of the USSR*. Vol. 16. Moscow; Leningrad: Publishing House of the Academy of Sciences of the USSR, 1950. P. 36–648.

МРНТИ 38.31.15

DOI: <https://doi.org/10.62687/NSJ.3.2.2026.35>

ПАЛЕОКЛИМАТИЧЕСКАЯ РЕКОНСТРУКЦИЯ ТУРОНСКОЙ ФЛОРЫ р. БЕЛЕУТЫ

¹Д.М. Саматов^{id}, ²Ш.Б. Акмагамбет*^{id}, ^{2,3}А.К. Жамангара^{id}, ¹Л.Х. Акбаева^{id}¹Евразийский национальный университет имени Л. Н. Гумилёва, Астана, Казахстан²Международный университет Астана, Астана, Казахстан³Астанинский ботанический сад, Астана, Казахстан*e-mail: ashakhizada@gmail.com,

Д.М. Саматов – магистрант, кафедра Управление и инжиниринг в сфере охраны окружающей среды, Евразийский национальный университет имени Л. Н. Гумилёва, Астана, Казахстан, e-mail: dumansamatov5@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0007-0726-6601>

Ш.Б. Акмагамбет – PhD, старший преподаватель, Высшая школа естественных наук, Астана, Казахстан, e-mail: ashakhizada@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6330-4800>

А.К. Жамангара – к.б.н., и.о. профессор, Высшая школа естественных наук; ведущий научный сотрудник, Астанинский ботанический сад, Астана, Казахстан, e-mail: kashagankizi@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2348-1711>

Л.Х. Акбаева – к.б.н., доцент, кафедра Управление и инжиниринг в сфере охраны окружающей среды, Евразийский национальный университет, Астана, Казахстан, e-mail: akbaeva_lk@enu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-2192-454X>

Аннотация. В статье представлены результаты количественной реконструкции климатических условий туронской флоры р. Белеуты, расположенной в пределах современной Улытауской области Казахстана. Палеоклиматический анализ выполнен методом Coexistence Approach на основе климатических диапазонов девяти ближайших современных родственников ископаемых растений (NLR). Исходные климатические характеристики NLR получены из базы Palaeoflora Database, version 2024. Реконструкция проведена по семи параметрам: среднегодовой температуре (MAT), средней температуре наиболее холодного (CMT) и наиболее теплого (WMT) месяцев, среднегодовому количеству осадков (MAP), а также осадкам наиболее влажного (MPWET), сухого (MPDRY) и теплого (MPWARM) месяцев. Установлены интервалы MAT 18,6–25,0 °C, CMT 8,1–19,8 °C, WMT 25,0–29,5 °C, MAP 585–1613 мм, MPWET 125–245 мм, MPDRY 3–43 мм и MPWARM 38–206 мм. Результаты характеризуют климат как тёплый и допускают выраженную сезонную неоднородность увлажнения. Анализ чувствительности показал существенное влияние *Bauhinia* sp. на нижние температурные границы: после исключения данного NLR они снижаются до 13,8 °C для MAT, 1,8 °C для CMT и 19,3 °C для WMT, тогда как интервалы осадков остаются неизменными. Полученные данные расширяют представления о континентальном климате Центрального Казахстана в туронское время.

Ключевые слова: турон, палеоклимат, палеофлора, Белеуты, Coexistence Approach.

БЕЛЕУТІ ӨЗЕНІНДЕГІ ТУРОН ФЛОРАСЫ БОЙЫНША ПАЛЕОКЛИМАТТЫҚ РЕКОНСТРУКЦИЯ ЖҮРГІЗУ

¹Д.М. Саматов, ²Ш.Б. Ақмағамбет*, ^{2,3}А.К. Жаманғара, ¹Л.Х. Ақбаева

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

²Астана халықаралық университеті, Астана, Қазақстан

³Астана ботаникалық бағы, Астана, Қазақстан

e-mail: ashakhizada@gmail.com

Д.М. Саматов – магистрант, Қоршаған ортаны қорғау саласындағы басқару және инжиниринг кафедрасы, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан; e-mail: dumansamaton5@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0007-0726-6601>

Ш.Б. Ақмағамбет – PhD, аға оқытушы, Жоғары жаратылыстану ғылымдары мектебі, Астана халықаралық университеті, Астана, Қазақстан; e-mail: ashakhizada@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6330-4800>

А.К. Жаманғара – биология ғылымдарының кандидаты, профессор міндетін атқарушы, Жоғары жаратылыстану ғылымдары мектебі, Астана халықаралық университеті; жетекші ғылыми қызметкер, Астана ботаникалық бағы, Астана, Қазақстан; e-mail: kashagankizi@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2348-1711>

Л.Х. Ақбаева – биология ғылымдарының кандидаты, доцент, Қоршаған ортаны қорғау саласындағы басқару және инжиниринг кафедрасы, Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан; e-mail: akbaeva_lk@enu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-2192-454X>

Аңдатпа. Мақалада Қазақстанның қазіргі Ұлытау облысы аумағында орналасқан Белеуті өзенінің турон флорасы қалыптасқан кездегі климаттық жағдайларды сандық реконструкциялау нәтижелері берілген. Палеоклиматтық талдау қазба өсімдіктердің ең жақын қазіргі туыстарының (NLR) климаттық диапазондарына негізделген Coexistence Approach әдісімен жүргізілді. Талдауға тоғыз NLR енгізіліп, олардың климаттық көрсеткіштері Palaeoflora Database, version 2024 деректер базасынан алынды. Реконструкция жеті климаттық параметр бойынша жүргізілді: орташа жылдық температура (MAT), ең суық (CMT) және ең жылы (WMT) айлардың орташа температурасы, орташа жылдық жауын-шашын мөлшері (MAP), ең ылғалды (MPWET), ең құрғақ (MPDRY) және ең жылы (MPWARM) айлардағы жауын-шашын мөлшері. MAT 18,6–25,0 °C, CMT 8,1–19,8 °C, WMT 25,0–29,5 °C, MAP 585–1613 мм, MPWET 125–245 мм, MPDRY 3–43 мм және MPWARM 38–206 мм аралықтары анықталды. Нәтижелер жылы климаттық жағдайларды және ылғалданудың маусымдық әркелкілігін көрсетеді. Сезімталдық талдауы *Bauhinia* sp. таксонының төменгі температуралық интервалдардың төменгі шекараларына елеулі әсер ететінін көрсетті: оны есептеуден алып тастағанда MAT 13,8 °C-қа, CMT 1,8 °C-қа, WMT 19,3 °C-қа дейін төмендейді, ал жауын-шашын көрсеткіштері өзгеріссіз қалады. Алынған нәтижелер турон кезеңіндегі Орталық Қазақстанның континенттік палеоклиматы туралы түсініктерді толықтырады.

Түйін сөздер: турон, палеоклимат, палеофлора, Белеуті, Coexistence Approach.

PALEOCLIMATIC RECONSTRUCTION OF THE TURONIAN FLORA OF THE BELEUTY RIVER

¹D.M. Samatov, ²Sh.B. Akmagambet*, ^{2,3}A.K. Zhamangara, ¹L.Kh. Akbayeva

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

²Astana International University, Astana, Kazakhstan

³Astana Botanical Garden, Astana, Kazakhstan

e-mail: ashakhizada@gmail.com

D.M. Samatov – Master's student, Department of Environmental Management and Engineering, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan; e-mail: dumansamatov5@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0007-0726-6601>

Sh.B. Akmagambet – PhD, Senior Lecturer, Higher School of Natural Sciences, Astana International University, Astana, Kazakhstan; e-mail: ashakhizada@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6330-4800>

A.K. Zhamangara – Candidate of Biological Sciences, Acting Professor, Higher School of Natural Sciences, Astana International University; Leading Researcher, Astana Botanical Garden, Astana, Kazakhstan; e-mail: kashagankizi@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2348-1711>

L.Kh. Akbayeva – Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Department of Environmental Management and Engineering, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan; e-mail: akbaeva_lk@enu.kz, <https://orcid.org/0000-0002-2192-454X>

Abstract. This study presents a quantitative reconstruction of the climatic conditions associated with the Turonian flora of the Beleuty River locality, situated within the present-day Ulytau Region of Kazakhstan. Paleoclimate reconstruction was performed using the Coexistence Approach based on the climatic ranges of nine nearest living relatives (NLRs) of fossil plant taxa. Climatic data for the selected NLRs were obtained from the Palaeoflora Database, version 2024. Seven climatic parameters were reconstructed: mean annual temperature (MAT), cold month mean temperature (CMT), warm month mean temperature (WMT), mean annual precipitation (MAP), and precipitation of the wettest (MPWET), driest (MPDRY), and warmest (MPWARM) months. The reconstructed intervals were 18.6–25.0 °C for MAT, 8.1–19.8 °C for CMT, 25.0–29.5 °C for WMT, 585–1613 mm for MAP, 125–245 mm for MPWET, 3–43 mm for MPDRY, and 38–206 mm for MPWARM. The results indicate generally warm climatic conditions and suggest marked seasonal variability in precipitation. Sensitivity analysis revealed that *Bauhinia* sp. strongly controls the lower temperature limits. When this NLR was excluded, the lower limits decreased to 13.8 °C for MAT, 1.8 °C for CMT, and 19.3 °C for WMT, whereas all precipitation intervals remained unchanged. These results provide new quantitative constraints on the continental paleoclimate of Central Kazakhstan during the Turonian.

Keywords: Turonian, paleoclimate, paleoflora, Beleuty, Coexistence Approach.

Введение. Меловой период характеризовался преимущественно парниковым климатическим режимом, сопровождавшимся повышенными концентрациями атмосферного CO₂ и более высокими глобальными температурами по сравнению с современными условиями (DeConto и др., 1999: 391–406; Wang и др., 2014: 136–147). При этом климатические условия на континентах существенно варьировали во времени и пространстве, а растительный покров являлся важным компонентом климатической системы суши (DeConto и др., 1999: 391–406). Палеоботанические комплексы поэтому представляют один из основных источников информации о температурном режиме и условиях увлажнения континентальных областей прошлого; количественные реконструкции позднемелового климата успешно выполняются по макрофоссилиям растений с использованием различных физиономических и таксономических подходов (Spicer, Herman, 2010: 423–442; Utescher и др., 2014: 58–73).

Особое значение для изучения позднемеловых континентальных экосистем Центральной Азии имеют палеофлористические комплексы Казахстана. Одним из таких

объектов является флора р. Белеуты, впервые подробно описанная П.В. Шилиным. Растительные остатки происходят из верхнемеловых отложений, обнажающихся в береговых обрывах р. Белеуты на юге тогдашней Джезказганской области. В составе комплекса П.В. Шилиным было установлено 15 видов, относящихся к 11 родам и 10 семействам; основу флоры составляют покрытосеменные растения наряду с единичными представителями папоротников и хвойных (Шилин, 1977: 126–127).

Сравнение флоры Белеуты с другими позднемеловыми флорами Казахстана и Евразии показало ее наибольшее сходство с туронскими растительными комплексами. В частности, П.В. Шилин отмечал присутствие платанов, а также узко- и мелколистных древесных и кустарниковых форм, характерных для туронского этапа развития позднемеловой флоры Казахстана. На основании флористического состава и сопоставления с флорой Кызылжара растеносные отложения р. Белеуты были отнесены автором к турону (Шилин, 1977: 128–129).

Исследование П.В. Шилина имело преимущественно систематическую, флористическую и стратиграфическую направленность и не включало количественную оценку основных климатических параметров территории (Шилин, 1977: 126–139). Между тем флористический состав местонахождения позволяет рассмотреть возможность получения количественных характеристик температуры и увлажнения с использованием подхода ближайших современных родственников — Nearest Living Relatives (NLR).

Одним из методов количественной палеоклиматической реконструкции по таксономическому составу ископаемых флор является Coexistence Approach (CA). Метод основан на определении ближайших современных родственников ископаемых растений и установлении климатического диапазона, в пределах которого климатические амплитуды их современных аналогов перекрываются (Mosbrugger, Utescher, 1997: 61–86). В дальнейшем теоретические основы и процедура применения CA были уточнены, при этом особое внимание было обращено на надежность определения ископаемых таксонов, корректность выбора NLR и качество исходных климатических данных (Utescher и др., 2014: 58–73).

В Казахстане Coexistence Approach уже использовался для количественного анализа ряда кайнозойских флор, включая раннеолигоценовую флору Киин-Кериша (Akmagambet и др., 2024: 134–147), раннемиоценовую флору Кушука (Zhamangara и др., 2025: 171–184), а также при сравнительной реконструкции климатических условий Кушука и гор Актау (Akmagambet и др., 2025: 893–902). Применение аналогичного подхода к значительно более древней туронской флоре требует более строгой оценки надежности NLR, поскольку увеличение эволюционной дистанции между ископаемым таксоном и его современным родственником повышает неопределенность климатической интерпретации (Utescher и др., 2014: 58–73; Grimm и др., 2016: 216–235).

Цель исследования — провести количественную реконструкцию температурного режима и условий увлажнения территории формирования туронской флоры р. Белеуты с использованием метода Coexistence Approach.

Для достижения поставленной цели предусматривается определение ближайших современных родственников ископаемых растений, установление их климатических диапазонов и расчет интервалов среднегодовой температуры, температур наиболее холодного и наиболее теплого месяцев, среднегодового количества осадков и показателей сезонного распределения осадков.

Материалы и методы исследования. Материалом исследования послужила позднемеловая флора местонахождения на р. Белеуты, расположенного в пределах современной Улытауской области Республики Казахстан. В первичной публикации П. В. Шилина территория была указана как южная часть Джезказганской области в соответствии с административно-территориальным делением времени проведения исследований. Растеносные отложения обнажаются в береговых обрывах р. Белеуты. Согласно первоначальному описанию, местонахождение расположено на правом берегу реки, близ устья впадающего в нее сая Бозинген (Шилин, 1977: 126).

Точные географические координаты местонахождения в первичной публикации не

приведены. В связи с этим его положение на карте в настоящей работе обозначается ориентировочно, на основании топографического описания П. В. Шилина. Показанная на карте точка отражает приблизительное положение палеоботанического местонахождения и не рассматривается как его точная географическая координата.

Разрез и положение растеносного горизонта ранее были описаны К. В. Никифоровой. В 1966 г. П. В. Шилиным при участии Г. Ф. Лычева из горизонта беловато-серых глинистых алевроитов была собрана коллекция отпечатков растений. В первичной публикации указано, что материал был передан в Институт зоологии АН КазССР под инвентарным номером 314 (Шилин, 1977: 126). В настоящее время образцы данной коллекции хранятся в Палеоботаническом фонде Астанинского ботанического сада и в Институте ботаники и фитоинтродукции под коллекционным номером 314.

Основным источником сведений о местонахождении, стратиграфическом положении и исходном систематическом составе комплекса послужила статья П. В. Шилина «Поздне меловая флора р. Белеуты» (Шилин, 1977: 126–139). В качестве дополнительного источника использована монография П. В. Шилина «Поздне меловые флоры Казахстана: систематический состав, история развития, стратиграфическое значение» (Шилин, 1986), в которой поздне меловые флоры Казахстана рассмотрены в более широком флористическом и стратиграфическом контексте.

Возраст растеносного комплекса был определен П. В. Шилиным на основании флористической корреляции. При сопоставлении флоры Белеуты с другими поздне меловыми комплексами Казахстана учитывались ее таксономический состав, соотношение крупно-, средне-, мелко- и узколистных форм, а также присутствие общих элементов с другими флорами. Наибольшее сходство отмечено с туронской флорой Кызылжара, на основании чего растеносные отложения р. Белеуты были отнесены к турону (Шилин, 1977: 128–129). В настоящем исследовании возраст флоры принимается как туронский согласно флористической корреляции П. В. Шилина.

По данным П. В. Шилина, флора р. Белеуты включает 15 видов, относящихся к 11 родам и 10 семействам; часть материала определена только до уровня рода или семейства (Шилин, 1977: 126). В составе комплекса представлены папоротники, хвойные и покрытосеменные растения, причем последние составляют основную часть флоры.

В исходном флористическом составе указаны *Asplenium dicksonianum* Heer, *Pityophyllum* sp., *Sequoia heterophylla* Velen., *Sassafraphyllum beleutinus* Shilin sp. nov., *Platanus cuneifolia* (Bonn.) Vachr., *Platanus embicola* Vachr., *Platanus* sp., *Ficus daphnogenoides* (Heer) Berry, *Myrica emarginata* Heer, *Myricophyllum* sp. cf. *M. glandulosum* Velen., *Diospyros primaeva* Heer, *Dalbergites simplex* (Newb.) Sew., *Ziziphus ajatensis* Vachr., *Ziziphus menneri* Vachr. и *Ziziphus* sp. (Шилин, 1977: 126–128).

В систематической части работы дополнительно рассматривается отпечаток, предварительно определенный как *Bauhinia* sp. Его сохранность П. В. Шилин характеризовал как недостаточную для более точного определения (Шилин, 1977: 127). Поскольку данный таксон включен в климатическую выборку, его влияние на границы реконструированных климатических интервалов учитывалось при последующей интерпретации результатов.

Для количественного анализа использовались уникальные таксономические единицы, а не число отдельных растительных отпечатков. Несколько ископаемых видов, сопоставляемых с одним и тем же современным родом или семейством, не рассматривались как независимые повторения одного NLR. Такой подход исключает искусственное увеличение вклада одного современного аналога в климатическую реконструкцию.

Количественная реконструкция палеоклиматических условий выполнена методом Coexistence Approach (CA), разработанным для определения климатических диапазонов ископаемых флор на основе ближайших современных родственников — Nearest Living Relatives (NLR). Метод основан на предположении, что климатические требования ископаемого таксона могут быть оценены посредством климатической амплитуды его ближайшего современного родственника; для каждого климатического параметра определяется интервал, в пределах

которого могут сосуществовать NLR всех информативных компонентов ископаемой флоры (Mosbrugger, Utescher, 1997: 61–86).

На основании систематического состава флоры р. Белеуты были определены современные аналоги ископаемых растений. В окончательную расчетную выборку вошли девять NLR: *Bauhinia* sp., *Diospyros* sp., *Fabaceae*, *Ficus* sp., *Lauraceae*, *Myrica* sp., *Platanus* sp., *Sequoioideae* и *Ziziphus* sp.

Таксоны, для которых невозможно достаточно обоснованно установить современный аналог либо отсутствуют необходимые климатические характеристики, в расчет интервалов сосуществования не включались. При выборе NLR учитывалось, что систематическое сходство ископаемого морфотаксона и современного рода само по себе не всегда является достаточным свидетельством идентичности их климатических требований. Необходимость критической оценки таксономии ископаемых растений, выбора NLR и исходных климатических данных специально подчеркивается в современных методических рекомендациях по применению СА (Utescher и др., 2014: 58–73).

Минимальные и максимальные значения климатических диапазонов выбранных NLR получены из The Palaeoflora Database – Documentation and Data, Version 2024 (Utescher, Bruch, Mosbrugger, 2024). База Palaeoflora содержит сведения об ископаемых растительных таксонах, соответствующих им NLR и климатическим требованиям современных таксонов. Климатические диапазоны современных растений в базе преимущественно основаны на метеорологических наблюдениях станций, расположенных в пределах современных ареалов соответствующих таксонов.

Версия базы 2024 г. содержит климатические сведения приблизительно для 1900 современных таксономических единиц и предназначена для количественных палеоклиматических реконструкций на основе палеоботанических данных (Utescher и др., 2024). Для обеспечения воспроизводимости анализа при всех расчетах использовались значения одной версии базы — Palaeoflora 2024.

Количественная реконструкция проводилась по семи климатическим параметрам:

- MAT (Mean Annual Temperature) — среднегодовая температура, °C;
- CMT (Cold Month Mean Temperature) — средняя температура наиболее холодного месяца, °C;
- WMT (Warm Month Mean Temperature) — средняя температура наиболее теплого месяца, °C;
- MAP (Mean Annual Precipitation) — среднегодовое количество осадков, мм;
- MPWET (Mean Precipitation of the Wettest Month) — количество осадков наиболее влажного месяца, мм;
- MPDRY (Mean Precipitation of the Driest Month) — количество осадков наиболее сухого месяца, мм;
- MPWARM (Mean Precipitation of the Warmest Month) — количество осадков наиболее теплого месяца, мм.

Данные параметры позволяют независимо оценивать среднегодовой температурный режим, температурные условия холодного и теплого сезонов, суммарное годовое увлажнение и сезонные особенности распределения атмосферных осадков. Аналогичные климатические показатели входят в стандартный набор параметров Coexistence Approach (Mosbrugger, Utescher, 1997: 61–86; Utescher и др., 2014: 58–73).

Интервал сосуществования определялся независимо для каждого климатического параметра. Для каждого NLR использовались нижняя и верхняя границы соответствующего климатического диапазона.

Нижняя граница итогового интервала определялась как максимальное значение среди минимальных значений всех включенных NLR, а верхняя граница — как минимальное значение среди их максимальных значений:

$$CI_{\min} = \max(L_i), CI_{\max} = \min(U_i),$$

где L_i и U_i — соответственно нижняя и верхняя климатические границы i -го NLR.

Таким образом, итоговый интервал представляет собой область общего перекрытия климатических амплитуд современных аналогов ископаемой флоры — то есть климатические условия, потенциально совместимые с существованием всех информативных NLR (Mosbrugger, Utescher, 1997: 61–86; Utescher и др., 2014: 58–73).

Для MAT отдельно сопоставлялись значения MATmin и MATmax всех NLR, для CMT — CMTmin и CMTmax, для WMT — WMTmin и WMTmax. Аналогичная процедура использовалась для MAP, MPWET, MPDRY и MPWARM.

Среднее арифметическое между нижней и верхней границами интервала не рассчитывалось. В соответствии с принципом Coexistence Approach результатом реконструкции является именно климатический интервал, а не точечная или усредненная оценка параметра. Поэтому все полученные результаты представлены далее в формате minimum-maximum.

При интерпретации реконструированных параметров учитывался туронский возраст исследуемой флоры. Первоначально Coexistence Approach был разработан для третичных флор, а его основным допущением является сходство климатических требований ископаемых растений с требованиями их ближайших современных родственников (Mosbrugger, Utescher, 1997: 61–86). Поэтому применение метода к значительно более древнему туронскому комплексу требует повышенной осторожности при выборе NLR и интерпретации полученных диапазонов.

Реконструированные значения рассматриваются в настоящей работе как интервальные оценки вероятных климатических условий существования флоры р. Белеуты, а не как абсолютные значения палеотемпературы или количества атмосферных осадков. Особое внимание при обсуждении результатов уделяется тем NLR, которые непосредственно определяют нижние или верхние границы интервалов. Это особенно важно для *Bauhinia* sp., поскольку исходное ископаемое определение этого таксона П. В. Шилиным носило предварительный характер (Шилин, 1977: 127).

Результаты. Палеоклиматическая реконструкция туронской флоры р. Белеуты выполнена на основании климатических диапазонов девяти ближайших современных родственников, включенных в анализ методом Coexistence Approach. Для каждого климатического параметра определялась область совместного перекрытия минимальных и максимальных климатических границ NLR. В результате получены интервальные оценки трех температурных параметров — MAT, CMT и WMT — и четырех параметров атмосферных осадков — MAP, MPWET, MPDRY и MPWARM.

Для общей характеристики реконструированного климата сначала были сопоставлены итоговые интервалы сосуществования всех семи параметров. Полученные значения представлены в таблице 1.

Таблица 1. Реконструированные климатические параметры туронской флоры р. Белеуты методом Coexistence Approach

Климатический параметр	Нижняя граница	Верхняя граница	Интервал СА
MAT, °C	18,6	25,0	18,6–25,0
CMT, °C	8,1	19,8	8,1–19,8
WMT, °C	25,0	29,5	25,0–29,5
MAP, мм	585	1613	585–1613
MPWET, мм	125	245	125–245
MPDRY, мм	3	43	3–43
MPWARM, мм	38	206	38–206

Как видно из таблицы 1, реконструированный интервал среднегодовой температуры

составляет 18,6–25,0 °С. Средняя температура наиболее холодного месяца находится в пределах 8,1–19,8 °С, тогда как средняя температура наиболее теплого месяца реконструируется в диапазоне 25,0–29,5 °С. Таким образом, все три температурных параметра характеризуются положительными значениями нижних границ, включая CMT.

Среднегодовое количество осадков характеризуется более широким интервалом — 585–1613 мм. Для наиболее влажного месяца получен диапазон 125–245 мм, для наиболее сухого — 3–43 мм, а для наиболее теплого месяца — 38–206 мм. Значительная разница между диапазонами MPWET и MPDRY указывает на возможность выраженной сезонной неоднородности режима увлажнения. Однако степень сезонности и ее палеоэкологическое значение требуют отдельного рассмотрения в разделе «Обсуждение».

Для более наглядного представления температурной реконструкции минимальные и максимальные границы MAT, CMT и WMT были представлены графически. На рисунке 1 отдельно показаны нижняя и верхняя границы каждого температурного параметра.

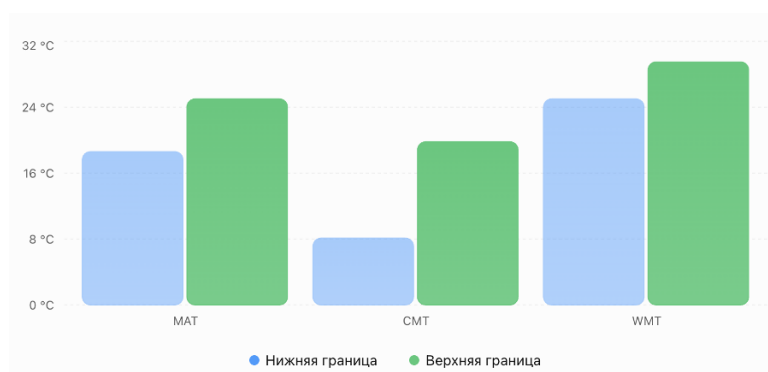


Рисунок 1. Реконструированные температурные параметры туронской флоры р. Белеуты методом Coexistence Approach

Графическое представление показывает различия между тремя температурными характеристиками. Наиболее низкая нижняя граница установлена для CMT и составляет 8,1 °С, тогда как WMT характеризуется наиболее высокими значениями — 25,0–29,5 °С. Интервал MAT занимает промежуточное положение и составляет 18,6–25,0 °С.

Наиболее узкий интервал получен для WMT — 4,5 °С, тогда как диапазон CMT значительно шире и составляет 11,7 °С. Следовательно, климатические ограничения NLR позволяют более узко определить условия наиболее теплого месяца, чем температурные условия наиболее холодного месяца.

Для определения происхождения границ реконструированных интервалов были дополнительно проанализированы NLR, непосредственно ограничивающие каждый параметр. Эти данные представлены в таблице 2.

Таблица 2. NLR, определяющие границы реконструированных климатических интервалов

Параметр	NLR нижней границы	Значение	NLR верхней границы	Значение
MAT	<i>Bauhinia</i> sp.	18,6 °С	Sequoioideae	25,0 °С
CMT	<i>Bauhinia</i> sp.	8,1 °С	Sequoioideae	19,8 °С
WMT	<i>Bauhinia</i> sp.	25,0 °С	<i>Diospyros</i> sp.; <i>Platanus</i> sp.	29,5 °С
MAP	<i>Ficus</i> sp.	585 мм	Sequoioideae	1613 мм
MPWET	<i>Ficus</i> sp.	125 мм	Sequoioideae	245 мм
MPDRY	<i>Ficus</i> sp.	3 мм	<i>Ziziphus</i> sp.	43 мм
MPWARM	<i>Diospyros</i> sp.	38 мм	<i>Platanus</i> sp.	206 мм

Анализ таблицы 2 показывает, что *Bauhinia* sp. определяет нижнюю границу одновременно всех трех температурных параметров — MAT, CMT и WMT. Верхние температурные ограничения формируются преимущественно *Sequoioideae*, тогда как верхняя граница WMT задается *Diospyros* sp. и *Platanus* sp.

Для параметров осадков картина отличается. Нижние границы MAP, MPWET и MPDRY определяются *Ficus* sp., тогда как верхние границы формируются разными NLR. Следовательно, результат реконструкции не является одинаково зависимым от одного таксона для всех климатических характеристик.

Для оценки режима увлажнения отдельно были сопоставлены минимальные и максимальные значения MAP, MPWET, MPDRY и MPWARM. Результаты представлены на рисунке 2.



Рисунок 2. Реконструированные параметры атмосферных осадков туронской флоры р. Белеуты методом Coexistence Approach

Наибольший абсолютный диапазон характерен для среднегодового количества осадков: 585–1613 мм. При этом значения для отдельных месяцев различаются существенно. Наиболее влажный месяц характеризуется количеством осадков 125–245 мм, тогда как для наиболее сухого месяца реконструирован значительно более низкий интервал — 3–43 мм.

Количество осадков наиболее теплого месяца составляет 38–206 мм. Широкий диапазон MPWARM показывает, что имеющийся состав NLR слабее ограничивает количество осадков теплого сезона, чем, например, MPDRY. При этом сочетание сравнительно высоких значений MPWET и низкой нижней границы MPDRY свидетельствует о том, что реконструкция допускает заметные сезонные различия в увлажнении.

Особого внимания требует влияние *Bauhinia* sp. на реконструированные температуры. В первичном описании соответствующий ископаемый материал был определен П. В. Шилиным предварительно, а сохранность отпечатка не позволяла провести более детальное таксономическое определение (Шилин, 1977: 127). Белеуті Поскольку *Bauhinia* sp. одновременно задает нижние границы MAT, CMT и WMT, была проведена дополнительная проверка устойчивости результата путем повторного расчета СА после исключения данного NLR.

Полученные результаты анализа чувствительности приведены в таблице 3.

Таблица 3. Изменение климатических интервалов после исключения *Bauhinia* sp.

Параметр	Основной расчет, 9 NLR	Без <i>Bauhinia</i> sp.	Изменение нижней границы
MAT, °C	18,6–25,0	13,8–25,0	–4,8 °C
CMT, °C	8,1–19,8	1,8–19,8	–6,3 °C
WMT, °C	25,0–29,5	19,3–29,5	–5,7 °C
MAP, мм	585–1613	585–1613	без изменений
MPWET, мм	125–245	125–245	без изменений

Параметр	Основной расчет, 9 NLR	Без <i>Bauhinia</i> sp.	Изменение нижней границы
MPDRY, мм	3–43	3–43	без изменений
MPWARM, мм	38–206	38–206	без изменений

Результаты показывают, что исключение *Bauhinia* sp. приводит к снижению исключительно нижних температурных границ. Для MAT она изменяется с 18,6 до 13,8 °C, для CMT — с 8,1 до 1,8 °C, а для WMT — с 25,0 до 19,3 °C. Верхние температурные границы при этом сохраняются неизменными.

Для более наглядного представления степени влияния *Bauhinia* sp. на температурную реконструкцию нижние границы исходного и альтернативного расчета сопоставлены на рисунке 3.

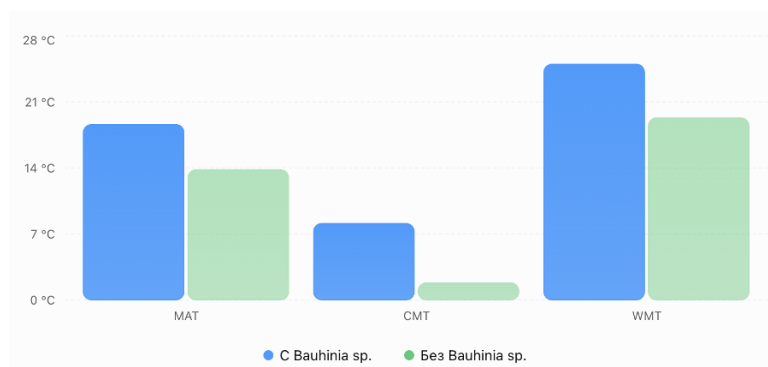


Рисунок 3. Влияние исключения *Bauhinia* sp. на нижние границы температурных интервалов Coexistence Approach

Наибольшее изменение установлено для CMT: нижняя граница уменьшается на 6,3 °C. Для WMT изменение составляет 5,7 °C, а для MAT — 4,8 °C. Следовательно, нижние границы всех трех температурных параметров являются чувствительными к включению *Bauhinia* sp. в набор NLR.

В то же время все четыре реконструированных показателя атмосферных осадков после исключения *Bauhinia* sp. остаются без изменений. Это показывает, что полученная реконструкция режима увлажнения устойчива относительно данного таксономического допущения, тогда как точное положение нижних температурных границ требует более осторожной интерпретации.

В целом основной расчет СА для флоры р. Белеуты характеризует MAT в пределах 18,6–25,0 °C, CMT — 8,1–19,8 °C, WMT — 25,0–29,5 °C и MAP — 585–1613 мм. Вместе с тем анализ чувствительности показывает, что температурная реконструкция в значительной степени зависит от включения *Bauhinia* sp., тогда как интервалы атмосферных осадков сохраняются устойчивыми. Поэтому в дальнейшем обсуждении климатических условий Белеуты основной и альтернативный варианты температурной реконструкции целесообразно рассматривать совместно, не интерпретируя нижнюю границу MAT 18,6 °C как безусловно установленное значение.

Обсуждение. Полученные для флоры р. Белеуты климатические интервалы характеризуют условия существования растительности Центрального Казахстана в туронское время. Основной расчет методом Coexistence Approach показал среднегодовую температуру (MAT) в пределах 18,6–25,0 °C, среднюю температуру наиболее холодного месяца (CMT) — 8,1–19,8 °C, а наиболее теплого месяца (WMT) — 25,0–29,5 °C. Среднегодовое количество осадков (MAP) реконструировано в диапазоне 585–1613 мм, при значениях MPWET 125–245 мм, MPDRY 3–43 мм и MPWARM 38–206 мм.

Реконструированные значения MAT и WMT свидетельствуют о достаточно высоком температурном фоне в период формирования флоры Белеуты. Даже нижняя граница основного

интервала МАТ составляет 18,6 °С, а WMT — 25,0 °С. При этом СМТ остается положительной во всем основном интервале и составляет 8,1–19,8 °С. В совокупности эти показатели соответствуют климату без выраженной холодной зимней фазы в том виде, в каком она характерна для современного резко континентального климата Центрального Казахстана.

Такая реконструкция в целом согласуется с глобальными представлениями о меловом климате. Средняя часть мелового периода характеризовалась преимущественно теплыми greenhouse- и super-greenhouse-условиями, с высокими температурами и относительно слабыми широтными температурными градиентами. Особенно высокие температуры отмечаются в интервале позднего сеномана — раннего турона, включающем климатический максимум около границы сеномана и турона (Bottini, Erba, 2018: 1147–1163).

При этом полученные для Белеуты значения нельзя напрямую сопоставлять, например, с температурой поверхности морской воды, поскольку морские геохимические прокси и наземные палеоботанические методы характеризуют разные компоненты климатической системы. Тем не менее независимые морские исследования также подтверждают существование теплого климатического режима в сеноман-туронское время и крупную перестройку глобальной климатической и углеродной системы около границы сеномана и турона (Petrizzo и др., 2022).

Палеоботанические исследования других областей Северного полушария также показывают, что в позднем мелу теплые условия распространялись на значительно более высокие широты, чем в настоящее время. Анализ позднемеловых флор палеоарктических районов Северо-Восточной России и Аляски свидетельствует о существовании теплого наземного климата даже в высоких широтах, хотя температурный и гидрологический режим существенно варьировал регионально (Spicer, Hergman, 2010).

Таким образом, реконструкция Белеуты не противоречит общей картине теплого позднемелового климата. Однако абсолютные границы полученного температурного диапазона требуют более осторожной оценки вследствие особенностей используемого флористического материала.

Среднегодовое количество осадков для флоры Белеуты реконструируется в довольно широком диапазоне 585–1613 мм. Такой интервал показывает, что имеющийся набор NLR значительно менее жестко ограничивает годовое количество осадков, чем некоторые температурные параметры.

Для наиболее влажного месяца установлен интервал 125–245 мм, для наиболее сухого — 3–43 мм, а для наиболее теплого месяца — 38–206 мм. При этом эти показатели необходимо интерпретировать осторожно. Значения MPWET и MPDRY рассчитаны как самостоятельные СА-интервалы, поэтому их нижние и верхние границы не представляют собой климат одного конкретного месяца или одного конкретного сценария и не должны непосредственно вычитаться друг из друга.

Тем не менее сочетание допустимых диапазонов MPWET и MPDRY показывает, что состав NLR совместим как с достаточно влажными периодами года, так и со значительно более сухими условиями в отдельные месяцы. Следовательно, флора допускает наличие сезонной неоднородности атмосферного увлажнения. Однако утверждать на основании только данных СА о конкретной продолжительности сухого сезона или о муссонном типе климата было бы преждевременно.

Интерес представляет и широкий интервал MPWARM — 38–206 мм. Он показывает, что имеющийся флористический комплекс не позволяет однозначно установить количество осадков именно наиболее теплого месяца. Иными словами, теплый сезон мог приходиться как на сравнительно сухие, так и на достаточно влажные условия. Для более детального восстановления сезонного распределения осадков потребовались бы дополнительные независимые показатели — например, морфологические характеристики листьев, седиментологические данные или другие палеоклиматические прокси.

Теплый характер полученной реконструкции в целом соответствует составу флоры Белеуты, в которой значительную роль играют покрытосеменные растения наряду с хвойными

и папоротниками. П. В. Шилин отмечал преобладание покрытосеменных и использовал систематический состав флоры и ее сходство с другими комплексами Казахстана для обоснования туронского возраста местонахождения (Шилин, 1977: 126–129).

В то же время экологические требования позднемиоценовых морфотаксонов нельзя автоматически приравнивать к требованиям современных родов. Например, присутствие ископаемой формы, отнесенной к *Ficus*, *Ziziphus* или *Bauhinia*, само по себе не доказывает существование климата, идентичного климату современных представителей этих родов. В рамках СА такие связи используются как рабочие NLR-гипотезы, а их качество напрямую зависит от надежности систематического определения ископаемых растений.

Это особенно важно для туронского возраста флоры Белеуты. Метод Coexistence Approach первоначально основан на предположении о достаточно близком соответствии климатических требований ископаемого растения его ближайшему современному родственнику. Метод наиболее уверенно применяется к геологически более молодым флорам, тогда как увеличение эволюционной дистанции между ископаемым и современным таксоном повышает неопределенность NLR-сопоставления. Utescher и соавторы подчеркивают, что таксономическая идентификация ископаемого материала, правильность выбора NLR и пригодность конкретного таксона для климатической реконструкции непосредственно влияют на итоговый СА-интервал (Utescher и др., 2014: 58–73).

Наиболее существенная методическая особенность полученной реконструкции связана с *Bauhinia* sp. В основном расчете именно этот NLR определяет нижнюю границу сразу трех температурных параметров: 18,6 °C для MAT, 8,1 °C для CMT и 25,0 °C для WMT.

Это имеет принципиальное значение, поскольку определение ископаемого материала как *Bauhinia* sp. в первоначальной работе Шилина носило предварительный характер. Следовательно, один таксономически менее надежный элемент оказывает непропорционально большое влияние на температурную реконструкцию.

Проведенный анализ чувствительности подтверждает эту зависимость. После исключения *Bauhinia* sp. нижняя граница MAT снижается с 18,6 до 13,8 °C, CMT — с 8,1 до 1,8 °C, а WMT — с 25,0 до 19,3 °C. Изменения составляют соответственно 4,8, 6,3 и 5,7 °C. При этом верхние границы температурных параметров сохраняются.

Это означает, что вывод о в целом теплом климате остается устойчивым, однако точная степень тепла, особенно минимально допустимые значения MAT, CMT и WMT, зависит от принятой таксономической интерпретации *Bauhinia*.

Поэтому значение MAT 18,6–25,0 °C не следует трактовать как единственно возможный температурный диапазон. Более корректно рассматривать два уровня интерпретации: основной расчет при сохранении всех выбранных NLR и альтернативный расчет, демонстрирующий чувствительность температурной реконструкции к исключению наиболее неопределенного элемента.

Такой подход соответствует рекомендациям по критическому применению Coexistence Approach, согласно которым необходимо не только приводить итоговый интервал, но и анализировать, какие именно NLR формируют его границы и насколько надежно их систематическое сопоставление (Utescher и др.,

В отличие от температурных параметров, исключение *Bauhinia* sp. не изменило ни один из четырех показателей атмосферных осадков. MAP сохранился в пределах 585–1613 мм, MPWET — 125–245 мм, MPDRY — 3–43 мм, MPWARM — 38–206 мм.

Исходя из этого, относительно рассматриваемой таксономической неопределенности реконструкция режима увлажнения является более устойчивой, чем температурная. Это не означает, что сами интервалы осадков являются высокоточными: особенно MAP и MPWARM остаются достаточно широкими. Однако их границы не зависят от включения или исключения *Bauhinia* sp.

Полученный результат также показывает преимущество анализа граничных NLR, а не только публикации итоговых значений СА. Для разных параметров климатические интервалы ограничиваются различными современными аналогами: температурные нижние границы в

основном зависят от *Bauhinia*, тогда как значения осадков формируются прежде всего *Ficus*, *Sequoioideae*, *Ziziphus*, *Diospyros* и *Platanus*. Это позволяет оценить, какие элементы исходного флористического списка являются наиболее критичными для итоговой реконструкции.

При интерпретации результатов необходимо учитывать несколько источников неопределенности. Во-первых, флора Белеуты представляет сравнительно небольшой комплекс, и только часть установленных ископаемых таксонов может быть использована для количественной реконструкции. Во-вторых, часть определений была выполнена на родовом или семейственном уровне. В-третьих, туронский возраст материала создает значительную временную дистанцию между ископаемыми растениями и их современными NLR.

Для СА именно надежность систематики и выбора ближайшего современного родственника относится к ключевым факторам качества реконструкции. Метод не является статистическим усреднением всех климатических значений; итоговый интервал может формироваться всего несколькими крайними NLR. Поэтому ошибка или неопределенность одного таксона способна значительно сместить границу реконструкции, что непосредственно продемонстрировано в настоящей работе на примере *Bauhinia* sp. (Utescher и др., 2014: 58–73).

По этой причине полученные климатические значения следует рассматривать как диапазоны климатических условий, совместимых с выбранной системой NLR, а не как точные измерения туронской температуры или количества осадков.

Палеоклиматическое значение флоры Белеуты

Несмотря на указанные ограничения, полученные результаты дают количественную характеристику климатических условий существования туронской растительности Центрального Казахстана. Основной расчет указывает на теплый температурный режим и широкий диапазон возможного атмосферного увлажнения. Анализ чувствительности показывает, что общий вывод о теплых условиях сохраняется, однако нижние температурные границы существенно зависят от *Bauhinia* sp.

В более широком контексте такой результат согласуется с представлениями о позднеэоцено-туронском интервале как одной из наиболее теплых фаз мелового периода. При этом данные Белеуты представляют именно континентальную палеоботаническую запись, что делает их особенно полезными для сопоставления с морскими палеоклиматическими реконструкциями и другими наземными флорами Евразии. Среднемеловой климат в целом характеризуется высокой теплотой, однако региональные наземные условия могли существенно различаться по степени увлажнения и сезонности.

Исходя из этого, наиболее обоснованным итогом реконструкции является не одно «среднее» значение палеоклимата Белеуты, а система допустимых климатических интервалов с различной степенью устойчивости. Параметры увлажнения относительно устойчивы к исключению *Bauhinia* sp., тогда как нижние температурные границы требуют осторожной интерпретации. Именно такое представление результатов позволяет избежать излишней точности и более корректно учитывать таксономические ограничения позднемелового материала.

Заключение. В работе выполнена количественная реконструкция климатических условий существования туронской флоры р. Белеуты методом Coexistence Approach на основе климатических диапазонов ближайших современных родственников ископаемых растений. Для анализа использованы девять NLR и семь климатических параметров, характеризующих температурный режим и атмосферное увлажнение.

Основной расчет показал, что среднегодовая температура (MAT) находилась в пределах 18,6–25,0 °C, средняя температура наиболее холодного месяца (CMT) — 8,1–19,8 °C, а наиболее теплого месяца (WMT) — 25,0–29,5 °C. Среднегодовое количество осадков (MAP) реконструировано в диапазоне 585–1613 мм, количество осадков наиболее влажного месяца (MPWET) — 125–245 мм, наиболее сухого месяца (MPDRY) — 3–43 мм, а наиболее теплого месяца (MPWARM) — 38–206 мм.

Полученные интервалы в целом характеризуют климат как теплый, при этом данные по атмосферным осадкам допускают выраженную сезонную неоднородность увлажнения. В то

же время результаты показывают, что отдельные климатические параметры имеют различную степень устойчивости к выбору NLR.

Наиболее существенная чувствительность выявлена для температурных показателей. *Bauhinia* sp. определяет нижние границы MAT, CMT и WMT, поэтому после исключения этого таксона значения снижаются соответственно до 13,8 °C, 1,8 °C и 19,3 °C. Верхние температурные границы при этом сохраняются без изменений. Таким образом, нижние пределы температурной реконструкции следует интерпретировать с учетом таксономической неопределенности данного NLR.

В отличие от температурных параметров, интервалы MAP, MPWET, MPDRY и MPWARM после исключения *Bauhinia* sp. не изменились. Это свидетельствует о большей устойчивости реконструкции режима увлажнения по отношению к данному таксономическому допущению, хотя широкие интервалы отдельных показателей, особенно MAP и MPWARM, по-прежнему отражают значительную неопределенность.

Следовательно, реконструкция климата флоры р. Белеуты показывает, что туронская растительность Центрального Казахстана формировалась в условиях теплого климата с переменным режимом увлажнения. При этом наиболее корректным представлением результатов является не одно усредненное значение, а система климатических интервалов с учетом их чувствительности к составу NLR.

Проведенное исследование демонстрирует возможность применения Coexistence Approach к позднемиловым флорам Казахстана при условии критической оценки систематической надежности ископаемых таксонов и выбора их современных аналогов. Полученные данные могут быть использованы для дальнейшего сопоставления флоры Белеуты с другими туронскими и позднемиловыми флористическими комплексами Казахстана и Евразии, а также для уточнения региональных особенностей континентального палеоклимата Центральной Азии.

DATA/SOURCES

Utescher, 2024 – Utescher T., Bruch A.A., Mosbrugger V. The Palaeoflora Database – Documentation and Data. Version 2024 [Data set]. – Zenodo, 2024. – DOI: 10.5281/zenodo.10881069. – Дата обращения: 07.10.2026.

Литература

- Ақмағамбет и др., 2024 – Ақмағамбет Ш.Б., Жаманғара А.Қ., Нигматова С.А., Адамжанова Ж.А. Қиын-Керіш флорасы негізінде ерте олигоцен климатының реконструкциясын жасауда Coexistence Approach әдісін қолдану // Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің Хабаршысы. Химия. География. Экология сериясы. – 2024. – 149(4). – Б. 134–147. – DOI: 10.32523/2616-6771-2024-149-4-134-147. [Kaz.]
- Шилин, 1977 – Шилин П.В. Позднемиловая флора р. Белеуты // Материалы по истории флоры и растительности Казахстана. – Алма-Ата, 1977. – С. 126–139. [Russ.]
- Шилин, 1986 – Шилин П.В. Позднемиловые флоры Казахстана: систематический состав, история развития, стратиграфическое значение / АН КазССР, Институт зоологии. – Алма-Ата: Наука, 1986. – 135, [2] с., [31] л. ил. [Russ.]
- Akmagambet et al., 2025 – Akmagambet S., Zhamangara A., Myrzagaliev A., Muratov R., Adamzhanova Zh., Samarkhanov T., Zadagali A., Kakabayev A. Climate evolution from the Miocene to the present in central and southeastern Kazakhstan: Evidence from Aktau Mountain and Kushuk localities // Caspian Journal of Environmental Sciences. – 2025. – Vol. 23, No. 4. – P. 893–902. – DOI: 10.22124/CJES.2025.9206.
- Bottini, Erba, 2018 – Bottini C., Erba E. Mid-Cretaceous paleoenvironmental changes in the western Tethys // Climate of the Past. – 2018. – Vol. 14. – P. 1147–1163. – DOI: 10.5194/cp-14-1147-2018.
- DeConto et al., 1999 – DeConto R.M., Hay W.W., Thompson S.L., Bergengren J. Late Cretaceous climate and vegetation interactions: Cold continental interior paradox // Evolution of the Cretaceous Ocean-Climate System / Eds. E. Barrera, C.C. Johnson. – Boulder: Geological Society of America, 1999. – Special Paper 332. – P. 391–406. – DOI: 10.1130/0-8137-2332-9.391.
- Mosbrugger, Utescher, 1997 – Mosbrugger V., Utescher T. The coexistence approach – a method for quantitative reconstructions of Tertiary terrestrial palaeoclimate data using plant fossils // Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology. – 1997. – Vol. 134, No. 1–4. – P. 61–86. – DOI: 10.1016/S0031-0182(96)00154-X.
- Petrizzo et al., 2022 – Petrizzo M.R., Amaglio G., Watkins D.K., MacLeod K.G., Huber B.T., Hasegawa T., Wolfgring E. Biotic and paleoceanographic changes across the Late Cretaceous Oceanic Anoxic Event 2 in the southern high latitudes (IODP Sites U1513 and U1516, SE Indian Ocean) // Paleogeography and Paleoclimatology. – 2022. – Vol. 37, No. 9. – e2022PA004474. – DOI: 10.1029/2022PA004474.
- Schrank, Nesterova, 1993 – Schrank E., Nesterova E.V. Palynofloristic changes and Cretaceous climates in northern Gondwana (NE Africa) and southern Laurasia (Kazakhstan) // Geoscientific Research in Northeast Africa / Eds. U. Thorweihe, H. Schandelmeier. – Rotterdam: A.A. Balkema, 1993. – P. 381–390. – DOI: 10.1201/9780203753392-72.
- Spicer, Herman, 2010 – Spicer R.A., Herman A.B. The Late Cretaceous environment of the Arctic: A quantitative reassessment based on plant fossils // Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology. – 2010. – Vol. 295. – P. 423–442. – DOI: 10.1016/j.palaeo.2010.02.025.
- Utescher et al., 2014 – Utescher T., Bruch A.A., Erdei B., François L., Ivanov D., Jacques F.M.B., Kern A.K., Liu Y.-S.(C.), Mosbrugger V., Spicer R.A. The Coexistence Approach – theoretical background and practical considerations of using plant

fossils for climate quantification // *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*. – 2014. – Vol. 410. – P. 58–73. – DOI: 10.1016/j.palaeo.2014.05.031.

Zhamangara et al., 2025a – Zhamangara A., Akmagambet Sh., Nigmatova S. Paleoclimate analysis of the Early Miocene in the Kushuk locality (Turgai Depression) based on the Coexistence Approach method // *Bulletin of the L.N. Gumilyov Eurasian National University. Chemistry. Geography. Ecology Series*. – 2025. – Vol. 150, No. 1. – P. 171–184. – DOI: 10.32523/2616-6771-2025-150-1-171-184.

Zhamangara et al., 2025b – Zhamangara A., Akmagambet S., Nigmatova S., Madyarova I., Kashaganov K., Zadagali A., Seidali A., Bayshashov B. The Early Miocene Paleoclimate of Erzhilansay: Interpretation of Climatic Parameters Using Modern Methods // *Sustainability*. – 2025. – Vol. 17, No. 1. – Article 143. – DOI: 10.3390/su17010143.

References

Akmagambet et al., 2024 – Akmagambet Sh.B., Zhamangara A.K., Nigmatova S.A., Adamzhanova Zh.A. Qiyin-Kerish florasy negizinde erte oligotsen klimatynyn rekonstruktsiyasyn zhasauda Coexistence Approach adisin qoldanu [Application of the Coexistence Approach Method for Early Oligocene Climate Reconstruction Based on Paleofloristic Data from the Kiin-Kerish Outcrop] // *Bulletin of the L.N. Gumilyov Eurasian National University. Chemistry. Geography. Ecology Series*. – 2024. – 149(4). – P. 134–147. – DOI: 10.32523/2616-6771-2024-149-4-134-147. [in Kaz.]

Akmagambet et al., 2025 – Akmagambet S., Zhamangara A., Myrzagaliyeva A., Muratov R., Adamzhanova Zh., Samarkhanov T., Zadagali A., Kakabayev A. Climate evolution from the Miocene to the present in central and southeastern Kazakhstan: Evidence from Aktau Mountain and Kushuk localities // *Caspian Journal of Environmental Sciences*. – 2025. – Vol. 23, No. 4. – P. 893–902. – DOI: 10.22124/CJES.2025.9206.

Bottini, Erba, 2018 – Bottini C., Erba E. Mid-Cretaceous paleoenvironmental changes in the western Tethys // *Climate of the Past*. – 2018. – Vol. 14. – P. 1147–1163. – DOI: 10.5194/cp-14-1147-2018.

DeConto et al., 1999 – DeConto R.M., Hay W.W., Thompson S.L., Bergengren J. Late Cretaceous climate and vegetation interactions: Cold continental interior paradox // *Evolution of the Cretaceous Ocean-Climate System* / Eds. E. Barrera, C.C. Johnson. – Boulder: Geological Society of America, 1999. – Special Paper 332. – P. 391–406. – DOI: 10.1130/0-8137-2332-9.391.

Mosbrugger, Utescher, 1997 – Mosbrugger V., Utescher T. The coexistence approach – a method for quantitative reconstructions of Tertiary terrestrial palaeoclimate data using plant fossils // *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*. – 1997. – Vol. 134, No. 1–4. – P. 61–86. – DOI: 10.1016/S0031-0182(96)00154-X.

Petrizzo et al., 2022 – Petrizzo M.R., Amaglio G., Watkins D.K., MacLeod K.G., Huber B.T., Hasegawa T., Wolfgring E. Biotic and paleoceanographic changes across the Late Cretaceous Oceanic Anoxic Event 2 in the southern high latitudes (IODP Sites U1513 and U1516, SE Indian Ocean) // *Paleoceanography and Paleoclimatology*. – 2022. – Vol. 37, No. 9. – e2022PA004474. – DOI: 10.1029/2022PA004474.

Schrank, Nesterova, 1993 – Schrank E., Nesterova E.V. Palynofloristic changes and Cretaceous climates in northern Gondwana (NE Africa) and southern Laurasia (Kazakhstan) // *Geoscientific Research in Northeast Africa* / Eds. U. Thorweihe, H. Schandelmeier. – Rotterdam: A.A. Balkema, 1993. – P. 381–390. – DOI: 10.1201/9780203753392-72.

Shilin, 1977 – Shilin P.V. Pozdnelovaya flora r. Beleuty [Late Cretaceous flora of the Beleuty River] // *Materialy po istorii flory i rastitel'nosti Kazakhstana* [Materials on the history of flora and vegetation of Kazakhstan]. – Alma-Ata, 1977. – P. 126–139. [in Russ.]

Shilin, 1986 – Shilin P.V. Pozdnelovye flory Kazakhstana: sistemicheskii sostav, istoriya razvitiya, stratigraficheskoe znachenie [Late Cretaceous floras of Kazakhstan: systematic composition, history of development and stratigraphic significance]. – Alma-Ata: Nauka, 1986. – 135, [2] p., [31] leaves of illustrations. [in Russ.]

Spicer, Herman, 2010 – Spicer R.A., Herman A.B. The Late Cretaceous environment of the Arctic: A quantitative reassessment based on plant fossils // *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*. – 2010. – Vol. 295. – P. 423–442. – DOI: 10.1016/j.palaeo.2010.02.025.

Utescher et al., 2014 – Utescher T., Bruch A.A., Erdei B., François L., Ivanov D., Jacques F.M.B., Kern A.K., Liu Y.-S.(C.), Mosbrugger V., Spicer R.A. The Coexistence Approach – theoretical background and practical considerations of using plant fossils for climate quantification // *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*. – 2014. – Vol. 410. – P. 58–73. – DOI: 10.1016/j.palaeo.2014.05.031.

Zhamangara et al., 2025a – Zhamangara A., Akmagambet Sh., Nigmatova S. Paleoclimate analysis of the Early Miocene in the Kushuk locality (Turgai Depression) based on the Coexistence Approach method // *Bulletin of the L.N. Gumilyov Eurasian National University. Chemistry. Geography. Ecology Series*. – 2025. – Vol. 150, No. 1. – P. 171–184. – DOI: 10.32523/2616-6771-2025-150-1-171-184.

Zhamangara et al., 2025b – Zhamangara A., Akmagambet S., Nigmatova S., Madyarova I., Kashaganov K., Zadagali A., Seidali A., Bayshashov B. The Early Miocene Paleoclimate of Erzhilansay: Interpretation of Climatic Parameters Using Modern Methods // *Sustainability*. – 2025. – Vol. 17, No. 1. – Article 143. – DOI: 10.3390/su17010143.

Редактор: Мырзабекова А.М. Верстка: Сексенова Ж.М. Подписано в печать: 30.09.2026 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