Спонсоры:

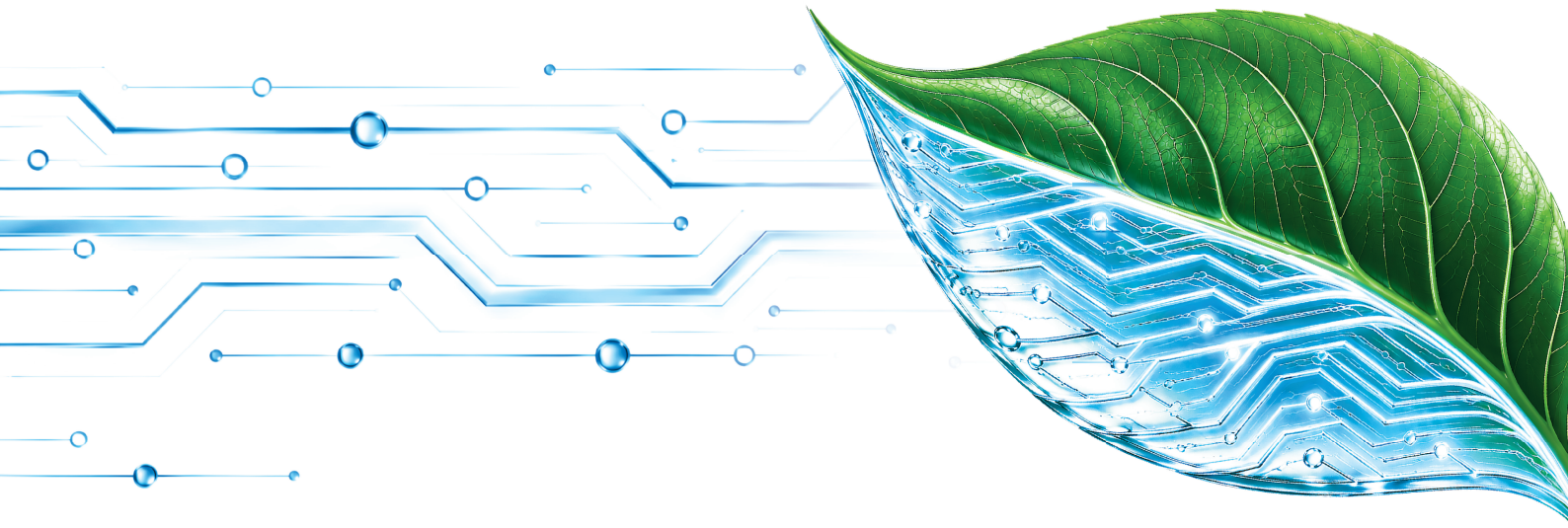
СБОРНИК ТЕЗИСОВ

МАРВВ 2026

19–20 ноября, Алматы

Международная научная конференция

СОВРЕМЕННЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ В БИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ РАСТЕНИЙ



BOOK OF ABSTRACTS

International scientific conference

MODERN ACHIEVEMENTS IN PLANT BIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY

November 19-20, Almaty 2026

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН
(МНВО РК)
КОМИТЕТ НАУКИ МНВО РК
НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК ПРИ ПРЕЗИДЕНТЕ РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН
(НАН ПРИ ПРЕЗИДЕНТЕ РК)
РГП НА ПХВ «ИНСТИТУТ БИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ РАСТЕНИЙ» (ИББР)

ӨСІМДІКТЕР БИОЛОГИЯСЫ МЕН БИОТЕХНОЛОГИЯСЫНДАҒЫ ЗАМАНАУИ ЖЕТІСТІКТЕРІ» ХАЛЫҚАРАЛЫҚ ҒЫЛЫМИ КОНФЕРЕНЦИЯСЫ

(MAPBB 2026)

Қазақстан Республикасы ұлттық ғылым академиясының академигі Избасар Рахимбайұлы Рахимбаевтың 90 жылдық мерейтойына арналған

19–20 қараша 2026 жыл

МЕЖДУНАРОДНАЯ НАУЧНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ «СОВРЕМЕННЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ В БИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ РАСТЕНИЙ»

(MAPBB 2026)

посвящённая 90-летнему юбилею академика НАН РК Избасара Рахимбаевича Рахимбаева

19–20 ноября 2026 года

INTERNATIONAL SCIENTIFIC CONFERENCE “MODERN ADVANCES IN PLANT BIOLOGY ANDBIOTECHNOLOGY”

(MAPBB 2026)

Dedicated to the 90th anniversary of Academician of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan Izbasar Rakhimbaev.

November 19–20, 2026

АЛМАТЫ 2026

Международная Научная Конференция «Современные достижения в биологии и биотехнологии растений» (МАРВВ 2026), посвящённая 90-летнему юбилею академика НАН РК И.Р. Рахимбаева: Материалы международной научной конференции / под общей редакцией С.В. Кушнаренко, Н.К. Бишимбаевой, А.М. Кохметовой – Алматы, 2026. – 139 стр.

В сборнике представлены материалы международной научной конференции «Современные достижения в биологии и биотехнологии растений» (МАРВВ 2026), посвящённой 90-летнему юбилею академика НАН РК И.Р. Рахимбаева, проведенной 19-20 ноября 2026 г. в г. Алматы, Республика Казахстан.

В публикациях изложены результаты оригинальных исследований, посвящённых изучению, сохранению и рациональному использованию генетических ресурсов растений; механизмам устойчивости к абиотическим и биотическим стрессам; развитию и применению геномных, протеомных и метаболомных технологий; молекулярно-генетическим и генно-инженерным исследованиям; использованию современных биотехнологических методов в селекции и сохранении биоразнообразия, а также фитохимическому изучению биологически активных соединений растительного происхождения.

Сборник предназначен для научных работников и специалистов в области биологии и биотехнологии растений, а также преподавателей, докторантов, магистрантов и студентов биологических, биотехнологических и экологических направлений подготовки.

Тезисы докладов опубликованы в авторской редакции. Ответственность за содержание и достоверность представленных сведений несут авторы.

Рекомендовано к изданию Ученым советом РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений» Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (Протокол №11 от 13 октября 2026 г.)

Abstracts of the international scientific conference “Modern advances in plant biology and biotechnology (MAPBB 2026)” dedicated to the 90th anniversary of Academician of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan Izbasar Rakhimbaev edited by S.V. Kushnarenko, N.K. Bishimbayeva, and A.M. Kokhmetova. – Almaty, 2026. – 139 p.

This proceedings volume contains papers presented at the International Scientific Conference “Modern Advances in Plant Biology and Biotechnology” (MAPBB 2026), dedicated to the 90th anniversary of Academician of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan I.R. Rakhimbaev, held on November 19–20, 2026, in Almaty, Republic of Kazakhstan.

The publications present the results of original research focused on the study, conservation, and sustainable use of plant genetic resources; mechanisms of plant resistance to abiotic and biotic stresses; the development and application of genomic, proteomic, and metabolomic technologies; molecular genetics and genetic engineering research; the application of modern biotechnological methods in plant breeding and biodiversity conservation; as well as the phytochemical investigation of biologically active compounds of plant origin.

These abstracts are intended for researchers and specialists in plant biology and biotechnology, as well as academic researchers, doctoral students, master's students, and undergraduate students specializing in biology, biotechnology, and environmental sciences.

The abstracts are published as submitted by the authors. The authors bear full responsibility for the content and accuracy of the information presented.

Recommended for publication by the Academic Council of the Republican State Enterprise on the Right of Economic Management “Institute of Plant Biology and Biotechnology” of the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Protocol; No.11, dated October 13, 2026).

МАРВВ2026 («Өсімдіктер биологиясы мен биотехнологиясындағы заманауи жетістіктер») Қазақстан Республикасы Ұлттық ғылым академиясының академигі Избасар Рахымбаевич Рахымбаевтың 90 жылдық мерейтойына арналған халықаралық ғылыми конференция/ С.В. Кушнаренко, Н.К. Бишімбаева, А.М. Кохметованың жалпы редакциясымен. – Алматы, 2026. – 139 б.

Жинақта Қазақстан Республикасы, Алматы қаласында 2026 жылғы 19–20 қарашада Қазақстан Республикасы Ұлттық ғылым академиясының академигі И.Р. Рахымбаевтың 90 жылдық мерейтойына арналған «Өсімдіктер биологиясы мен биотехнологиясындағы заманауи жетістіктер» (МАРВВ 2026) халықаралық ғылыми конференциясының материалдары ұсынылған.

Жарияланымдарда өсімдіктердің генетикалық ресурстарын зерттеу, сақтау және ұтымды пайдалану; абиотикалық және биотикалық стресс факторларына төзімділік механизмдері; геномдық, протеомдық және метаболомдық технологияларды дамыту және қолдану; молекулалық-генетикалық және гендік-инженерлік зерттеулер; селекцияда және биоалуантүрлілікті сақтауда заманауи биотехнологиялық әдістерді пайдалану, сондай-ақ өсімдік тектес биологиялық белсенді қосылыстарды фитохимиялық зерттеу бағыттары бойынша жүргізілген бірегей ғылыми зерттеулердің нәтижелері баяндалған.

Жинақ биология және өсімдіктер биотехнологиясы саласындағы ғылыми қызметкерлер мен мамандарға, сондай-ақ биология, биотехнология және экология бағыттары бойынша білім алатын оқытушыларға, докторанттарға, магистранттар мен студенттерге арналған.

Баяндама тезистері авторлық редакцияда жарияланған. Ұсынылған мәліметтердің мазмұны мен дұрыстығына авторлар жауапты.

Жинақты басып шығаруға Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитетінің «Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты» ШЖҚ РМК Ғылыми кеңесінің 2026 жылғы 13 қазандағы № 11 хаттамасымен ұсынылған.



БИОТЕХНОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ В КАЗАХСТАНЕ: ЗАРОЖДЕНИЕ, СТАНОВЛЕНИЕ, РАЗВИТИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ

Академик НАН РК, профессор И.Рахимбаев

1970 год можно считать датой ***зарождения в Казахстане биотехнологии растений*** – новой отрасли науки и производства. Именно в этом году были начаты первые эксперименты по культивированию изолированных тканей растений. Эти исследования проводились в лаборатории физиологии и биохимии растений Главного ботанического сада Академии наук Казахской ССР. Были разработаны методы клонального микроразмножения ряда редких и исчезающих видов растений, вошедших в Красную книгу Казахстана.

Биотехнология растений ***выделилась в самостоятельную научную и учебную дисциплину*** в 1981 году. На кафедре физиологии и биохимии растений биологического факультета КазГУ начато преподавание спецкурсов «Культура клеток» и «Клеточная инженерия». Процедуры изолирования тканей, их стерилизации, приготовления искусственных питательных сред, культуры тканей и клеток были включены в Большой практикум. Опубликованы методические руководства и первый учебник по биотехнологии растений. Наряду с культурой соматических клеток были разработаны методы культуры репродуктивных клеток зерновых злаков. На основе культуры соматических клеток получены ценные сомаклональные варианты для использования в селекции пшеницы. Разработка методов культуры репродуктивных клеток позволила создать гаплоидную технологию ускорения селекционного процесса. Гаплоидная технология была рекомендована Министерством сельского хозяйства СССР для использования во всех селекционных учреждениях страны. Это знаменательное событие способствовало росту престижа казахстанских биотехнологов. Подтверждением этому факту стало проведение в Алма-Ате в 1993 году Международной научно-практической конференции «Биология культивируемых клеток растений и биотехнология». В этой конференции участвовали видные ученые во главе с профессором Р.Г. Бутенко – основоположником биотехнологии растений в Советском Союзе.

К этому времени появились новые «точки роста»:

–Была организована лаборатория биотехнологии в Казахском научно-исследовательском институте земледелия;

–В Институте молекулярной биологии и биохимии им. М.А.Айтхожина была организована лаборатория клеточной инженерии, начаты исследования по генной инженерии;

–В Целиноградском агротехническом университете, на кафедре физиологии растений были начаты исследования по разработке биотехнологических методов для селекции пшеницы;

–В Институте картофельного и овощного хозяйства была организована лаборатория биотехнологии, занимающаяся клональным размножением суперэлитного семенного картофеля.

Таким образом, на этапе становления был создан ряд новых биотехнологических лабораторий.

Дальнейшее развитие исследований связано с организацией в 1993 году Института физиологии, генетики и биоинженерии растений (ныне Институт биологии и биотехнологии растений).

В этом Институте проводятся фундаментальные исследования по *in vitro* биологии. Культивирование *in vitro* расширяет возможности управления жизнедеятельностью клетки по воле исследователя. Путем активирования или ингибирования определённых физиологических, биохимических и генетических процессов можно регулировать деление, дифференцировку, морфогенез клеток и регенерацию из них целого организма.

В Институте проводятся также прикладные исследования по созданию новых высокопродуктивных и стрессоустойчивых форм и сортов пищевых, кормовых, лекарственных, декоративных и технических растений на основе сочетания традиционных и биотехнологических методов селекции, а также ведется работа по формированию банков данных в области биологии и биотехнологии растений.

В Институте функционируют лаборатории: молекулярной генетики, молекулярной биологии, клеточной инженерии, криосохранения гермоплазмы, селекции и биотехнологии, генетики и селекции, физиологии и биохимии растений.

На мой взгляд, ***перспективы*** развития биотехнологии растений связаны с углублением исследований по культуре клеток для обеспечения продовольственной и экологической безопасности. Продовольственная безопасность является вечной проблемой, тогда как экологическая безопасность стала чрезвычайно актуальной в связи с глобальным изменением климата.

Исключительно приоритетными являются исследования по геномике и генной инженерии, особенно по внедрению в исследовательскую практику CRISPR/Cas-технологий, позволяющих точно изменять гены и регуляторные элементы, связанные со стрессовыми реакциями, фотосинтезом, устойчивостью к болезням и эффективностью использования минеральных элементов питания. Особенно важно сочетание геномного редактирования с ускоренной селекцией и высокопроизводительным фенотипированием.

Возвращение в культуру «забытых» и малораспространённых культур может стать особенно важным для обеспечения продовольствия будущего. Геномные технологии позволяют ускорить одомашнивание и селекцию культур, которые природно приспособлены к засухе, бедным почвам или жаркому климату.

Следует переходить от лабораторной биотехнологии к полевой биотехнологии. Уже недостаточно получить устойчивый генотип в лаборатории. Необходимо доказать его стабильность в реальных условиях — при сочетании жары, засухи, засоления, новых патогенов и нестабильного климата. Именно поэтому всё большее значение приобретают высокопроизводительное фенотипирование и испытания в различных агроэкологических зонах.

Сохранение и использование генетического разнообразия растений продолжает оставаться одной из важнейших задач биотехнологии. Климатические изменения повышают ценность генетических ресурсов — диких родичей культурных растений, местных сортов, редких и малоиспользуемых культур. Биотехнологии позволяют быстрее выявлять носителей ценных генов и вводить их в селекционные программы.

Создание климатически устойчивых сортов и форм растений, пожалуй, является главным направлением: растения, устойчивые одновременно к комплексу стрессов — засухе

высокой температуре, засолению, холоду, затоплению и резким колебаниям влажности. Особенно перспективна работа не только с отдельным признаком, но с комплексной стрессоустойчивостью.

Биотехнология вносит значительный вклад в снижение «углеродного следа» сельскохозяйственного производства. Перспективны растения с повышенной эффективностью фотосинтеза, лучшим использованием удобрений, способностью накапливать больше углерода в биомассе и почве. В более широком смысле речь идёт о переходе от «растения — источник урожая» к растению как элементу климатически нейтральной агроэкосистемы.

Очень интересное направление — развитие растительно-микробных систем с использованием полезных бактерий, эндофитов, микоризных грибов и других микроорганизмов для повышения устойчивости растений к засухе, засолению и недостатку питания. То есть объектом биотехнологии становится уже не только растение, но целая система «растение — микробиом — почва».

Изменение климата — это не только проблема количества продовольствия, но и его качества. Поэтому будут востребованы культуры с повышенным содержанием белка, витаминов, микроэлементов, полезных липидов и других биологически активных соединений. В связи с этим, биофортификация и повышение питательной ценности растений способами современной биотехнологии, которая позволяет одновременно работать над устойчивостью растения и его пищевой ценностью, становятся очень актуальными.

Особо следует выделить вопрос применения цифровизации и искусственного интеллекта в биотехнологии растений. Здесь формируется очень перспективная связка: геномика + транскриптомика + протеомика + метаболомика + фенотипирование + ИИ. Она позволяет не просто находить отдельные «гены устойчивости», а моделировать сложные взаимодействия «генотип × среда».

Таким образом, в перспективе развитие биологии и биотехнологии растений должно отвечать на глобальные вызовы XXI века. Биотехнология растений постепенно перестаёт быть совокупностью отдельных методов. Её перспективное развитие — это интеграция генетики, селекции, клеточной биологии, геномики, микробиологии, биоинформатики и искусственного интеллекта. Именно такой междисциплинарный подход сегодня позволяет решать сложнейшие задачи обеспечения продовольственной и экологической безопасности.

FROM GREEN REVOLUTION TO GENE REVOLUTION: A PATHWAY TOWARDS AGRICULTURAL SUSTAINABILITY

F.Sh. Baloch[1*], N.L. Yahaya[1], P. Mortazavi[2], M.A. Nadeem[1]
[1]Department of Biotechnology, Faculty of Science, Mersin University, Türkiye
[2]Faculty of Agricultural Sciences and Technologies, Sivas University of Science and Technology, Sivas 58000, Türkiye
*e-mail: balochfaheem13@gmail.com

The Green Revolution substantially increased global food production; however, future agricultural gains must be achieved under increasingly severe climatic, biological, and resource constraints. The emerging Gene Revolution provides an opportunity to address these challenges by integrating biodiversity with high-resolution phenotyping, genomics, molecular breeding, and biotechnology. Türkiye, situated within the Fertile Crescent and neighboring centers of crop domestication, represents an exceptionally valuable reservoir of genetic diversity for crop improvement. Over the past several years, our research group has established a multi-crop genomics and breeding platform encompassing wild and cultivated wheat, chickpea, lentil, sorghum, sesame, soybean, buckwheat, peanut, millet, maize, and other crop genetic resources. Diverse germplasm panels have been evaluated through multi-location field experiments and controlled stress studies for agronomic, physiological, biochemical, nutritional, and stress-adaptive traits. These studies enabled us to characterize phenotypic diversity, genotype × environment responses, and promising germplasm with stable performance across contrasting environments. At the molecular level, genotyping-by-sequencing (GBS) has been applied to several crop populations through research supported by TÜBİTAK, COST Actions, and bilateral collaborations involving Türkiye, Malta, China, Serbia, and the Republic of Korea. In sorghum, whole-genome resequencing was additionally conducted within an EU-supported ERA-NET project. Genome-wide SNP datasets were integrated with phenotypic data through population structure, genetic diversity, linkage disequilibrium, and genome-wide association studies (GWAS), identifying genomic regions and marker–trait associations for yield-related, physiological, biochemical, nutritional, and abiotic-stress-associated traits. Importantly, our research has progressed from marker discovery toward practical breeding applications. Selected GWAS-associated loci have been validated in independent genetic populations, and validated SNPs converted into KASP assays for marker-assisted selection. Candidate regions have also been investigated through functional annotation and comparative genomics to identify biologically relevant genes and pathways. This establishes a translational pipeline from biodiversity → phenotyping → genome-wide variation → GWAS → marker validation → KASP assays → molecular breeding. In parallel, genetically diverse and phenotypically stable elite genotypes have been identified, with selected materials progressing toward evaluation and registration as commercial cultivars. Our research is now extending from short-read population genomics toward structural and pangenomic variation. In collaboration with China Agricultural University, selected wild wheat resources are being characterized using PacBio long-read sequencing to contribute to wild-wheat pangenomic resources. This enables structural and presence/absence variation missing from a single reference genome to be explored as an additional source of useful alleles. Representative case studies demonstrate how conserved and underutilized biodiversity can be translated into genomic knowledge, diagnostic markers, elite breeding materials, and improved cultivars. Collectively, this work supports the transition from the Green Revolution toward a Gene Revolution driven by biodiversity-informed genomics, precision phenotyping, molecular breeding, and biotechnology, providing a practical pathway toward productive, nutritious, resource-efficient, and climate-resilient crops.

Keywords: Biodiversity; crop genetic resources; GWAS; genotyping-by-sequencing; whole-genome resequencing; KASP markers; pangenomics; molecular breeding; climate resilience; Gene Revolution.

GWAS-BASED IDENTIFICATION OF GENETIC FACTORS FOR SEPTORIA BLOTCH RESISTANCE IN WHEAT

A.M. Kokhmetova[1,3]*, Y.V. Zeleneva[2], M.T. Kumarbayeva[1], A.A. Bolatbekova[1,3], Z.S. Keishilov[1,3], M.N. Nurzhuma[1], As.M. Kokhmetova[1], K.S. Mukhametzhanov[1], K. Bakhytuly[1]

[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan,
[2]All Russian Institute of Plant Protection, St. Petersburg-Pushkin, Russia,
[3]Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: gen_kalma@mail.ru

Septoria blotch diseases are among the most important fungal diseases affecting wheat production worldwide. Septoria tritici blotch (STB) and Septoria nodorum blotch (SNB) can cause considerable yield losses, particularly under environmental conditions favorable for disease development. Growing resistant cultivars remains one of the most effective and environmentally safe approaches for disease management. Therefore, identification of wheat germplasm carrying useful resistance genes and genomic regions is important for breeding programs aimed at improving resistance to these diseases. The present study investigated the genetic basis of wheat resistance to STB and SNB using a diverse panel of 191 spring and winter wheat genotypes. The wheat collection was evaluated under different growing and infection conditions. Field screening under natural infection was carried out during three cropping seasons (2019 – 2020, 2020 – 2021, and 2021 – 2022). In addition, field experiments with artificial inoculation were conducted during the 2020 – 2021 and 2021 – 2022 cropping seasons. Greenhouse screening was performed using a mixture of five Zymoseptoria tritici isolates for STB. For SNB, four Parastagonospora nodorum isolates and a purified toxin were tested separately in five independent experiments. The wheat panel was genotyped using DArTseq™ technology, and genome-wide association analysis was performed using the obtained genotypic and phenotypic data. In total, nine significant marker–trait associations (MTAs) were detected. Six MTAs were associated with disease response in greenhouse experiments, two were identified under natural field infection, and one was detected under artificially inoculated field conditions. Marker 100023665 on chromosome 5B was associated with resistance to both the SNB isolate Pn Sn2K_USA and the purified toxin Pn ToxA_USA. This marker explained 30.73% of the phenotypic variation in response to Pn Sn2K_USA and 46.94% in response to Pn ToxA_USA. Further in silico analysis of the genomic regions associated with disease resistance revealed several candidate genes with possible roles in plant defense. They included genes encoding leucine-rich repeat (LRR) proteins, zinc finger GRF-type transcription factors, potassium transporters, nucleotide-binding site (NBS) proteins, disease resistance proteins, P-loop-containing nucleoside triphosphate hydrolases, virus X resistance proteins, and proteins containing NB-ARC domains. The results demonstrate the complex genetic basis of wheat resistance to STB and SNB and identify genomic regions that can be considered for further validation. The detected MTAs and associated candidate genes may be useful for developing molecular markers and selecting resistant wheat germplasm in breeding programs.

Funding: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan within TFP BR28712539 “Molecular-genetic patterns in the development of economically valuable traits and biological characteristics of major agricultural crops”, Project 1 “Genotyping of wheat germplasm using functional molecular markers for key genes determining resistance to biotic and abiotic stresses”.

MODERN BIOTECHNOLOGICAL AND GENOMIC INVESTIGATION OF HORTICULTURAL PLANTS

I.V. Mitrofanova
FSFIS Tsitsin Main Botanical Garden of the Russian Academy of Sciences, Moscow, the Russian Federation
e-mail: irimitrofanova@yandex.ru

Nowadays biotechnological and genomic methods are actively used for plant biodiversity study. World experience demonstrates the high efficiency of complex research and the possibility of using deeper knowledge about plant development at the early ontogenesis stages. The usage of biotechnological approaches makes it possible to induce the development of plants from various cells, organs and tissues, to obtain the healthy plant material, to study the morphogenetic potential of plant species and cultivars, and to develop effective protocols for their *in vitro* propagation and preservation (such as *Chaenomeles* and etc.). The development of genomic technologies opens up completely new perspectives in the field of research the diversity of plant resources, as a basis for the development of molecular selection methods, studying the fundamental bases of plant adaptation to the effects of stress factors of various etiologies at the cellular, subcellular and molecular levels, including studies of the molecular mechanisms of cellular regulation in morphogenesis, somatic embryogenesis, organogenesis, regeneration and the functioning of the plant signaling system. During horticultural crop investigation, it is necessary to monitor viral phytopathogens. The analysis of the data of metatranscriptome sequencing of total and polyadenylated RNA samples isolated from leaves is carried out. The inclusion in biotechnological investigation the anatomical-morphological, physiological, biochemical and biophysical researches allow us to reveal many mechanisms of growth and development of target plant objects. Preservation by slowly growing *in vitro* collections allow long maintaining the viability of explants. *In vitro* plant gene pool collections of plant samples of horticultural crops and wild species are created.

Acknowledgments. The investigations were funded by a research grant N°25-16-00145 of the Russian Science Foundation.

Key words: plant biodiversity, *in vitro* propagation and preservation, virus phytopathogen monitoring, genomic techology, *in vitro* collection

FRUIT GENETIC RESOURCES AS LIVING ARCHIVES OF EURASIAN HISTORY: FROM DOMESTICATION AND HUMAN MIGRATION TO MOLECULAR CHARACTERIZATION AND CONSERVATION

J. Sedlák, B. Krška, M. Marklová, R. Čmejla
Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd., Holovousy, Czech Republic
e-mail: jiri.sedlak@vsuo.cz

Fruit genetic resources represent not only reservoirs of biological diversity but also living records of interactions between plants and human societies. The history of cultivated fruit crops in Eurasia has been shaped by domestication, long-distance movement of plant material, hybridization, selection and subsequent adaptation to local environmental and cultural conditions. Apple provides a particularly illustrative example. Its domestication is closely connected with Central Asia and *Malus sieversii*, while the westward movement of cultivated forms across Eurasia was accompanied by further introgression and human selection. Historical trade and migration routes therefore contributed not only to cultural exchange but also to the redistribution of plant genetic diversity. At the regional scale, traditional orchards, alleys, gardens and other remnants of historical agricultural landscapes may preserve the results of these processes for centuries. In the Czech Republic, fruit genetic resources were surveyed in three contrasting cultural landscapes: the Podyjí National Park and its surroundings, the agricultural region of Kutná Hora, and the post-industrial landscape of Ostrava. A total of 263 fruit genotypes were documented, including 103 apples, 68 cherries, 47 pears, 34 plums and 11 apricots. The material comprised old and local cultivars, selected seedlings and previously insufficiently characterized genotypes. Field documentation and traditional pomological identification were complemented by molecular characterization using SSR markers. Molecular fingerprinting was used primarily for cultivar identification, verification of genetic similarity and comparison with reference germplasm collections. In several cases, molecular data supported or refined hypotheses based on pomological and historical evidence. Such examples illustrate how genetic methods can complement historical records and traditional knowledge when interpreting the origin and persistence of fruit germplasm in cultural landscapes. Particular attention was paid to locally adapted and long-lived genotypes surviving under low-input conditions. Their persistence does not itself prove the presence of specific adaptive alleles, but it identifies valuable material for further phenotypic and genetic evaluation, including traits associated with disease tolerance, environmental resilience and long-term survival. Conservation strategies should therefore combine *in situ* and on-farm maintenance of valuable trees with *ex situ* germplasm collections and biotechnological approaches such as *in vitro* conservation, especially for selected or endangered genotypes. The integration of historical information, pomology, molecular characterization and plant biotechnology provides a multidisciplinary framework for understanding and conserving fruit genetic resources. Their conservation preserves not only cultivars and alleles, but also biological evidence of human migration, traditional agriculture and long-term plant adaptation, while maintaining potentially valuable diversity for future breeding and sustainable fruit production.

Acknowledgement: This work was supported by the Ministry of Agriculture (project MZE-62216/2022-13113/6.2.4) and NAKI III programme, project No. DH23P03OVV036.

DNA BARCODING: A MOLECULAR FRONTIER FOR BIODIVERSITY CONSERVATION AND TRADE REGULATION

Sharad Tiwari
Biotechnology Centre, Jawaharlal Nehru Agriculture University, Jabalpur, India
e-mail: stiwari@jnkvv.org

The accelerating loss of biodiversity, increasing exploitation of biological resources, and expansion of international trade have created an urgent need for rapid, reliable and scientifically robust methods for species identification and authentication. DNA barcoding, based on short, standardized DNA sequences, has emerged as a powerful molecular tool for identifying species, including morphologically similar, cryptic, fragmented, processed and immature specimens. Standard barcode regions such as COI in animals, rbcL and matK in plants, and ITS in fungi provide complementary approaches for building reference libraries and improving the accuracy of species identification. Recent advances in next-generation sequencing and DNA metabarcoding are further expanding the application of barcoding from individual specimens to entire biological communities. For biodiversity conservation, DNA barcoding can strengthen species inventories, reveal cryptic and previously unrecognized diversity, detect invasive species, monitor threatened taxa and support conservation prioritization. Its ability to identify biological material from small or degraded samples also provides crucial capabilities for wildlife forensics and the detection of illegal harvesting and trade. Integrating DNA barcoding with traditional taxonomy and ecological information provides a more robust framework for biodiversity assessment and conservation decision-making. International trade in wildlife, medicinal plants, timber, fisheries products and other biological commodities presents particular challenges because traded materials are frequently processed or otherwise difficult to identify morphologically. DNA-based authentication can help verify species identity, detect substitution and adulteration, trace illegally sourced material and support enforcement of national and international regulations. DNA barcoding can complement the implementation of the Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES) by providing an objective molecular evidence base for species identification and wildlife-forensic investigations. The CITES Trade Database provides the official international framework for monitoring reported wildlife trade, while molecular identification can strengthen the biological authentication underlying such regulatory systems. At the Biotechnology Centre, JNKVV, our work focuses on DNA barcoding and molecular characterization work on crop cultivars, medicinal plants and weeds. By integrating molecular techniques with computational tools, the centre establishes genetic identities and molecular profiles to aid in biodiversity documentation, crop breeding, and intellectual property rights (IPR) verification. The Centre employs multi-locus plant DNA barcoding to build "genetic passports" for elite crop varieties, landraces, and wild crop relatives maintained in the university's germplasms collected from across the country. Given that university houses one of India's largest and most diverse medicinal plant garden, the centre uses barcoding to verify valuable or endangered medicinal species. Research relies on core plastid markers recommended by the Consortium for the Barcode of Life (CBOL), primarily rbcL + matK alongside supplementary markers like trnH-psbA and ITS. This combined multi-locus approach can improve taxonomic resolution and support cultivar authentication where single genes often lack enough genetic divergence. Molecular barcodes are used to detect adulteration in commercial herbal materials and ensure the genetic authenticity of plants collected from the Central Indian tribal belts. The future of DNA barcoding lies in the integration of curated reference databases, classical taxonomy, genomics, metabarcoding, portable sequencing, and advanced bioinformatics. Developing geographically representative and taxonomically validated barcode libraries, particularly for threatened, endemic, and economically important species, will be essential. Such an integrated approach can transform DNA barcoding from a species-identification technique into a strategic tool for biodiversity conservation, wildlife forensics, biosecurity, and sustainable international trade, helping to ensure that the utilization of biological resources is scientifically authenticated, legally compliant, and ecologically sustainable.

PERSPECTIVES FOR GENOMIC BREEDING OF AGRICULTURAL CROPS IN KAZAKHSTAN

Yerlan Turuspekov
Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
e-mail: yerlant@yahoo.com

Kazakhstan is one of the major agricultural countries of Central Asia, with crop production occurring across highly contrasting agroecological environments. Increasing climate variability, drought, temperature extremes, emerging diseases, and the need for higher, more stable productivity pose new challenges for conventional breeding. Integration of genomic technologies into national breeding programs offers an opportunity to accelerate genetic improvement of major crops and increase the efficiency and precision of selection. During the last two decades, genomic resources have been increasingly developed for wheat, barley, and other crops cultivated in Kazakhstan. High-throughput SNP genotyping, genome-wide association studies (GWAS), quantitative trait locus (QTL) mapping, molecular marker development, germplasm characterization, and genomic prediction provide a foundation for transition from predominantly phenotype-based breeding toward genomics-assisted selection. Multi-environment phenotyping is particularly important for Kazakhstan because of the strong genotype × environment interaction associated with the country's large geographical and climatic diversity. Wheat represents the most advanced example of this transition. Diverse spring and winter wheat germplasm has been evaluated across several regions of Kazakhstan to identify loci associated with phenology, adaptation, productivity, grain quality, and disease resistance. A bread wheat nested association mapping (NAM) population, together with high-density SNP datasets, has enabled multi-environment GWAS and identification of reproducible QTLs for agronomically important traits. Such genomic resources provide opportunities to develop diagnostic markers, identify favorable haplotypes, and improve genomic prediction models. The next stage should integrate GWAS and QTL mapping, whole-genome sequencing, high-throughput genotyping, genomic selection, digital phenotyping, artificial intelligence, and accelerated generation advancement such as Speed Breeding into unified breeding pipelines. Expansion of these approaches to barley, legumes, oilseed, forage and other strategically important crops would enable the development of national genomic breeding platforms. The establishment of integrated genomic breeding systems, supported by representative germplasm collections, multi-environment testing networks, high-throughput phenotyping and shared genomic databases, can substantially shorten breeding cycles and improve selection accuracy. Such an approach will facilitate the development of productive, climate-resilient, high-quality cultivars adapted to Kazakhstan's diverse agricultural environments and strengthen national food security.

Keywords: genomic breeding; crops; genomic selection; GWAS; SNP markers; genomic prediction; Speed Breeding; Kazakhstan.

ЦИТОФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ ЗАКОНОМЕРНОСТИ СОМАТИЧЕСКОГО ЭМБРИОГЕНЕЗА В ДЛИТЕЛЬНО КУЛЬТИВИРУЕМЫХ ТКАНЯХ ЗЕРНОВЫХ – ОСНОВА БИОТЕХНОЛОГИИ СОЗДАНИЯ БИОПРЕПАРАТОВ

Н.К. Бишимбаева[1,2]
[1]НИИ Проблем биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет имени Аль-Фараби, Алматы, Казахстан
[2]Исследовательский центр «Bioscience technologies», Алматы, Казахстан
e-mail: nbishimbayeva@gmail.com

В отличие от животных, растения ведут прикрепленный образ жизни, что обусловило формирование у них уникальной пластичности развития, наиболее яркой формой проявления, которой служит тотипотентность – способность соматической клетки перепрограммироваться в эмбриогенно компетентную и давать начало полноценному организму без оплодотворения посредством соматического эмбриогенеза (СЭ). СЭ – один из ярких примеров высокой пластичности растений и является крайней реакцией клеток на стресс, запускающей механизмы регенерации (Vasil,1992). С другой стороны, СЭ – мощный биотехнологический инструмент для клонального размножения или создания реципиентных систем для генетической трансформации. СЭ является фундаментальным процессом, напрямую связывающим адаптационную устойчивость растений к стрессу и их стратегии размножения, что напрямую связано с продуктивностью с/х культур. Вот почему изучение соматического эмбриогенеза признано одной из важнейших фундаментальных проблем биологии развития. Долгое время оставалось неизвестным, как соматические клетки приобретают способность к СЭ и когда инициируют эту программу (Vogel, 2005). Для выяснения этих вопросов необходимо изучить самые ранние этапы СЭ, что позволит идентифицировать сигналы и индукторы этого процесса (Бутенко, 1999). Это, в свою очередь, позволит выявить принципиально новые регуляторы роста растений (индукторы соматического эмбриогенеза) и сигнальные молекулы с иммуномодулирующей активностью (элиситоры). Цель исследования – выяснить цитофизиологические закономерности индукции и длительного поддержания тотипотентности клеток в культуре тканей зерновых злаков, оценить практическую значимость выявленных сигнальных соединений и индукторов СЭ. В результате изучения процессов цитодифференцировки в длительно культивируемых эмбриогенных каллусных тканях пшеницы (*Triticum aestivum*) и ячменя (*Hordeum vulgare*) нами сформулирована концепция длительного сохранения эмбриогенного потенциала злаков *in vitro*. Основным клеточным механизмом поддержания тотипотентности является блокирование развития ранних проэмбрио и глобул (embryo abortion) под действием 2,4-Д и их последующая дезинтеграция, сопровождающаяся программированной гибелью клеток (ПГК) и образованием пула новых эмбриогенно компетентных клеток. Клетки с признаками ПГК в ходе гибели выделяют экстрацеллюлярные полисахариды (ЭПС) и гликопротеины, распадающиеся на гликановую и белковую фракции. Рост пропорции клеток с признаками ПГК под действием 2,4-Д напрямую коррелирует с накоплением ЭПС и стимуляцией эмбриогенного потенциала ткани. На основе этого процесса циклически формируется новый пул тотипотентных стволовых клеток. Предложенная нами концепция иллюстрирует, что стресс, вызванный высокой концентрацией 2,4-Д, программированная клеточная гибель и экстрацеллюлярные сигнальные метаболиты являются ключевыми факторами индукции и длительного поддержания эмбриогенного потенциала в культуре тканей зерновых *in vitro*. С использованием растительных тест-систем *in vitro* и *in situ,* тест-систем культивируемых клеток животных и человека выявлен широкий спектр биологической активности ЭПС и других экстрацеллюлярных соединений. В совокупности, полученные результаты позволили создать биотехнологическую базу для получения биопрепаратов нового поколения, востребованных в растениеводстве, биотехнологии и медицине. В задачу дальнейших исследований входит изучение молекулярных механизмов действия выявленных биоактивных соединений.

Работа выполнена в рамках НТП МОН РК (ГР № 0197РК00651, ГР № 0103РК00400ГР, № 0106РК00297), целевой научно-технической программы МОН РК (ГР № 0115РК01884).

ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ АСПЕКТЫ БИОЛОГИИ РАСТИТЕЛЬНОЙ КЛЕТОЧНОЙ СТЕНКИ КАК ДИНАМИЧНОЙ СТРУКТУРЫ С ВЫСОКИМ ПОТЕНЦИАЛОМ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В БИОЭКОНОМИКЕ

Т.А. Горшкова
Казанский институт биохимии и биофизики ФИЦ КазНЦ РАН, Казань, Россия
e-mail: gorshkova@kibb.knc.ru

Клеточная стенка – ключевая структура растительного организма, во-многом определяющая особенности его биологии. Однако нет, пожалуй, другого столь масштабного и столь плохо понятого процесса как формирование клеточной стенки. Причин для такого положения вещей несколько. Важнейшая из них – сложность, ранее недооцененная, этой надмолекулярной структуры, в состав которой входят многочисленные полимеры с разнообразными деталями строения и неравномерной локализацией. Еще одна причина – упрощенное и несколько пренебрежительное отношение к клеточной стенке как к мертвому внеклеточному образованию, существовавшее на протяжении веков. Многим казалось, что клеточная стенка - своеобразный «ящик», в котором находится живая протоплазма. Клеточная стенка «ожила» в результате исследований последних десятилетий и превратилась в многофункциональный компартмент растительной клетки с исключительно сложными механизмами формирования и функционирования. В последние годы достигнуты колоссальные успехи в расшифровке молекулярной структуры компонентов клеточной стенки, прежде всего полисахаридов, которые относятся к числу наиболее сложных молекул биологического происхождения. Исследование с применением молекулярно-генетических подходов, анализ модификаций клеточных стенок в развивающемся растении, данные транскриптомики сформировали представление о динамичности структуры клеточной стенки, позволили выявить и охарактеризовать ее компоненты, играющие ключевую роль в осуществлении многочисленных функций этого растительного компартмента. Клеточные стенки составляют 30-90% от сухой массы растительного сырья. Их формирование относится к наиболее заметным процессам в биосфере. Они представляют собой наиболее масштабно возобновляемый ресурс и имеют исключительно высокий потенциал для биоэкономики - экономической системы, основанная на использовании возобновляемых биологических ресурсов и биотехнологий. Но реализуется этот потенциал крайне слабо. Более того, он даже слабо осознается. Несомненным стимулом для развития работ в этом направлении служит новый Национальный проект РФ по развитию биоэкономики, стартовавший в этом году. На формирование клеточных стенок растение затрачивает огромные ресурсы. Около 15% всех генов растительного организма участвуют в формировании и функционировании клеточной стенки. Компоненты клеточной стенки растений как важные детерминанты процессов роста, развития и адаптации растений, с одной стороны, и как ключевые компоненты растительного сырья, во многом определяющие его свойства, с другой, – несомненно востребованные объекты для целенаправленной модификации с использованием молекулярно-генетических технологий. При этом, нематричный синтез полисахаридов за счет многокомпонентных сложноорганизованных комплексов, наличие огромных мультигенных семейств, кодирующих ферменты модификации полисахаридов, сложная, во-многом ещё не познанная система регуляции создают исключительные сложности для генетических манипуляций. И тем не менее, первые шаги в этом направлении уже сделаны, и работы активно развиваются. В обзорном докладе будут освещены основные проблемы, достигнутые успехи и возможные перспективы работ по исследованию механизмов функционирования клеточных стенок в растительном организме и реализации потенциала растительной биомассы в развитии биоэкономики. Работы поддержаны грантом РНФ #24-14-00383.

ГАПЛОИДНАЯ БИОТЕХНОЛОГИЯ ДЛЯ СОЗДАНИЯ СЕЛЕКЦИОННО-ЦЕННОГО ИСХОДНОГО МАТЕРИАЛА РАПСА

К.Ж. Жамбакин, А.К. Даурова
Институт биологии и биотехнологии растений КН МНВО РК, г. Алматы

Для Казахстана особый интерес представляет создание генотипов пищевого рапса, сочетающих низкое содержание эруковой кислоты и глюкозинолатов с высокой продуктивностью, качеством масла и адаптивностью к неблагоприятным условиям среды. В стране мало высокопродуктивных отечественных сортов, устойчивых к засушливым условиям выращивания рапса. Исследования посвящены получению удвоенных гаплоидов в культуре изолированных микроспор рапса. Исходным материалом служили сорта, а также внутривидовые и межвидовые гибриды. Были получены дигаплоидные растения двух межвидовых гибридов *Brassica napus* и *Brassica rapa*. Семена этих удвоенных гаплоидов различались по цвету и размеру. Гибридная природа полученных удвоенных гаплоидов была подтверждена с помощью метода геномной гибридизации *in situ* (GISH). Оценка засухоустойчивости на этапе прорастания семян в среде с добавлением PEG-6000 показала преимущество удвоенных гаплоидов, полученных из межвидовых гибридов, по сравнению с родительскими сортами. Полученные линии при дефиците влаги отличались высокой всхожестью семян, сохранением водного статуса тканей, развитием корневой системы и повышенной активностью антиоксидантных ферментов. Среди мутантных линий выделены генотипы, способные сохранять основные элементы семенной продуктивности при ограниченном водообеспечении. Масло, извлеченное из семян этих удвоенных гаплоидов, обладает высокой пищевой ценностью. Агрономическая оценка и анализ жирнокислотного состава семян мутантных линий показали наличие у них ценных признаков, касающихся качества масла и урожайности. Анализ жирнокислотного состава семян полученных мутантных удвоенных гаплоидов выявил увеличение доли олеиновой кислоты (на ~11–12%) по сравнению с исходными сортами-донорами. Результаты демонстрируют, что мутагенез эмбрионов в культуре изолированных микроспор является перспективным методом улучшения качественных характеристик рапса и сурепицы. Мутантные линии сочетали в себе улучшенный жирнокислотный состав с высокой урожайностью и холодостойкостью. Полученные результаты подтверждают более высокую продуктивность мутантных линий удвоенных гаплоидов, а также их способность адаптироваться к изменчивым условиям окружающей среды. В результате индуцированного мутагенеза вторичных эмбриоидов, полученных в культуре изолированных микроспор сортов, и применения технологии удвоенных гаплоидов сформирована коллекция из 80 линий рапса. Молекулярно-генетическая характеристика созданного селекционного материала позволили охарактеризовать генетическое разнообразие исследованных образцов и выявить различия между линиями в зависимости от их происхождения. Полученные результаты дополнили морфологическую и биохимическую характеристику созданного селекционного материала. Комплексная оценка устойчивости к абиотическим стрессам и хозяйственно ценным признакам позволила выделить 36 перспективных DH-линий, которые были переданы в ТОО «Научно-производственный центр зернового хозяйства имени А. И. Бараева» для проведения полевых испытаний и отбора ценного исходного селекционного материала. Коллекция генетически стабильных DH-линий может быть использована для расширения генетического разнообразия исходного селекционного материала и дальнейшего создания отечественных сортов и гибридов рапса, сочетающих высокую продуктивность, улучшенное качество семян и устойчивость к неблагоприятным факторам среды.

КРИОБИОТЕХНОЛОГИЯ ДЛЯ СОХРАНЕНИЯ БИОРАЗНООБРАЗИЯ И РАЦИОНАЛЬНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ РАСТИТЕЛЬНЫХ РЕСУРСОВ КАЗАХСТАНА

С.В. Кушнаренко, Н.К. Рымханова, У.А. Манапканова, Н.В. Ромаданова, Т.Т. Турдиев, И.Р. Рахимбаев
Институт биологии и биотехнологии растений
Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан
e-mail: svetlana_bio@mail.ru

Сохранение биоразнообразия растений представляет собой одну из ключевых задач устойчивого развития, особенно в условиях изменения климата, деградации экосистем и усиленного антропогенного воздействия. Казахстан, обладая уникальным флористическим разнообразием, включая значительное число эндемичных и редких видов, нуждается в современных биотехнологических подходах для охраны и восстановления растительных ресурсов. Одним из эффективных направлений является криобиотехнология, позволяющая обеспечивать долгосрочное сохранение растительного генетического материала при сверхнизких температурах. Замораживание семян, меристем, почек и других органов растений в жидком азоте (-196°C) обеспечивает сохранение их жизнеспособности и генетической стабильности на протяжении десятилетий. Это особенно важно для защиты видов, находящихся под угрозой исчезновения или имеющих ограниченный ареал распространения. В Институте биологии и биотехнологии растений разработаны регламенты микроклонального размножения и криоконсервации для многих плодовых, ягодных, орехоплодных и лесных культур. Методы криобиотехнологии применяются для решения следующих задач:

- сохранение биоразнообразия экономически значимых, а также редких и исчезающих видов дикорастущих растений Казахстана в культуре *in vitro* и в криогенном банке при сверхнизкой температуре (-196°C);
- оздоровление сельскохозяйственных культур от фитопатогенов, включая вирусы и бактерии;
- восстановление нарушенных экосистем и деградирующих природных популяций;
- озеленение населенных пунктов и создание лесных насаждений вдоль автомобильных и железных дорог.

В созданном криогенном банке сохраняются 1240 сортов, гибридов и диких форм яблони, груши, малины, смородины, жимолости и барбариса. Особую ценность представляют виды, занесенные в Красную книгу Казахстана: реликтовый эндемик *Malus sieversii*, численность популяций которого сокращаются; эндемичные исчезающие виды *Berberis iliensis* и *Lonicera iliensis*, а также *Pyrus regelii.*

Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан в рамках Программно-целевого финансирования BR28712539.

ИНТЕГРАЦИЯ КЛЕТОЧНЫХ, ГЕНЕТИЧЕСКИХ И ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ: ДОСТИЖЕНИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ БИОТЕХНОЛОГИИ РАСТЕНИЙ

Ш.А. Манабаева
Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан
e-mail: manabayeva@biocenter.kz

Современная биотехнология растений объединяет методы культуры клеток и тканей, генетической инженерии, геномного редактирования и молекулярной генетики. Их комплексное применение позволяет создавать хозяйственно ценные формы сельскохозяйственных культур, получать рекомбинантные белки и биологически активные вещества, а также решать задачи сохранения растительного биоразнообразия. В области клеточной инженерии разработаны системы введения в культуру *in vitro*, каллусогенеза, морфогенеза и регенерации растений. Для казахстанских сортов хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.) разработан эффективный способ регенерации побегов из стеблевых апикальных меристем и пазушных почек. Для генетической трансформации хлопчатника сконструирована плазмида pBPAT-GFP, содержащая селективный ген *pat* и репортёрный ген *gfp*. Оптимизированы параметры *Agrobacterium*-опосредованной трансформации и получены генетически модифицированные растения хлопчатника, устойчивые к гербициду фосфинотрицину. Возможности растений как биофабрик продемонстрированы на примере экспрессии в *Nicotiana benthamiana* рекомбинантного гликопротеина gp51 вируса лейкоза крупного рогатого скота. Специфическое взаимодействие очищенного белка с сыворотками инфицированных животных подтвердило перспективность разработанной системы для создания диагностических тестов. Технология CRISPR/Cas9 применена для направленного редактирования гена *gbss* картофеля. Использование нескольких направляющих РНК позволило получить три- и тетрааллельные мутантные линии с полным выключением целевого гена и безамилозным фенотипом, представляющие интерес для производства крахмала с заданными технологическими свойствами. Повышена эффективность системы CRISPR/Cas9 за счёт оптимизации её элементов и подходов к доставке компонентов редактирования в ядерный геном картофеля. На основе анализа генома тетраплоидного картофеля выявлены гены-кандидаты, ассоциированные с устойчивостью к засухе, и для функционального анализа выбраны гены *TRE* (*trehalase*) и *OST2* (*Open Stomata 2*), участвующие в регуляции метаболизма трегалозы, устьичной регуляции и водного обмена. Полученные мутантные линии картофеля представляют интерес для изучения молекулярных механизмов засухоустойчивости и создания стрессоустойчивых форм культуры. Разработан подход к стимулированию синтеза ценных вторичных метаболитов в каллусных культурах лекарственного растения *Cistanche deserticola*. Применение абиотических стрессоров обеспечило направленное повышение содержания фенилэтаноидных гликозидов. Полученные результаты подтверждают перспективность клеточных культур как контролируемой платформы для производства биологически активных соединений. Для идентификации и сохранения редких видов тюльпанов Казахстана применены ДНК-баркодирование и секвенирование хлоропластных геномов. Определены информативные маркерные участки, перспективные для идентификации видов и оценки их генетического разнообразия.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ ДЛЯ ВОЗДЕЛЫВАНИЯ СЕВЕРНЕЕ 50° СЕВЕРНОЙ ШИРОТЫ

А. Моргунов[1], Т. Шелаева[1], В. Чудинов[2], Е. Федоренко[3], М. Есимбекова[4], К. Ермекбаев[5], Б. Акин[6], В. Шаманин[7], Т. Савин[1,8]

[1] РГП «Научно-производственный центр зернового хозяйства им. А.И. Бараева», п. Шортанды, Казахстан

[2] Карабалыкская СХОС, п. Научный. Костанайская обл., Казахстан

[3] Северо-Казахстанская СХОС, п. Шагалалы, Казахстан

[4] Казахский НИИ земледелия и растениеводства, п. Алмалыбак, Алматинская обл., Казахстан

[5] Институт биотехнологии и экологии, Жетысуский университет им. И. Жансугурова, г. Талдыкорган, Казахстан

[6] Международный центр по улучшению кукурузы и пшеницы (СИММИТ), г. Анкара, Турция

[7] Омский государственный аграрный университет им. П.А. Столыпина, г. Омск, Россия

[8] Департамент исследований «Stev Agro», г. Астана, Казахстан

e-mail: alexey.morgounov@gmail.com

Озимая пшеница (*Triticum aestivum* L.) занимает менее 1% посевных площадей в Северном Казахстане, несмотря на её потенциал для диверсификации производства, более высокую урожайность и потепление климата. Целью работы являлась комплексная оценка мировой коллекции генетических ресурсов озимой пшеницы в условиях Северного Казахстана для отбора перспективного материала для производства и селекции. Исследование проведено в 2024–2026 гг. на трёх опытных станциях Северного Казахстана (НПЦ зернового хозяйства им. А.И. Бараева, Карабалыкская и Северо-Казахстанская СХОС), расположенных севернее 50° с.ш., и на юго-востоке (Казахский НИИ земледелия и растениеводства). Коллекция включала 152 образца из 5 стран (США, Россия, Турция, Болгария, Казахстан), полученных более чем от 15 селекционных программ, и 4 стандартных сорта. Реакция образцов на яровизацию изучена на платформе ускоренной селекции Жетысуского университета им. И. Жансугурова (варианты 0, 20 и 40 суток). Все три года исследования отличались тёплыми зимами, что отражает тенденцию изменения климата. Перезимовка превысила 60% в шести из восьми северных опытов. Отрицательное влияние на перезимовку оказывали низкие температуры января, положительное — тёплая погода октября–ноября и снежный покров в январе. Требования к яровизации остаются важным фактором, определяющим зимостойкость, особенно при жёстком зимнем стрессе. Урожайность зерна на северных станциях превысила 5 т/га, подтвердив потенциал и конкурентоспособность культуры. Материал зарубежной селекции — из России (селекционные центры Донской и Национальный центр зерна, сибирские программы) и США (Канзас, Монтана, Небраска) — показал высокую зимостойкость, продуктивность и устойчивость к болезням, не уступая местным более высокорослым и позднеспелым формам. Низко- и среднерослые скороспелые образцы оказались конкурентоспособны с местным материалом, расширяя генетическое разнообразие для селекции. Полученные результаты подтверждают перспективность возделывания озимой пшеницы в Северном Казахстане и создают ценный исходный материал для селекционных программ региона, а также подчёркивают значимость международного обмена генетическими ресурсами для повышения зимостойкости, продуктивности и устойчивости к болезням этой культуры.

Исследование выполнены в рамках грантового финансирования Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан на 2025-2027 годы по проекту ИРН AP26100299 «Зимостойкие и высокоурожайные сорта озимой пшеницы для Северного Казахстана с использованием мировых генетических ресурсов, геномики и физиологии растений».

СПЕЦИФИКА КУЛЬТУР КЛЕТОК ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ КАК ИСТОЧНИКА БИОЛОГИЧЕСКИ-АКТИВНЫХ СОЕДИНЕНИЙ – ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ

А.М. Носов[1,2]
[1]Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия
[2]Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва, Россия
e-mail**:** al_nosov@mail.ru

Использование культур клеток высших растений является альтернативным биотехнологическим способом получения биологически-активных веществ (БАВ) растительного происхождения. Анализ современного состояния проблемы образования вторичных метаболитов в культурах клеток свидетельствует, что их синтез в клетках *in vitro* происходит достаточно интенсивно, но качественный и количественный состав соединений, как правило, отличен от такового в органах интактного растения и определяется спецификой существования клеток *in vitro*, - то есть биомасса культуры клеток не является аналогом традиционного сырья из интактных растений. Культура клеток – экспериментально созданная биологическая система с рядом уникальных особенностей, большинство из которых обусловлено сменой механизма контроля развития системы: клетки *in vitro* переходят от организменной системы управления развития к популяционной, при этом кардинально изменяются принципы регуляции метаболизма и межклеточных взаимодействий. Система состоит из истинно дедифференцированных пролиферирующих клеток; отбор клеток происходит по признаку интенсивности и/или устойчивости пролиферации; характерна гетерогенность клеток по различным признакам. Принципиально важно, что популяционные механизмы развития системы должны приводить к исчезновению признаков, которые не способствуют пролиферации клеток – к таким признакам относится вторичный метаболизм, который в растении выполняет «организменные» функции и является основой образования целевых БАВ, важных для практического использования культур клеток. В течение полувека исследований парадигма о закономерностях вторичного метаболизма в клетках *in vitro* менялась несколько раз: от его обязательного исчезновения – до образования лишь тех соединений, которые способствуют пролиферации клеток. Анализ современной информации об образовании вторичных метаболитов в культурах клеток растений показывает, что их синтез обычно происходит достаточно интенсивно, но имеет существенные специфичные особенности. Ряд примеров из опыта работы. Отдела биологии клетки и биотехнологии ИФР РАН, подтверждающих это утверждение. Культуры клеток *Dioscorea deltoidea, Tribulus terrestris* практически не синтезируют спиростаноловые стероидные гликозиды, но синтезируют гликозиды фуростанолового ряда, причем в значительно больших количествах, чем интактные растения. Для культур клеток нескольких видов женьшеня *Panax* spp. характерно преимущественное образование гинзенозидов олеанолового, а не даммаранового типа; происходит сдвиг соотношений индивидуальных гинзенозидов; появление в значительных количествах малонилированных форм соединений. Для культур клеток *Digitalis* spp., *Ajuga* spp. вместо синтеза стероидных соединений (карденолидов или экдистероидов) происходит образование фенилэтаноидов. Культуры клеток тиса *Taxus* spp. активно синтезируют противоопухолевые дитерпеноиды (таксоиды), но преимущественно С14-ОН, но не С13-ОН групп соединений, к которым относится паклитаксел. Важно, что изменением условий культивирования можно существенно изменять и управлять образованием целевых вторичных метаболитов. Эти примеры, как и анализ литературы, подтверждают важность и перспективность использования биомассы культур клеток в качестве уникального растительного сырья для нужд фармацевтики, космецевтики и нутрицевтики.

ПЕПТИДЫ РАСТИТЕЛЬНОГО ИММУНИТЕТА: ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ

Е.А. Рогожин[1,2]
[1]Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Москва, Россия
[2]Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург, Россия
e-mail: rea21@list.ru

Врожденный иммунитет растений представляет собой сложный и многогранный механизм, в котором задействовано большое количество биохимических процессов, начиная от транскрипционной активности регуляторных генов и заканчивая биосинтезом вторичных метаболитов и специализированных макромолекул, к числу которых относятся белки и пептиды с защитной функцией. Среди имеющегося разнообразия таких полипептидов отдельное внимание в последнее время уделяется эффекторным молекулам, реализующим мультифункциональное действие, в частности, как участвующие в конститутивном и/или индуцированном иммунитете растительного организма в ответ на биотический и/или абиотический стресс, так и вовлеченные в физиолого-биохимические процессы. В рамках данного сообщения будут представлены актуальные данные по разнообразию защитных пептидов растений, их роль в иммунитете и способах реализации биологической активности. Отдельно будут рассмотрены структурно-функциональные аспекты цистеин-богатых регуляторных пептидов и представлены молекулярные механизмы их действия. Кроме того, будут рассмотрены основные способы получения прототипов препаратов на основе пептидов и приведены данные по оценке их рострегулирующих и иммуномодулирующих свойств в лабораторных и вегетационных экспериментах.

Исследование поддержано грантом Российского научного фонда (проект № 25-46-02057).

РАСТИТЕЛЬНЫЙ МИР КАЗАХСТАНА В ФОКУСЕ СОВРЕМЕННОЙ НАУКИ: ОТ ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ К ЦИФРОВЫМ ТЕХНОЛОГИЯМ

Г.Т. Ситпаева
РГП «Институт ботаники и фитоинтродукции» КЛХЖМ МЭПР РК, Алматы
e-mail: sitpaeva@mail.ru

Фундаментальные ботанические исследования формируют научную основу изучения, сохранения и рационального использования растительного разнообразия. Флористические, геоботанические, таксономические, морфолого-анатомические и молекулярно-генетические методы обеспечивают получение первичных данных о видовом составе, распространении, структуре и изменчивости растений. Интеграция этих подходов с современными цифровыми и геоинформационными технологиями расширяет возможности пространственного анализа, мониторинга и прогнозирования изменений растительного покрова Казахстана. Существенное развитие получили геоботаническое картографирование и пространственный анализ растительности с применением геоинформационных систем (ГИС). Созданы среднемасштабные цифровые карты экосистем Северного Тянь-Шаня (Илейский, Кунгей и Терскей Алатау, хребет Кетпен) и Балхаш-Алакольской котловины. Разработаны карты кормовых ресурсов устюртской и бетпакдалинской популяций сайгака, отражающие пространственное распределение и кормовой потенциал пастбищных экосистем. Перспективным направлением является картографирование современного распространения яблони Сиверса (*Malus sieversii*) и моделирование потенциально пригодных местообитаний с учётом сценариев изменения климата для обоснования природоохранных и лесовосстановительных мероприятий. Параллельно развивается система цифровых кадастров растительного мира. На специализированной платформе Bio (biokadastr.kz) сформированы региональные информационные ресурсы Западно-Казахстанской и Улытауской областей. Продолжаются актуализация и интеграция кадастровых данных с перспективой последовательного охвата остальных регионов Казахстана и формирования единой информационной системы растительного разнообразия. В области цифровизации коллекционных фондов выполнена аэрофотосъёмка территорий Главного ботанического сада, Илийского и Жезказганского ботанических садов для цифрового картографирования и пространственной привязки коллекционных объектов. Впервые начата цифровизация коллекционного участка «Кониферетум» Главного ботанического сада, подготовлены QR-коды, проводятся тестирование и установка информационных этикеток со штрихкодами, формируется электронная база данных коллекционных участков. Реализация этих подходов направлена на автоматизацию учёта растений, обеспечение доступа к сведениям о коллекционных образцах и цифровизацию фенологических наблюдений. Дальнейшее развитие данного направления предусматривается в рамках предлагаемой научно-технической программы по мониторингу и цифровизации коллекционных фондов государственных ботанических садов. Практическим результатом цифровизации городского озеленения стала разработка единых реестров и баз данных зелёных насаждений городов Тараза и Каратау Жамбылской области, зарегистрированных в Государственном реестре прав на объекты, охраняемые авторским правом (свидетельства № 65632 и № 80271 соответственно). Созданные ресурсы формируют информационную основу для систематизированного учёта, мониторинга и планирования мероприятий по сохранению городских зелёных насаждений. Одним из значимых направлений цифровизации является создание электронных гербарных фондов. В рамках сотрудничества Института ботаники и фитоинтродукции с Синьцзянским институтом экологии и географии Китайской академии наук оцифровано 130 000 гербарных образцов высших сосудистых растений Казахстана, проведены стандартизация этикеточных данных и систематизация таксономической и географической информации. Предусматривается публикация сформированного массива данных на международной платформе GBIF (Global Biodiversity Information Facility). Одновременно продолжается документирование распространения растений с использованием платформ iNaturalist и Plantarium, способствующих накоплению географически привязанных фотонаблюдений и уточнению сведений о флоре Казахстана. Интеграция фундаментальных ботанических исследований, цифровых гербариев, геоинформационного картографирования, электронных кадастров и технологий моделирования способствует переходу к комплексному изучению и прогнозированию состояния растительного мира Казахстана. Продолжающиеся исследования направлены на расширение цифровых информационных ресурсов, совершенствование мониторинга и формирование научной основы устойчивого управления растительным разнообразием страны.

Section 1.

Genetic resources, biodiversity and plant breeding

Секция 1.

Генетические ресурсы, биоразнообразие и селекция растений

SCREENING KAZAKHSTAN COTTON GERMPLASM FOR SALT AND DROUGHT TOLERANCE USING KEY PHENOTYPIC TRAITS

M. Ramazanova[1], A. Orken[1,2], N. Zhumabay[1,3], S. Makhmadjanov[4], Sh. Manabayeva[1,2,3], D. Tussipkan[1]

[1]Plant Genetic Engineering Laboratory, National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan
[2]General Biology and Genomics Department, Faculty of Natural Sciences, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan
[3]Institute of Veterinary and Agrotechnology, West Kazakhstan Agrarian and Technical University Named After Zhangir Khan, Oral, Kazakhstan
[4]Department of Transfer and Adaptation of Crop Varieties, Agricultural Experimental Station of Cotton and Melon Growing, Atakent, Kazakhstan
e-mail: ramazanova@biocenter.kz

In arid and semi-arid regions, soil salinity and drought are major constraints to cotton productivity. Kazakhstan is the northernmost country where cotton is commercially cultivated, with production concentrated primarily in the Turkistan Region, where increasing water scarcity, soil salinization, and rising temperatures pose growing challenges to cotton production. Identifying locally adapted germplasm with enhanced tolerance to these stresses is therefore important for maintaining productivity and supporting climate-resilient cotton breeding. This research aimed to characterize and classify salt- and drought-tolerant genotypes within the Kazakhstan cotton germplasm collection using key phenotypic traits. Fifty-six *Gossypium hirsutum* genotypes were evaluated under controlled conditions using NaCl and polyethylene glycol (PEG-6000) to simulate salinity and drought stress, respectively. Six morphophysiological traits were assessed: germination rate (GR), plant fresh weight (PFW), plant height (PH), root dry weight (RDW), cotyledon area (CA), and relative water content (RWC). The study focused on characterizing phenotypic variability, determining suitable stress levels for large-scale screening, identifying informative traits for genotype classification, and detecting genotypes with combined tolerance to both stresses. Increasing NaCl concentrations progressively reduced plant growth and water status. At 200 mM NaCl, significant reductions were observed in PH, PFW, RDW, CA, and RWC ($p < 0.0001$), whereas GR remained comparatively stable. At higher concentrations (250–300 mM), all measured traits, including germination, were strongly affected, indicating severe stress. Regression analysis identified 200 mM NaCl as an appropriate screening level for salinity tolerance, while 20–30% PEG-6000 was identified as suitable for drought screening. Membership function analysis followed by cluster analysis classified the genotypes into five tolerance groups. Eight genotypes – M-4016-6, M-4031-8, M-4014-6, M-4029-9, M-4016-7, M-4016-8, M-4020-2, and M-4016-4 – exhibited high tolerance to both salinity and drought, while several additional genotypes showed combined tolerance. Principal component analysis revealed contrasting patterns of genotype responses to the two stresses, suggesting stress-specific adaptation. Overall, the study demonstrates substantial phenotypic variability within the Kazakhstan cotton germplasm collection and identifies promising genetic resources for breeding cotton cultivars adapted to drought- and salinity-prone environments.

FIELD SCREENING OF UPLAND COTTON GERMPLASM FOR EARLY MATURITY AND YIELD IN SOUTHERN KAZAKHSTAN

D. Tussipkan[1], N. Zhumabay[1,3], S. Makhmadjanov[4], M. Ramazanova[1], A. Orken[1,2], Sh. Manabayeva[1,2,3]

[1]Plant Genetic Engineering Laboratory, National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan
[2]General Biology and Genomics Department, Faculty of Natural Sciences, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan
[3]Institute of Veterinary and Agrotechnology, West Kazakhstan Agrarian and Technical University Named After Zhangir Khan, Oral, Kazakhstan
[4]Department of Transfer and Adaptation of Crop Varieties, Agricultural Experimental Station of Cotton and Melon Growing, Atakent, Kazakhstan
e-mail: tussipkan@biocenter.kz

Cotton production in Kazakhstan is concentrated in the Turkestan Region, located at the northern boundary of commercial cotton cultivation. The limited warm period, scarce rainfall, fluctuating groundwater and risk of cool autumn conditions make rapid development and reliable productivity central breeding priorities. This work evaluated phenotypic diversity within the Kazakhstan upland cotton collection and sought accessions combining early boll opening with high seed-cotton yield. A total of 750 *Gossypium hirsutum* accessions were examined across four field seasons (2021-2024) at the Agricultural Experimental Station of Cotton and Melon Growing in southern Kazakhstan. The trial occupied 8 hectares of light sierozem soil and followed a randomized complete block design with three replications. Thirteen indicators describing emergence, flowering, maturity, plant architecture, stand survival, fruiting structures and seed-cotton yield were recorded; M-5027 served as the reference cultivar. The dataset was assessed by one-way ANOVA, Pearson's correlation, principal component analysis (PCA), and k-means clustering (k = 5) based on membership function values. Every recorded trait differed significantly among seasons ($p < 0.001$), confirming strong environmental modulation of accession performance. Mean seed-cotton yield was 3351, 3162, 1520 and 3334 kg/ha in 2021, 2022, 2023 and 2024, respectively. The sharp reduction in 2023 was followed by recovery in 2024, when the best accession reached 6970 kg/ha. Yield and excess yield were positively related to final plant height and the number of fruiting structures. PCA clearly separated the growing seasons and identified air temperature and precipitation as the largest contributors to overall variation, followed by yield traits and groundwater depth. Multitrait clustering resolved contrasting groups for earliness and productivity. 41 accessions were shortlisted: 9 in 2021, 8 in 2022, 6 in 2023 and 18 in 2024. Depending on season, these candidates yielded 1230-6079 kg/ha and reached 50% maturity within 113-130 days. The Kazakhstan cotton collection contains broad and potentially useful variation in developmental timing, plant architecture and agronomic performance. Integrating multiple traits provided a more balanced basis for selection than yield alone and enabled the identification of early, productive material for the northern cotton-growing zone. The 41 candidates are promising donors for cultivars with a shorter production cycle and improved yield potential, although their stability and stress tolerance should be verified in replicated multi-environment trials.

INTEGRATING *IN VITRO* AND *IN SILICO* STUDIES TO INVESTIGATE THE BIOACTIVE COMPOUNDS OF *LOBELIA ANGULATE* FROM NORTHEAST INDIA AGAINST STOMACH CANCER

Yengkhom Tunginba Singh
Department of Life Sciences (Botany), Manipur University, Imphal- 795003, Manipur, India
e-mail: tunginba@anipuriniv.ac.in

One of the most prevalent and deadliest cancers in the world is stomach cancer (SC). Although the use of herbal medicines for the treatment of SC is gaining, the multi-compound-multitarget pharmacological mechanisms involved have not yet been fully understood. Therefore, the present study was designed to investigate the traditional herbal anticancer medicine *Lobelia angulata* L. (LA) against SC. In vitro, cytotoxicity using MTT and LDH assays were used to determine the antiproliferative potential of the plant extract, a network pharmacology approach. Further, molecular docking and molecular dynamic simulation have also been done for the potential compounds. The results showed that LA compounds increased chemosensitivity and decreased the viability of human SC cells. Further, the protein-protein interaction (PPI) network construction showed that phytochemicals in LA specifically target AKT1 genes and proteins related to SC. The gene ontology (GO) enrichment analysis revealed that the targets of LA may be implicated in several biological processes, including cellular proliferation, survival, and death. Further, the KEGG pathway analysis showed significant LA target SC-associated pathways such as VEGF, and ErbB, pathways. The molecular docking analysis revealed that the compound maximaflavanone A (MA), and primuletin may be promising novel new drug forms. Therefore, the present study proposed that LA might be viewed as a resource with the potential to improve health from a pharmacological standpoint.

Keywords: *Lobelia angulata*, maximaflavanone A, molecular dynamic simulation, Mizoram, network pharmacology, stomach cancer

SCALING PARTICIPATORY VARIETAL EVALUATION THROUGH TRICOT: CROWDSOURCED MULTI-ENVIRONMENT TESTING ACROSS DIVERSE AGRO-ECOLOGIES IN INDIA

Rashmi Yadav[1*], Harinder Vishwakarma[2], Rakesh Bhardwaj[1], and Jai Chand Rana[2]
[1]ICAR-National Bureau of Plant Genetic Resources, Pusa Campus, New Delhi, India
[2]Alliance of Bioversity International and CIAT, Pusa Campus, New Delhi
[*]e-mail: rashmi.yadav1@icar.org.in

Climate change, increasing environmental heterogeneity, and diverse farmer preferences demand varietal evaluation systems that capture crop performance across real-world production environments. The Triadic Comparison of Technologies (TRICOT) approach combines citizen science, crowdsourcing, and digital technologies to enable decentralized, cost-effective, and statistically robust participatory varietal evaluation. We applied TRICOT to evaluate 221 varieties of 11 crops across four contrasting locations—Akole and Shahada (Maharashtra), Kaprada (Gujarat), and Sambalpur (Odisha)—involving 450 farmers. Each farmer evaluated three randomly assigned varieties under their own management conditions and ranked them for agronomic performance and preference traits. Data were digitally captured using ODK Collect and managed through the ClimMob platform. Mother trials involving 163 varieties of nine crops complemented the decentralized evaluations. Farmer-generated ranking data were analysed using Plackett–Luce models to estimate varietal worth and identify differences in performance and preferences across heterogeneous environments. The decentralized design enabled assessment of genotype × environment × management interactions and identification of varieties showing context-specific adaptation and farmer-preferred traits. Promising materials included HA 17-3 and IC 0623093 dolichos bean; Kala mung, Sudha mung, and Chaita mung; Nagli and T15 finger millet; Dhanori, CLMV-1, and OLM-203 little millet; CKMV-1 kodo millet; and Vikram TCR, TCDM-1, and TCVM rice. Overall, TRICOT generated comparative evidence across 221 varieties, 11 crops, four agroecologies, and 450 farmer-managed environments. The study demonstrates the potential of TRICOT as a scalable multi-environment testing framework that integrates farmer preferences with quantitative varietal performance, strengthening breeding decisions, variety advancement, and accelerated deployment of locally adapted, climate-resilient varieties.

Keywords: TRICOT; participatory varietal evaluation; farmer preferences; Plackett–Luce model; genotype × environment interaction; climate-resilient varieties; agrobiodiversity.

COORDINATED MEMBRANE LIPID TURNOVER ACCOMPANIES SUCCESSFUL CRYOPRESERVATION OF APPLE DORMANT BUDS AT 30% MOISTURE

Jinmei Zhang
Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences
e-mail: zhangjinmei@caas.cn

Cryopreservation of dormant buds is an effective strategy for long-term conservation of woody plant germplasm, yet the mechanistic basis of post-cryopreservation regrowth remains elusive. Here, we subjected apple dormant buds adjusted to 40%, 30%, and 20% moisture content (MC) to a standard cryopreservation protocol involving dehydration, controlled cooling, liquid nitrogen exposure, and rehydration, followed by grafting for regrowth assessment. We found that buds at 30% MC achieved the highest regrowth rate (93.33%). Integrated analyses of water status, membrane integrity, ROS metabolism, lipidomic profiles, phospholipase activities, and expression of lipid metabolism-related genes revealed a coordinated lipid remodeling response that distinguished 30% MC buds from the others. Notably, phosphatidic acid (PA), phosphatidyl choline (PC), and phosphatidyl ethanolamine (PE) exhibited synchronized turnover before and after LN exposure. Membrane fluidity decreased during dehydration but was restored upon rehydration—a reversible shift that correlated closely with successful recovery. Our findings demonstrate that moisture content dictates cryopreservation outcomes through differential regulation of membrane lipid metabolism and gene expression, offering both mechanistic insights and practical guidelines for optimizing woody germplasm conservation.

СОХРАНЕНИЕ АГРОБИОРАЗНООБРАЗИЯ В КОЛЛЕЦИИ *IN VITRO*

Х.И. Бободжанова
Таджикский национальный университет, Центр биотехнологии
Таджикистан, 734025, г. Душанбе, проспект Рудаки 17
e-mail: bobojankh_7@bk.ru

Таджикистан, в силу своего географического положения и природно-климатических условий является уникальной как по составу, так и по численности биологических ресурсов, страной. В условиях перехода экономики к рыночным отношениям возрастает вовлечение в хозяйственный оборот компонентов уникального и хрупкого биоразнообразия страны, что создает угрозу нарушения его баланса. Изучение и сохранение биоразнообразия Таджикистана имеет большое практическое и теоретическое значение как на региональном и национальном уровне, так и в глобальном масштабе. Учитывая важность биоразнообразия для эколого-экономического развития страны, политика Правительства Таджикистана направлена на сохранение и устойчивое использование биологических ресурсов. Таджикистан в 1997 г. ратифицировал Конвенцию по биоразнообразию. В стране приняты Законы РТ «Об охране и использовании растительного мира», «Об особых охраняемых природных территориях», «О биологической безопасности», «О пастбищах», «О генетических ресурсах», «Об охране сортов растений» определяют базовое значение в вопросах регулирования сохранения и использования биоразнообразия. Территория Таджикистана является одним из мировых центров видообразования живых организмов и играет важнейшую роль в сохранении глобального биоразнообразия. В целях создания генофонда редких и исчезающих видов, ценных селекционных объектов и штаммов, являющихся продуцентами экономически важных веществ разрабатываются методы создания коллекций банков *in vitro.* Разработка протоколов микроклонального размножения является основой для создания *in vitro* генетических банков редких и исчезающих видов растений, а также одним из перспективных направлений сохранения биоразнообразия в целом. Для создания коллекции винограда при минимальной вегетации *in vitro*, рекомендуется беспересадочное хранение в условиях низких положительных температур при полном отсутствии освещения в течение пяти (количество жизнеспособных растений-регенерантов варьирует от 50 – до 93 %) и восьми месяцев (от 61,7 – до 83,3 %). Хранение в течение 16-ти месяцев приводит к значительному снижению числа жизнеспособных эксплантов (от 11,1 – до 32,5 %). Жизнеспособность микропобегов подвоев яблони в течение депонирования при полном отсутствии света и температуре +3...+5^{0}С сохраняется в течение 75 дней и составляет 98,2, 100 и 98,8% для подвоев М9, ММ106 и Р22 соответственно. Коэффициенты размножения до и после депонирования в течение 75 дней для подвоев М9 и Р22 существенно не изменялись. Для подвоя ММ106 отмечено значительное снижение коэффициента размножения после депонирования (с 3,8 до 2,0). Показана разная жизнеспособность микророзеток земляники сорта Альбион и Ханоэ после депонирования (84,1 и 33,2% соответственно). Коэффициент микроразмножения после хладохранения для земляники сорта Альбион и Ханоэ составил 4,2 и 1, 7 соответственно. Таким образом, в *in vitro* коллекции Центра биотехнологии Таджикского национального университета сохраняется 3200 клонов вегетативно рамножаемых растений. Из них: 23 – сорта винограда, 3 – типа подвоев яблони, 2 – типа подвоев косточковых культур, 4 – сорта малины.

ВЛИЯНИЕ КРИОПРОТЕКТОРА НА УРОВЕНЬ ПОСТКРИОГЕННОЙ РЕГЕНЕРАЦИИ АПЕКСОВ КАРТОФЕЛЯ

О.В. Ворошнина[1,2], Ю.В. Ухатова[1]
[1]ФГБНУ Федеральный исследовательский центр «Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), Санкт-Петербург, Россия
[2]ООО «Алчак», Казань, Россия
e-mail: y.ukhatova@vir.nw.ru

Во Всероссийском институте генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР) с 2010 г. начато применение криосохранения меристем картофеля в качестве надежного дублирующего длительного хранения образцов вегетативно размножаемых культур, используемых во всем мире (Швачко, 2012; Ухатова, 2017; Гавриленко и др., 2019; Ефремова и др., 2023). Показано, что криоконсервация способствует оздоровлению картофеля от различных вирусов, т.е. подтверждена эффективность криотерапии (Ухатова и др., 2017, Беспалова и др., 2020). Однако некоторые сорта картофеля демонстрируют низкий уровень посткриогенной регенерации, что свидетельствует о необходимости оптимизации протокола дроплет-витрификации (DV). Ряд авторов отмечает наиболее высокий уровень посткриогенной регенерации растений при использовании смеси криопротекторов PVS3 по сравнению с PVS2 (Senula, 2018; Nagel et al., 2024). Целью настоящей работы было провести апробацию протокола дроплет-витрификации с измененным составом криопротектора (PVS3 вместо PVS2) и определить наиболее эффективную длительность инкубации апексов микрорастений в криопротекторе (15, 30, 45 и 60 минут) для получения наиболее высокого уровня регенерации после оттаивания. Материалом исследования стали пробирочные растения селекционных сортов картофеля, включенных в Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию в РФ: ‘Ред Скарлетт’, ‘Ривьера’, ‘Винета’, ‘Розара’, ‘Гала’, в том числе сортов селекции ТатНИИСХ-ОСП ФИЦ КазНЦ РАН: ‘Регги’, ‘Зумба’, ‘Самба’. Эксперименты по криоконсервации проводили в трех повторностях, используя 10 апексов в качестве контроля и 20 апексов в каждом варианте опыта. В результате исследования установлено, что инкубация в любом криопротекторе в течение 45 и 60 минут ведет к снижению уровня регенерации каждого изученного сорта даже в варианте без погружения в жидкий азот (‘Ред Скарлетт’, ‘Ривьера’, ‘Винета’, ‘Розара’, ‘Гала’). Варианты инкубации апексов картофеля сортов ‘Ред Скарлетт’, ‘Ривьера’, ‘Винета’, ‘Розара’, ‘Гала’, ‘Регги’, ‘Зумба’, ‘Самба’в течение 15 и 30 минут как в смеси криопротекторов PVS2, так и в смеси криопротекторов PVS3, отличались по уровню регенерации у большинства сортов. При этом варианты опыта с применением PVS3 в качестве криопротектора показывали достоверно более высокий уровень посткриогенной регенрации (42,0 – 50,3%, в зависимости от сорта) по сравнению с вариантами обработки PVS2 (28,0 – 46,3%, в зависимости от сорта). Таким образом, для повышения уровня посткриогенной регенерации апексов картофеля целесообразно использовать вариант инкубации в криопротекторном растворе PVS3 в течение 30 минут.

РАЗРАБОТКА ПРОТОКОЛА МИКРОКЛОНАЛЬНОГО РАЗМНОЖЕНИЯ МИНДАЛЯ ОБЫКНОВЕННОГО (*AMYGDALUS COMMUNIS* L.) КАК ПЕРСПЕКТИВНОЙ ОРЕХОПЛОДНОЙ КУЛЬТУРЫ

К.К. Дүйсенова[1]*, Т.Т. Турдиев[2], К.Ы. Шалабаев[1]
[1]Казахский Национальный Педагогический университет им. Абая, Алматы, Казахстан
[2]Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан
*e-mail: kumis-ai_93@mail.ru

Казахстан характеризуется значительной площадью территорий с засушливым климатом, что обусловливает актуальность выращивания засухоустойчивых сельскохозяйственных культур. В связи с этим особый интерес представляют растения, способные адаптироваться к дефициту влаги и неблагоприятным климатическим условиям. Одной из перспективных орехоплодных культур является миндаль обыкновенный (*Amygdalus communis* L.), отличающийся высокой засухоустойчивостью, морозостойкостью и устойчивостью к ряду заболеваний. Кроме того, плоды миндаля обладают высокой пищевой и хозяйственной ценностью, что повышает перспективность его выращивания в засушливых регионах Казахстана. Дикорастущие популяции миндаля в Казахстане сокращаются вследствие антропогенного воздействия, вырубки, выпаса скота, пожаров и отсутствия естественного возобновления. Поэтому важное значение имеют изучение современного ареала, сохранение генетического разнообразия и разработка эффективных методов размножения ценных генотипов. Целью исследования являлось изучение биоразнообразия дикорастущих форм миндаля и разработка протокола его клонального микроразмножения *in vitro*. Экспедиционные исследования проведены в Туркестанской области Казахстана, в Сайрам-Угамском государственном национальном природном парке. Отобрано и описано 12 генотипов миндаля: 6 форм в Келесском лесничестве и 6 – в Састобинском районе. Обследование выявило выраженный внутривидовой полиморфизм и ослабленное естественное возобновление отдельных популяций. Выделенные генотипы представляют ценность для сохранения генофонда и селекционного использования. Для разработки технологии клонального микроразмножения использовали однолетние одревеснevшие черенки. Определен наиболее эффективная обработка от латентной инфекции при введение *in vitro* отбеливателем «Белизна» (1:1) в течение 10 мин, 0,1%-ным $HgCl_2$ – 5 мин с последующей трёхкратной промывкой стерильной водой. При этом регенерация растений на среде MS (Мурасиге и Скуга) без гормонов достигала 70%. При подборе состава питательной среды для микроклонального размножения установлено, что применение БАП (6-бензиламинопурина) и ИМК (индол-3-масляная кислота) повышало коэффициент размножения. Наиболее эффективной оказалась среда MS с добавлением 1,0 мг/л БАП и 0,02 мг/л ИМК, на которой коэффициент размножения в среднем за два пассажа достигал 2,8. Растения характеризовались активным ростом и удовлетворительным морфологическим состоянием. Результаты проведённых исследований позволили уточнить современный ареал дикорастущего миндаля в Казахстане, выявить ценные генотипы и разработать эффективный протокол их клонального микроразмножения. Полученные результаты могут быть использованы для сохранения генетического разнообразия, восстановления естественных популяций, получения посадочного материала и дальнейшего коммерческого выращивания миндаля.

РАЗРАБОТКА ПРОТОКОЛА ВВЕДЕНИЯ В КУЛЬТУРУ *IN VITRO* И МИКРОКЛОНАЛЬНОГО РАЗМНОЖЕНИЯ ФИСТАШКИ НАСТОЯЩЕЙ (*PISTACIA VERA* L.)

К.Б. Емешева[1,2], Т.Т. Турдиев[1]
[1]Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан
[2]Farabi University, Алматы, Казахстан
e-mail: emeshevakamposya1@gmail.com

Фисташка настоящая (*Pistacia vera* L.) является одной из наиболее ценных орехоплодных культур благодаря высокой пищевой, экономической и экологической значимости, а также устойчивости к засушливым условиям. Для Казахстана данная культура представляет особый интерес в связи с преобладанием аридных и полуаридных территорий, где актуально выращивание засухоустойчивых культур. Фисташковые насаждения также способствуют закреплению склонов, снижению водной эрозии и ослаблению последствий ранневесенних паводков. Традиционные способы размножения фисташки имеют ряд ограничений, поэтому особое значение приобретают биотехнологические методы, в частности микроклональное размножение. Настоящая работа направлена на разработку протокола введения фисташки настоящей в культуру *in vitro* и её микроклонального размножения. В исследовании были описаны и изучены 24 формы фисташки настоящей, произрастающие на территории Сайрам-Угамского государственного национального природного парка, Туркестанской области. В качестве исходного материала использовали однолетние одревеснеющие черенки и зеленые активно растущие побеги с 2-3 почками. Для стерилизации проводили обработку раствором «Белизна» (1:1) в течение 10 минут и 0,1%-ным раствором $HgCl_2$ в течение 5 минут с последующей трехкратной промывкой стерильной дистиллированной водой. Для выявления скрытой инфекции основания побегов культивировали на специальной среде VISS. Растения с выявленной латентной инфекцией утилизировали. Способ получения асептических растений с использованием одревеснеющих однолетних черенков не дал положительных результатов. Оптимальным для получения асептических растений являлось использование зеленых активно растущих побегов с 2-3 почками, пророщенных после зимнего покоя из одревеснеющих черенков в лабораторных условиях. Для подбора состава для введения в культуру *in vitro* исследовали пять вариантов питательной среды Мурасиге-Скуга (МС) с различным содержанием фитогормонов. Оптимальной являлась среда МС без добавления фитогормонов с содержанием сахарозы 30 г/л, pH 5,7. Полученные асептические растения пересаживали на пять вариантов питательных сред для подбора оптимального состава для микроклонального размножения. Наилучшие результаты были получены на среде МС с добавлением 1,0 мг/л 6-бензиламинопурина (БАП), 0,02 мг/л индолилмасляной кислоты (ИМК) и 30 г/л сахарозы, pH 5,7. На данной среде наблюдалось активное побегообразование, растения имели ярко-зеленую окраску, коэффициент размножения составил 2,0. В результате проведённых исследований определены оптимальные условия для получения асептических растений и микроклонального размножения исследованных форм фисташки настоящей. Полученные результаты могут быть использованы для получения качественного посадочного материала, сохранения ценных генетических ресурсов и увеличения количества насаждений фисташки настоящей в засушливых регионах Казахстана.

ОЦЕНКА УСТОЙЧИВОСТИ СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ К ВОЗБУДИТЕЛЯМ СУХОЙ ФУЗАРИОЗНОЙ ГНИЛИ

Ж.Т. Жаныбекова[1], А.П. Муранец[1], Ж.А. Токбергенова[2], Д. Шарипова[2], А.А. Какимжанова[1]
[1]Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан
[2]Региональный филиал ТОО «Казахский научно-исследовательский институт плодоовощеводства», Алматы, Казахстан
e-mail: zhanargul.zhanybekova0210@gmail.com

Фузариозная сухая гниль — деструктивное и широко распространённое микозное заболевание картофеля, вызывающее изреживание посадок из-за гнили семенного материала и значительные потери клубней при хранении, в среднем 6–25% валового сбора. В ключевых картофелеводческих регионах Казахстана (Алматинская, Костанайская и Акмолинская области), обеспечивающих ежегодный валовой сбор порядка 1,1–1,3 млн тонн фузариоз наносит ощутимый экономический ущерб, снижая товарные и семенные качества клубней. Настоящее исследование направлено на верификацию видового состава грибов рода Fusarium, ассоциированных с сухой гнилью картофеля в указанных регионах, а также на оценку устойчивости сортов отечественной селекции, включённых в Государственный реестр селекционных достижений Республики Казахстан. В ходе микологического мониторинга из поражённых клубней картофеля было выделено 22 чистых культур изолятов. Патогенный статус всех полученных изолятов был экспериментально подтверждён путём искусственного инфицирования здоровых клубней и последующей реизоляции возбудителя в соответствии с постулатами Коха. Точную таксономическую принадлежность фитопатогенов устанавливали методом мультилокусного филогенетического анализа локусов ITS, rpb1 и rpb2. Полученные последовательности исследуемых генов продемонстрировали гомологичность с референтными штаммами из международных баз данных, на основании этих результатов 21 изолят были идентифицированы как Fusarium sporotrichioides, а один – как F. solani. Для прямой детекции и мониторинга данных видов в растительном материале разработаны видоспецифичные праймеры, позволяющие идентифицировать целевой патоген без необходимости дальнейшего секвенирования. Проведена оценка восприимчивости 20 сортов картофеля казахстанской селекции, сорт картофеля Жанайсан (1,61 см²) и Памяти Конаева (0,93 см²) характеризовались наименьшей площадью поражения после инокуляции F. sporotrichioides. Однако, при заражении F. solani у данных сортов площадь поражения была значительно больше. В отличие от них, сорт Дихан характеризовался сопоставимой площадью поражения после инокуляции обоими видами Fusarium. Из 20 исследуемых сортов Памяти Конаева является наиболее устойчивым к сухой фузариозной гнили.

Работа выполнена в рамках научно-технической программы BR22885335 «Обеспечение устойчивого развития картофелеводства, овощеводства и бахчеводства в Казахстане на основе селекции, семеноводства, биотехнологии и инновационных агротехнологий» на 2024-2026 годы при финансовой поддержке Министерства сельского хозяйства Республики Казахстан.

ОЦЕНКА АНТИОКСИДАНТНОЙ И ЦИТОТОКСИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ ЭКСТРАКТОВ НА ОСНОВЕ НЕТРАДИЦИОННЫХ ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ

М.Ю. Ишмуратова, С.У. Тлеукенова, А.Г. Жумина
Карагандинский национальный исследовательский университет имени академика Е.А. Букетова, Караганда, Казахстан
e-mail: margarita.ishmur@mail.ru

Для развития рынка новых парафармацевтических препаратов, основой которых является растительное сырье, в Казахстане имеются все необходимые предпосылки: богатые растительные ресурсы, стабильная макроэкономическая среда, благоприятные условия для привлечения иностранных инвесторов; наличие научных школ в области ботаники, фитохимии и фармации. Современный уровень развития фармацевтической отрасли позволяет получать из растений индивидуальные биологически активные вещества или их комплексы. Растительные биологически активные вещества имеют низкую токсичность, дают минимальные побочные эффекты, пригодны для длительного применения. Исследование биологической активности и оценка безопасности экстрактов может стать основой для выбора лекарственных растений для производства новых лекарственных и парафармацевтических средств. В настоящем исследовании проведена оценка антиоксидантной и цитотоксической активности экстрактов из ряда нетрадиционных лекарственных растений. Определение антиоксидантной активности образцов в отношении поглощения свободного радикала DPPH (2,2-дифенил-1-пикрилгидразила). Цитотоксическая активность экстрактов выполнена на личинках рачков *Artemisa salina*. Статистическую обработку результатов проводили в программе *Microsoft Excel* с использованием анализа пробит-регрессия для вычисления ЛК50 (летальная концентрация). Из исследованных образцов ни один образец не проявил ингибирование более 50 % радикалов, что свидетельствует об умеренной антиоксидантной активности (табл. 1).

Таблица 1. Результаты оценки антиоксидантной и цитотоксической активности ультразвуковых (УЗ) и микроволновых (МВ) экстрактов растений

Концентрация экстрактов, 100 мкг/мл	Абсорбция при 517 нм	% ингибирования	ЛК50 (LC50) (мкг/мл)
DPPH холостой контроль	0,706	-	-
УЗ 70% люцерна голубая	0,450	36,26	71 860>1000
УЗ 70% солонечник узколистный	0,926	Нет активности	462
УЗ 70% астрагал эспарцетовый	0,901	Нет активности	138 067 >1000
УЗ 70% горошек заборный	0,390	44,75	69 679>1000
УЗ 70% жабрица бухтарминская цветки	0,510	27,76	6 770 >1000
МВ 70% зюзник европейской	0,731	Нет активности	20 542>1000
Мята полевая, эфирное масло	0,354	49,75	26 187 >1000
Мята полевая, УЗ экстракт	0,024	98,73	784 342 >1000

Большинство экстрактов демонстрировали значения ЛК50 выше 1000 мкг/мл. Это свидетельствует о отсутствии цитотоксичности этих образцов по отношению к *Artemia salina* при исследованных концентрациях.

Исследования выполнены в рамках финансирования КН МНВО Республики Казахстан, программа целевого финансирования BR28712367.

ОЦЕНКА СОСТОЯНИЯ ПАСТБИЩНОЙ РАСТИТЕЛЬНОСТИ В АРЕАЛЕ УРАЛЬСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ САЙГАКА НА ОСНОВЕ NDVI

А.М. Казамбаева, С.С. Есенгалиева, Г.А. Айешева, К.У. Гумарова
НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана»,
Уральск, Казахстан
e-mail: aigul_km@bk.ru

Восстановление численности сайгака (*Saiga tatarica*) в Казахстане усиливает актуальность оценки состояния пастбищной растительности в районах совместного использования кормовых ресурсов дикими и сельскохозяйственными травоядными. Цель исследования - оценить взаимосвязь между динамикой уральской популяции сайгака и пастбищной нагрузкой сельскохозяйственных животных с учетом пространственно-временной изменчивости растительного покрова. Эмпирическую основу составили панельные данные по пяти районам Западно-Казахстанской области за 2001-2024 гг. Состояние пастбищной растительности характеризовали нормализованным разностным вегетационным индексом NDVI, рассчитанным по данным дистанционного зондирования. Для сопоставления различных видов сельскохозяйственных животных их поголовье пересчитано в условные единицы скота (LSU). Поскольку официальные данные о численности сайгака публикуются для уральской популяции в целом, NDVI использован как наблюдаемый показатель районной неоднородности продуктивности растительного покрова. Статистическая оценка выполнена с применением панельной регрессии с фиксированными эффектами в первых логарифмических разностях и членом взаимодействия динамики популяции сайгака с NDVI. При малом числе районов статистический вывод проверен методом wild cluster bootstrap с весами Уэбба (999 повторений). Среднее значение NDVI за исследуемый период составило 0,304, что отражает сравнительно разреженный растительный покров степных и полупустынных пастбищ. Выявлена статистически значимая отрицательная ассоциация между ростом численности уральской популяции сайгака и пастбищной нагрузкой скота (β = -0,2175; SE = 0,0507; $p < 0,001$). При среднем NDVI увеличение численности сайгака на 10% было связано со снижением нагрузки сельскохозяйственных животных приблизительно на 0,66%. Связь была более выраженной в районах с относительно высокими значениями NDVI. После исключения влиятельных наблюдений результат сохранил направление и статистическую значимость (β = -0,2525; $p < 0,001$). Полученные результаты согласуются с гипотезой о потенциальной конкуренции за продуктивные пастбищные участки, однако не являются причинной оценкой воздействия сайгака, поскольку его районная численность непосредственно не наблюдалась, а климатические факторы учтены неполно. Исследование показывает перспективность совместного применения NDVI, данных о численности животных и наземных геоботанических наблюдений для раннего выявления зон повышенной нагрузки. Такой мониторинг может использоваться при пространственном планировании пастбищ, выборе участков для полевых обследований и разработке мер по сохранению растительного покрова в ареале мигрирующих копытных.

Ключевые слова: пастбищная растительность, NDVI, сайгак, пастбищная нагрузка, дистанционное зондирование, Западный Казахстан.

Благодарности. Исследование выполнено в рамках проекта ИРН AP23486846, финансируемого Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

СОХРАНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ *AMYGDALUS LEDEBOURIANA* С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ МЕТОДОВ

А.А. Какимжанова[1,2], С.С. Исламова[1], Д.А. Дюсембекова[1,2], Б.Д. Садакова[3]
[1]Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан
[2]ТОО «Greenlab», Астана, Казахстан
[3]Сайрам-Угамский государственный национальный природный парк, Шымкент, Казахстан
e-mail: kakimzhanova@biocenter.kz

Сохранение эндемичного, исчезающего, занесенного в Красную книгу Казахстана и Красный список МСОП *A.ledebouriana* на основе биотехнологии имеет решающее значение для поддержания биоразнообразия и поддержки устойчивого развития экосистем. Цель настоящего исследования – разработать эффективный протокол сохранения *in vitro* эндемичного, исчезающего вида миндаля Ледебура путем изучения влияния различных регуляторов роста растений на фазы его размножения *in vitro*, укоренения и хранения в условиях медленного роста. В качестве объекта исследования использовали растительный материал *Amygdalus ledebouriana*. В результате исследований проводили сбор растительного материала и молекулярную идентификацию с использованием маркеров rbcL, ITS и trnH–psbA; стерилизацию и введение эксплантов в культуру *in vitro*; микроклональное размножение микропобегов; укоренение в культуре *in vitro*; среднесрочное хранение *in vitro* микропобегов; оценка генетической однородности микроклонально размноженных растений методом SSR; статистический анализ с использованием дисперсионного анализа (ANOVA). Разработан протокол *in vitro* размножения, среднесрочного хранения и криоконсервации эндемичного, исчезающего вида миндаля Ледебура для сохранения и восстановления. Использование комплекса ДНК-маркеров matK, rbcL и ITS обеспечило видовую идентификацию *Amygdalus ledebouriana.* В ходе исследования установлено, что через 35 дней культивирования на среде QL с добавлением 1,0 мг/л МТ, 1,0 мг/л ГК и 0,01 мг/л ИМК формировалось в среднем 4,96 жизнеспособных микропобега на эксплант при высоте побегов 1,83 см и количестве листьев 24,56 шт. Результаты по укоренению показали, что наиболее оптимальным условием являлось 10-дневное культивирование в темноте на среде ½ QL с добавлением 1,0 мг/л ИМК и последующим переносом на безгормональную среду ½ QL, при котором укоренение достигло 68%. Для среднесрочного хранения эффективным было культивирование на среде QL с 2,0 г/л АБК и на среде QL с с сахарозой 1,5 % при низкой температуре 4°C в темноте, обеспечивающие сохранение их жизнеспособности в течение 120 дней до 100%. Для криоконсервации прекультивирование эксплантатов на среде с 0,75 М сахарозы в течение 3 суток обеспечило наибольшую выживаемость апексов после криоконсервации (31,1%). Наилучшие показатели восстановления эксплантатов после криоконсервации (61,1% выживаемости, 60,0% регенерации) получены при разгрузке 0,8 М сахарозой в мягком температурном режиме (22°C, 20 мин) с добавлением аскорбиновой кислоты.Молекулярно-генетический анализ регенерантов с использованием SSR-маркеров подтвердил сохранение генетической идентичности растений, полученных после среднесрочного хранения и криоконсервации, по отношению к исходным донорным экземплярам и растениям коллекции *in vitro*, что свидетельствует об отсутствии сомаклональной изменчивости.

Работа выполнена в рамках проекта AP23489861 «Разработка биотехнологии *in vitro* и криосохранения эндемичного, исчезающего вида миндаля Ледебура *(Amygdalus ledebouriana)* для сохранения биоразнообразия» на 2023-2026 годы при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СПОРОУЛАВЛИВАЮЩИХ УСТРОЙСТВ ДЛЯ ОЦЕНКИ РАЗВИТИЯ ЛИСТОВЫХ БОЛЕЗНЕЙ НА РАЗНЫХ ПО ВОСПРИИМЧИВОСТИ СОРТАХ ПШЕНИЦЫ ОЗИМОЙ

О.Ю. Кремнева
Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр биологической защиты растений»
e-mail: kremenoks@mail.ru

Одной из главных проблем при возделывании пшеницы по-прежнему являются листовые болезни. Важным в мониторинге болезней являются методы и устройства, которые позволяют своевременно сигнализировать об угрозах развития инфекции и определять необходимые сроки и объем проводимых защитных мероприятий. Различные устройства для улавливания спор уже продемонстрировали свою эффективность в мониторинге развития болезней растений. Цель данного исследования – научно обосновать использование спороулавливающих устройств для повышения эффективности защитных мероприятий от листовых болезней пшеницы. Для обоснования использовали статистический метод, учитывающий иерархическую структуру панельных данных, подходящий для данных, собранных по разным полям и в разные годы. Он показывает, зависимость развития болезней пшеницы от концентрации спор в воздухе, и учитывает различную восприимчивость сортов. Исследования проводили на опытных полях Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный научный центр биологической защиты растений» на посевах пяти сортов озимой пшеницы, с различной восприимчивостью к листовым болезням. Для измерения концентрации спор в посевах пшеницы использовалась портативная ловушка для спор. Параллельно с отбором проб воздуха проводилась визуальная оценка развития основных грибных патогенов на растениях. В результате выявлена положительная корреляционная зависимость между степенью поражения листьев и количеством обнаруженных спор (в логарифмическом масштабе), при этом корреляция варьируется в зависимости от вида возбудителя болезней. Полученные результаты имеют практическое значение для разработки стратегий точной защиты сельскохозяйственных культур: для патогенов *B. graminis, P. striiformis* и *P. triticina* пороговые значения концентрации спор, инициирующие обработку фунгицидами, могут быть дифференцированы в зависимости от сорта, тогда как для *P. tritici-repentis* целесообразен единый подход.

Благодарности: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 25-26-00273, https://rscf.ru/project/25-26-00273/

ВЫЯВЛЕНИЕ ИСТОЧНИКОВ УСТОЙЧИВОСТИ К RBDV В ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ МАЛИНЫ НА СРЕДНЕМ УРАЛЕ

Е.Ю. Невоструева, О.А. Киселева, М.В. Модоров
ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук», г. Екатеринбург, Россия
e-mail: lena.nevostrueva.74@mail.ru

Кустистая карликовость малины (RBDV) – опасное вирусное заболевание, распространяющееся с пыльцой и приводящее к значительным экономическим потерям в регионах промышленного производства ягод малины. Так как заражение вирусом происходит с пыльцой, данная болезнь трудно контролируется. Визуальная диагностика заболевания также затруднена - при моноинфекции больные растения внешне не отличаются от здоровых. Только при смешанных инфекциях с одним или несколькими другими вирусами проявляются характерные для болезни признаки: пожелтение листьев в начале вегетации, рассыпчатые ягоды, карликовость побегов. Вирус кустистой карликовости малины поражает не только вегетативную часть растения, но присутствует также и в семенах. Микроклональное оздоровление не освобождает полностью растения малины от данного вируса, требуется комплексный подход с использованием химио-, термо- и криотерапии. Основным методом борьбы с кустистой карликовостью малины является создание новых сортов с устойчивостью на генетической основе – наличием в генотипе доминантного аллеля гена *Bu* в гетерозиготном состоянии. Уже известен ряд таких сортов как зарубежной – Chilcotin, Cowichan, Glen Magna, Haida, Heritage, Latham, Malling Jewel, Malling Promise, Newburgh, Nootka, Willamette, так и российской селекции - Арочная, Высокая, За здравие, Клеопатра, Муза, Огонёк, Рубиновая, Соколёнок, Фантазия, выявленных с использованием SCAR-маркера rasp_N_gene_1202. Данный маркер чаще всего применяется в генетических исследованиях, ввиду своей эффективности в идентификации присутствия гена в сортообразцах различного происхождения. Так как мировой сортимент малины еще слабо изучен генетическими исследованиями, то выявление новых источников устойчивости к RBDV является актуальным направлением в селекции. Место проведения исследований – Свердловская селекционная станция садоводства ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, Лаборатория молекулярной генетики плодовых и ягодных культур Свердловской ССС ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН в 2025 г. Исследования выполнены при поддержке Минобрнауки РФ в рамках Государственного задания ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук» (тема № 0532-2026-0017). Материалом для исследований являлась генетическая коллекция малины, входящая в состав УНУ «Генофонд плодовых, ягодных и декоративных культур на Среднем Урале» (Свердловская ССС ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, г. Екатеринбург) различного происхождения: Амурская, Алая россыпь, Антарес, Бальзам, Ванда, Высокая, Гусар, Изобильная, Лель, Любительская Свердловска, Маросейка, Нижегородец, Пересвет, Ровница, Столичная, Турмалин, Услада, Carnival, Chief, Schönemann, Tadmor. Исследования по устойчивости к RBDV проводили при помощи SCAR-маркера rasp_N_gene_1202 согласно принятой методике. Положительный контроль – сорт Муза. По результатам исследования доминантный аллель гена *Bu*, был выявлен у сортов Chief и Высокая. Наличие гена у сорта Высокая подтвердилось литературными данными предыдущих исследований (Камнев и др., 2022) и его родословной – сорт получен от Preussen, от которого происходит устойчивый к данному вирусу английский сорт Malling Jewel. Устойчивость сорта Chief также обусловлена его происхождением, он получен от свободного опыления устойчивого сорта Latham. Данные источники устойчивости планируются к использованию в дальнейшей селекционной работе.

РЕДКИЕ И ИСЧЕЗАЮЩИЕ ВИДЫ СЕМЕЙСТВА *ROSACEAE*: ИНТЕГРИРОВАННЫЕ ПОДХОДЫ К СОХРАНЕНИЮ *EX SITU*, ГЕОБОТАНИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ, ГИС-КАРТИРОВАНИЕ АРЕАЛОВ И ВОССТАНОВЛЕНИЕ ДЕГРАДИРУЮЩИХ ПОПУЛЯЦИЙ

Н.В. Ромаданова*, А.С. Земцова, Н.А. Алтаева, Н.А. Артимович, С.В. Кушнаренко
РГП «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК, г. Алматы, Казахстан
*e-mail: nata_romadanova@mail.ru

Исчезновение растений представляет собой серьёзную глобальную проблему, особенно в отношении уязвимых эндемичных видов, восстановление которых за пределами их естественного ареала зачастую невозможно. Настоящее исследование является первым комплексным анализом популяций 10 видов (462 образца) семейства *Rosaceae*, занесённых в Красную книгу Казахстана: *Cotoneaster karatavikus* Pojark., *Crataegus ambigua* C.A. Mey. ex A. Becker, *Malus niedzwetzkyana* Dieck., *Malus sieversii* (Ledeb.) M. Roem., *Prunus armeniaca* L., *Prunus ulmifolia* (Franch.), *Prunus tenella* Batsch, *Sibiraea laevigata* (L.) Maxim., *Sorbus persica* Hedl., *Spiraeanthus schrenkianus* (Fisch. & C.A. Mey.) Maxim. Проведён геоботанический анализ образцов и морфологическое описание с использованием 35-49 дескрипторов. Для *Prunus armeniaca* применён анализ дистанционного зондирования, уточняющий пространственное распределение популяций, геоэкологические особенности местообитаний и степень их уязвимости к биотическим и абиотическим факторам. Из 150 морфологически охарактеризованных образцов *Prunus armeniaca* 54 были исследованы с использованием 13 SSR-маркеров и четырёх участков ДНК-баркодинга. Генетический анализ выявил 11 популяций с высоким уровнем гетерозиготности и значительной генетической вариабельностью. Восемь популяций характеризовались 100% полиморфизмом, что свидетельствует о высоком адаптивном потенциале. Кластерный анализ выделил три географические группы, что указывает на ограниченный генетический обмен между ущельями при высокой связанности популяций внутри них. Полученные данные обосновывают необходимость разработки локально-ориентированных стратегий сохранения, особенно для изолированных популяций с уникальными аллельными профилями. Девять из десяти изученных видов (за исключением *Cotoneaster karatavikus*, исследования по которому продолжаются) успешно введены в культуру *in vitro*. Для полученных культур проведена диагностика эндофитной контаминации, что обеспечило использование стерильного посадочного материала на ключевых этапах размножения. Для каждого вида оптимизированы составы питательных сред с различными концентрациями макро-, микроэлементов и фитогормонов. В результате достигнут высокий коэффициент микроклонального размножения – от 2,9 до 5,5. Создан криобанк генетических ресурсов, включающий семена (6 видов, 97 образцов при −20 °C; 5 видов, 318 образцов при −196 °C), эмбриональные оси (4 вида, 81 образец при −196 °C), а также ДНК (10 видов, 702 образца при −196 °C).Регенерированные побеги успешно укоренены *in vitro* с показателями укоренения 71,4-94,5%. Саженцы, полученные как из семян, так и из укоренённых регенерантов, продемонстрировали высокий уровень адаптации к тепличным условиям (94,4%). В дальнейшем адаптированные растения были высажены в природные местообитания для восстановления деградирующих популяций – в Иле-Алатауском национальном парке в предгорьях близ с. Бескайнар и ущелье Малый Аксу (лесхоз «Карадала», Алматинская область).

Исследование финансировалось Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (проект BR28713087).

РАСПРОСТРАНЕНИЕ ВИРУСНЫХ ИНФЕКЦИЙ МАЛИНЫ И ЗЕМЛЯНИКИ В КАЗАХСТАНЕ И РАЗРАБОТКА МЕТОДОВ ОЗДОРОВЛЕНИЯ РАСТЕНИЙ

Н.К. Рымханова[1,2]., У.А. Манапканова[1,2], Jiří Sedlák[3], С.В. Кушнаренко[1]
[1]РГП «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК, г. Алматы, Казахстан
[2]Farabi University, г. Алматы, Казахстан
[3]Research and Breeding Institute of Pomology Holovousy Ltd Czech Republic
e-mail: nazka_0993@mail.ru

Ягодоводство Казахстана имеет перспективное значение в условиях растущего спроса на ягодную продукцию и сохраняющейся импортозависимости. Дикорастущие *Fragaria vesca* L. и *Rubus idaeus* L. представляют ценный генетический ресурс благодаря высокой зимостойкости, устойчивости к болезням и высоким вкусовым и ароматическим качествам ягод. В ходе экспедиционных исследований в Алматинской, Жетысуской, Северо-Казахстанской и Восточно-Казахстанской областях было собрано 111 образцов земляники и 78 образцов малины, включая дикорастущие и сортовые образцы. При фенотипическом обследовании у отдельных растений отмечались хлороз, некроз, деформация и морщинистость листьев, а также угнетение роста. Для идентификации вирусных инфекций проводили молекулярно-генетический анализ. У земляники исследовали семь вирусов: *Strawberry mild yellow edge virus* (SMYEV), *Strawberry crinkle virus* (SCV), *Strawberry vein banding virus* (SVBV), *Strawberry mottle virus* (SMoV), *Strawberry polerovirus 1* (SPV-1), *Strawberry virus 1* (StrV-1) и *Olive latent virus 1* (OLV-1); у малины – *Black raspberry necrosis virus* (BRNV), *Raspberry ringspot virus* (RpRSV), *Raspberry bushy dwarf virus* (RBDV), *Rubus-associated rubodvirus* (RubodV), *Raspberry enamovirus 1* (EnamoV), *Rubus yellow net virus* (RYNV) и *Sri Lankan root and stem rot virus* (SLRSV). РНК выделяли из высушенных листьев с использованием набора Ribospin™ Plant Isolation Kit, синтез кДНК осуществляли с помощью обратной транскриптазы M-MLV, а детекцию вирусов проводили методом мультиплексной ПЦР в реальном времени на приборе Rotor-Gene Q. В результате исследований в четырех областях Казахстана выявлены следующие вирусы: у малины - RBDV, RubodV, EnamoV, BRNV и RYNV, у земляники SmoV, SCV, StrV-1. Дополнительно проведена оценка эффективности методов оздоровления растений малины *in vitro* от RBDV с использованием термотерапии, химиотерапии, криотерапии и их комбинаций. Термотерапию проводили в течение двух недель при чередовании температур 38 °C и 24-26°C, химиотерапию – в течение четырёх недель на среде Мурасиге–Скуга с добавлением 30 мг/л рибавирина, а криотерапию верхушек побегов – методом витрификации с использованием PVS2. Наличие RBDV определяли методом мультиплексной TaqMan ПЦР в реальном времени. Наибольшая эффективность элиминации RBDV достигнута при комплексном применении химиотерапии, термотерапии и криотерапии, при котором вирус не выявлялся у 66,7 % растений; сочетание химиотерапии и термотерапии обеспечивало освобождение от вируса у 37,5 % растений. В результате проведённых исследований установлены региональные различия в распространении вирусных инфекций земляники и малины в четырех областях Казахстана. Выявлены вирусы, встречающиеся как по отдельности, так и в сочетании, в том числе у дикорастущих и культурных форм малины. Полученные результаты являются основой для дальнейших исследований по выявлению и характеристике вирусных патогенов ягодных культур, а также разработки подходов к оздоровлению заражённого растительного материала и получению безвирусных посадочных растений земляники и малины.

Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан в рамках Программно-целевого финансирования BR28712539.

ОЦЕНКА СОСТОЯНИЯ ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ *ROSA SPP*. И РАЗРАБОТКА ЭФФЕКТИВНЫХ МЕТОДОВ СТРАТИФИКАЦИИ И СКАРИФИКАЦИИ СЕМЯН ДЛЯ ИНИЦИАЦИИ КУЛЬТУРЫ *IN VITRO*

А.Б. Толеген[1]*, Н.А. Алтаева[1], А.С. Земцова[1,2], Н.А. Артимович[1], С.В. Кушнаренко[1], Н.В. Ромаданова[1]
[1]РГП «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК, г. Алматы, Казахстан
[2]Farabi University, Алматы, Республика Казахстан
e-mail:tolegenarman7@gmail.com

Разнообразие экосистем и уникальные природно-климатические условия Казахстана способствуют формированию эндемичных и реликтовых видов рода *Rosa ssp*. Особое внимание привлекает редкий вид *R. pavlovii* Chrshan., включённый в Красную книгу Казахстана, что свидетельствует о его критическом состоянии и необходимости разработки эффективных мер сохранения. Полевые исследования в Алматинском регионе выявили неудовлетворительное состояние природных популяций *R. kokanica*, *R. platycantha*, *R. beggeriana*, *R. fedtschenkoana* и *R. alberti*, характеризующееся значительным поражением растений насекомыми и болезнями, а также высокой долей стареющих особей. Установлено, что в настоящее время известны лишь два естественных местообитания *R. pavlovii*, при этом экспедиции в Восточно-Казахстанскую область не выявили ни одного экземпляра вида, что указывает на крайне высокий риск его исчезновения в природных условиях. В связи с этим начаты работы по созданию *in vitro* коллекции образцов, собранных в Алматинской области. Разработан и оптимизирован протокол введения шиповника в культуру *in vitro* из семян с учётом твёрдой семенной оболочки и выраженного физиологического покоя. В результате чего применён комплексный подход, включающий: 1) стратификацию семян при температуре 4°C в течение 2 и 12 месяцев при 8/16 часовом фотопериоде и интенсивности освещения 10 μмол•м$^{-2}$ •с$^{-1}$; 2) механическую скарификацию путём повреждения семенной оболочки наждачной бумагой и надрезом в области халаза, а также химическую скарификацию с использованием концентрированной H_2SO_4 в течение 20 минут с последующим промыванием стерильной дистиллированной водой; 3) гормональную стимуляцию в 0,1 мг/л гиббереллловой кислоты (ГК) в течение 24 часов при температуре 23 ± 1°C в темноте. В качестве контроля служили семена, которые не подвергались дополнительной обработке. Контрольные и опытные семена стерилизовали раствором $HgCl_2$ с экспозицией 3, 5, 7 и 9 мин, после чего культивировали на среде Кнопа. Установлено, что после 12-месячной стратификации регенерационная способность семян составила 32,6%, а прорастание начиналось на 15-18-е сутки, тогда как после 2-месячной стратификации положительных результатов не наблюдалось. Комплексное применение механической и химической скарификации повышало всхожесть семян до 70% и сокращало сроки появления проростков до 7-10 суток. Применение ГК не оказало выраженного эффекта: показатели всхожести незначительно отличались от результатов после стратификации и скарификации. В контроле прорастание семян не наблюдалось. Результаты показали зависимость уровня контаминации эксплантов от длительности стерилизации в растворе $HgCl_2$. При 3-минутной обработке заражённость достигала 73,3%. Оптимальной была 7-минутная экспозиция: некроз – 16,7%, жизнеспособные асептические проростки – 83,3%. Увеличение обработки до 9 минут повышало некроз и снижало жизнеспособность проростков до 30%. Таким образом, оптимизирован протокол введения шиповника в культуру *in vitro,* включающий 12-месячную стратификацию, комбинированную скарификацию и стерилизацию $HgCl_2$ в течение 7 минут.

Исследование финансировалось Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (проект BR28713087).

СОХРАНЕНИЕ И РАЗМНОЖЕНИЕ РЕЛИКТОВОГО ТУРАНГА-ТОПОЛЯ *POPULUS PRUINOSA* SCHRENK ДЛЯ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В НАУЧНЫХ ЦЕЛЯХ И В ПРАКТИКЕ ЛЕСОРАЗВЕДЕНИЯ

Т.Т. Турдиев[1], К.Б. Емешева[1,2], Н.В. Михайленко[1], З.Т. Туйгунов[1,2], К.К. Дүйсенова[1,3], И.Ю. Ковальчук[1], С.В. Кушнаренко[1]
[1]РГП «Институт биологии и биотехнологии растений», г. Алматы, Казахстан
[2]Farabi University, г. Алматы, Казахстан
[3]Казахский Национальный педагогический университет им. Абая, г. Алматы, Казахстан
e-mail: turdievtt@mail.ru

Реликтовый вид *Populus pruinosa* (туранга сизолистная) – один из немногих высокоствольных древесных видов, способных произрастать в условиях сильного засоления и острого дефицита влаги, формируя основу тугайных экосистем Центральной Азии. Внесен в Красную книгу Казахстана и Красный список видов, находящихся под угрозой исчезновения, Международного Союза Охраны Природы (IUCN Red List of Threatened Species). За последние десятилетия антропогенная трансформация пойм рек привела к тому, что площади туранговых лесов сократились более чем на 60%. Естественное возобновление вида затруднено из-за двудомности, приводящей к дисбалансу полов в малочисленных популяциях, неортодоксальности семян, теряющих всхожесть в течение нескольких дней, и крайне низкой укореняемости черенков. Оптимизировали этапы клонального микроразмножения и криосохранения. Максимальный выход асептических растений (60-68%) достигнут при стерилизации черенков раствором «Белизна» (1:1) и 0,1% $HgCl_2$. Использование глюкозы (20 г/л) вместо сахарозы было критически важным для повышения коэффициента размножения (Кр) и предотвращения витрификации побегов. Оптимальной средой для микроразмножения была среда Мурасиге и Скуга (МС) ½ с добавлением 6-бензиламинопурина – 0,1 мг/л и гиббереллловой кислоты – 0,02 мг/л, обеспечивающая Кр 3,8-4,5; для индукции ризогенеза у 91,1% побегов эффективна среда МС ½ с индолилмасляной кислотой – 0,5 мг/л. Разработан протокол криоконсервации меристематических тканей, в котором ключевым этапом выступает трехнедельная холодовая акклиматизация растений-доноров с последующей витрификацией, что обеспечивает 80% посткриогенную регенерацию. Доказано, что хранение в жидком азоте сохраняет всхожесть семян на уровне 97-99% на протяжении всего срока наблюдений (5 лет) в отличие от традиционных методов хранения при +4°C и –20°C, где всхожесть быстро падает до нуля. В целях сохранения генофонда *ex situ* создан ДНК-банк из 28 образцов, хранящихся при –80°C, и сформирована коллекция *in vitro*, включающая 50 мужских и 50 женских генотипов, также создан криобанк из 100 000 семян. Применение маркерной системы ISSR позволило с высокой точностью определять пол сеянцев на ювенильной стадии, что необходимо для формирования сбалансированных по полу насаждений и отбора мужских экземпляров для озеленения населенных пунктов. Завершающим этапом биотехнологического цикла стала адаптация растений *in vitro* к нестерильным условиям в контейнерах с субстратом из торфа, чернозема и песка (5:4:1), обеспечивающая приживаемость 67%. Было получено 2 400 саженцев с закрытой корневой системой, созданы 2 полевых генбанка на территориях Главного и Илийского ботанических садов с приживаемостью высаженных растений 74,2%. Впервые разработанный комплексный биотехнологический подход, объединяющий криосохранение, микроклональное размножение и молекулярно-генетический контроль, представляет собой эффективный инструмент для сохранения и восстановления популяций *P. pruinosa* и может быть рекомендован для включения в государственные программы по защите биоразнообразия и лесоразведению в аридных регионах Казахстана.

GENETIC DIVERSITY OF SELECTED GENERA OF THE KAZAKHSTAN'S FLORA

S.I. Abugalieva, S.S. Almerekova, M.M. Yermagambetova, Y.K. Turuspekov
Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
e-mail: absaule@yahoo.com

The study of plant biodiversity and the genetic structure of wild flora is based on the integration of classical and advanced interdisciplinary approaches and methods of modern botany, genetics, molecular taxonomy, bioinformatics etc. Kazakhstan is a vast and diverse country spanning various climatic zones, its flora is rich and varied, comprising approximately 6,000 species of vascular plants, of which about 10% are endemic. The research aimed to study the genetic diversity of the important representatives of the Kazakhstan flora and create and expand an information database. The study of the genetic diversity of endemic, rare, endangered, vulnerable, and economically valuable plant species in Kazakhstan was initially launched under scientific and technical program 0237/PTF (2015-2017), leading by IPBB (Prof. Turuspekov). The program was implemented through extensive collaboration with colleagues from the Institute of Botany and Phytointroduction, the Mangyshlak Experimental Botanical Garden, the Altai Botanical Garden, S. Amanzholov East Kazakhstan State University, E. Buketov Karaganda State University, and the National Center for Biotechnology, as well as national parks and state nature reserves within Kazakhstan's system of specially protected natural areas. Later in the framework of the grant (AP05131621), an open web resource with digitized data on the genetic diversity of flora in Kazakhstan was developed. Subsequently, the Laboratory of Plant Molecular Genetics (IPBB) carried out a number of projects and dissertation studies focused on the genetic diversity of species belonging to various families and their respective genera: *Juniperus, Picea, Agriophillum, Salsola, Tulipa*, *Allium, Iris, Ranunculus, Oxytropis, Dactylorhiza, Anthemis, Ribes, Prunus, Haloxylon, etc.* A database on the botanical description of the collected around 500 endemic, rare, endangered, and economically useful plant species belonging to 233 genera and 79 families of the Kazakhstan flora has been elaborated. Continuing these studies on the genetic diversity analysis of plant genera like *Juniperus, Tulipa*, *Salsola, Allium, Iris, Agriophillum* etc. offers a promising avenue to gain crucial insights into their population structure, phylogenetic relationships, and potential conservation strategies. Within the scope of these studies, the first comparative analyses of chloroplast genomes of *Juniperus, Allium, Tulipa, Iris, Salsola, Lonicera, Rosa, and Aegilops* species from Kazakhstan were conducted. Research into the genetic diversity of the Kazakhstani flora will continue, employing modern approaches and collaborative efforts.

This research has been funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (AP23490860, AP23483825, AP14870612, AP14869593, AP09259027, 0237/PTF-14, and AP05131621).

COMPARATIVE CHLOROPLAST GENOMICS, DIVERGENCE-TIME ESTIMATION, AND BIOGEOGRAPHY OF *IRIS* SPECIES FROM KAZAKHSTAN

S. Almerekova, M. Yermagambetova, S. Abugalieva, Y. Turuspekov
Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
e-mail: almerekovakz@gmail.com

Kazakhstan contains an important component of Central Asian *Iris* diversity, including rare and nationally protected species, yet genomic resources for their identification and conservation remain limited. This study characterized plastome variation of *Iris* species collected across Kazakhstan and evaluated chloroplast genomes as sources of molecular markers for systematics, population research, and conservation genetics. Complete chloroplast genomes were generated using high-throughput sequencing, assembled and annotated, and compared for structural organization, sequence divergence, codon usage, and simple sequence repeat (SSR) composition. Phylogenetic analyses incorporated the newly sequenced genomes and publicly available *Iris* data using maximum-likelihood, Bayesian-inference, and Neighbor-Joining approaches. The chloroplast genomes were structurally conserved and exhibited the typical large single-copy, small single-copy, and paired inverted-repeat regions. Genome sizes ranged from 150,612 (*I. tenuifolia*) to 155,046 bp (*I. kuschakewiczii*), and each plastome contained 133 genes: 87 protein-coding genes, 38 tRNA genes, and eight rRNA genes. Comparative analyses showed that single-copy regions were more variable than inverted-repeat regions. Ten mutation hotspots – *rps16, rps16-trnQ(UUG), trnS(GCU)-trnG(UCC), trnG(UCC), trnY(GUA), trnD(GUC), rpl32, rps15, clpP*, and *ycf1* were identified as candidate DNA barcodes and phylogenetic markers. In total, 2,401 plastid SSRs were detected, with an average of 171.5 per species. *I. glaucescens* contained the largest number of SSRs (195), whereas *I. ruthenica* contained the fewest (142). Mononucleotide repeats represented 65.7% of all SSRs, were strongly biased toward A/T motifs, and occurred predominantly in the large single-copy region. Chloroplast genome-based phylogenies recovered *Iris* as a strongly supported monophyletic lineage but identified subgenus *Limniris* as paraphyletic, with *Hermodactyloides* nested within it. This result highlights the need to reassess existing subgeneric boundaries. Molecular dating and ancestral-range analyses further suggested an Eocene origin of *Iris* and an ancestral distribution spanning Eastern and Central Asia. The hotspot regions and SSRs identified here provide practical resources for species authentication, maternal-lineage analysis, assessment of population differentiation, and selection of representative populations for conservation. Broader sampling and integration of nuclear genomic data will be necessary to validate marker transferability and resolve complex evolutionary relationships affected by hybridization or introgression.

This research has been funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No AP23483825).

BACTERIAL MICROBIOME RESPONSES IN POST-FIRE PLANT COMMUNITIES OF THE AMANKARAGAI PINE FOREST, KAZAKHSTAN

D.A. Issayeva
Kostanay Regional University named after Akhmet Baitursynuly, Kostanay city, Kazakhstan
e-mail: dinar.issayeva@gmail.com

After a wildfire, plants develop in a changed soil environment, where microbial communities may also be reorganized. In Kazakhstan, such processes are still poorly documented, especially in forest ecosystems recovering under a strongly continental climate. The study was conducted in the Amankaragai pine forest (Kostanay Region, Kazakhstan) two years after the 2022 wildfire. We compared burned and unburned sites and analyzed bacterial communities from three compartments: bulk soil, the rhizosphere, and roots. Five plant species common in post-fire habitats were included in the study: *Carex supina* Willd. ex Wahlenb., *Calamagrostis epigeios* (L.) Roth, *Conyza canadensis* (L.) Cronquist, *Chenopodium album* L., and *Lactuca serriola* L. The comparison revealed clear differences between burned and control sites. Changes were mainly reflected in bacterial community structure rather than in an overall decline in diversity. The response differed between plant life forms: bacterial communities associated with annual species changed more markedly, whereas those associated with perennial species remained comparatively stable. In burned plots, higher relative abundances of several bacterial genera, including *Arthrobacter*, *Pseudarthrobacter*, and *Massilia*, were observed. These findings suggest that post-fire recovery involves changes not only in soil bacteria but also in root-associated microbiomes. Plant life form may influence bacterial community responses and should be considered when evaluating the recovery of burned forest ecosystems in Northern Kazakhstan.

Keywords: wildfire, bacterial microbiome, rhizosphere, root microbiome, post-fire recovery, Kazakhstan

Scientific supervisors: G.J. Sultangazina, Candidate of Biological Sciences, Professor of the Department of Biology, Ecology, and Chemistry at Kostanay Regional University named after Akhmet Baitursynuly; T.M. Yergaliyev, PhD.

GENETIC DIVERSITY OF *AEGILOPS TAUSCHII* COSS. NATURAL POPULATIONS IN KAZAKHSTAN

S.Kh. Turemuratova[1,2], M.M. Yermagambetova[1], A.I. Amalova[1], S.N. Anuarbek[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: saya_kh@mail.ru

The genus *Aegilops* L. from family Poaceae Barnhart is one of the closest wild relatives of cultivated wheat (*Triticum* L.) and represents an important genetic resource for wheat improvement. In particular, *Ae. tauschii* and species of the section *Sitopsis* are closely related to the D- and B-genome lineages of cultivated wheat, respectively. The natural distribution of the genus extends from the Iberian Peninsula through the Mediterranean region and Western Asia to Central Asia and western China. The genus comprises approximately 23 species traditionally classified into five sections: *Sitopsis* (Jaub. & Spach) Zhuk., *Vertebrata* Zhuk. emend. Kihara, *Cylindropyrum* (Jaub. & Spach) Zhuk., *Comopyrum* (Jaub. & Spach) Zhuk., and *Aegilops*. Five *Aegilops* species have been recorded in the flora of Kazakhstan: *Ae. cylindrica* Host, *Ae. crassa* Boiss., *Ae. tauschii* Coss., *Ae. triuncialis* L., and *Ae. juvenalis* (Thell.) Eig. In Kazakhstan *Aegilops* species are mainly distributed within the Western Tien Shan, Karatau, and Dzhungar Alatau floristic regions. Genetic diversity of *Ae. tauschii* populations were assessed using simple sequence repeat (SSR) markers. Total genomic DNA was isolated from leaf material collected during field expeditions using the cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) method. The concentration of the extracted DNA was evaluated using a NanoDrop spectrophotometer (Thermo Fisher Scientific Inc., USA) and electrophoresis on a 1% agarose gel. Thirteen SSR markers were used to analyze 10 populations of *Ae. tauschii.* Genetic diversity across the ten natural populations of *Ae. tauschii* was assessed using various diversity indices calculated with GenAlEx version 6.5. Genetic diversity within and among the ten natural populations of *Ae. tauschii* evaluated using standard diversity indices, including number of alleles per locus (Na), the effective number of alleles (Ne), Nei's genetic diversity index (Nei), Shannon's information index (I), and percentage of polymorphic loci (PIC). Population relationships and genetic structure examined using cluster analysis, principal coordinate analysis (PCoA), and analysis of molecular variance (AMOVA). Together, these analyses revealed patterns of genetic variation, differentiation, gene flow, and population structure across the *Ae. tauschii* natural populations.

This research was funded by the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan under Grant No. AP23490217.

СОЗДАНИЕ *IN VITRO* И КРИОГЕННЫХ КОЛЛЕКЦИЙ КАК БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОДХОД К СОХРАНЕНИЮ РЕДКОГО И ИСЧЕЗАЮЩЕГО ВИДА *SORBUS PERSICA* HEDL.

Н.А. Алтаева, А.С. Земцова, А.Б. Толеген, С.В. Кушнаренко, Н.В. Ромаданова
Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан
e-mail: altnazira@gmail.com

В результате воздействия природно-климатических и антропогенных факторов многие дикорастущие растения стали редкими или исчезающими. Одним из таких видов является рябина персидская (*Sorbus persica* Hedl.) – эндемик, занесённый в Красную книгу Казахстана. Для сохранения редких видов *ex situ* применяют биотехнологические методы: семенное и микроклональное размножение *in vitro*, а также создание криобанков семян, апикальных меристем и зародышевых осей. В связи с этим целью данного исследования являлось создание *in vitro* и криогенных коллекций редкого исчезающего вида. Для оценки состояния растительных популяций рябины на местах естественного произрастания проведено описание с использованием международных дескрипторов, которое осуществлялось с учетом 45 параметров. Выявлено поражение ржавчиной – 19-31,7%. Следует также отметить, что отсутствовало плодоношение в период сбора растительного материала (2023-2024 гг.), лишь в 2025 году оно было обнаружено только у трёх образцов. В качестве эксплантов для введения в культуру *in vitro* использовали эмбриональные оси, изолированные из семян рябины. Очищенные от мякоти семена помещали в пластиковые контейнеры и стратифицировали при 4°C в течение 8 недель (освещённость 10 $\mu E \cdot m^{-2}s^{-1}$, 16-часовой фотопериод). Перед введением в культуру семена стерилизовали разбавленным (¼) раствором отбеливателя «Белизна» (5-15 % гипохлорита натрия, щелочные компоненты ≤ 5 %) в течение 5 мин с последующим промыванием проточной водой. Затем в стерильных условиях семена стерилизовали в 0,1% растворе $HgCl_2$ в течение 5 мин, с последующим трехкратным промыванием бидистиллированной водой. Изолированные 0,3-0,5 мм эмбриональные оси были помещены в пробирки с питательной средой Кнопа (1 г/л $Ca(NO_3)_2$, 0,25 г/л $MgS0_4*7H_20$, 0,25 г/л KH_2PO_4, 0,125 г/л KCI, 27,8 мг/л $FeS0_4*7H_2O$, 37,3 мг/л $Na_2EDTA*2H_20$, 1,75 г/л джелрайт, 4 г/л агар, pH 5,7). Всего было введено в культуру *in vitro* 70 эмбриональных осей из 3-х образцов рябины. Процент лабораторной всхожести варьировал от 20,0% до 60,0%. Полученные проростки были протестированы на наличие эндофитной контаминации на специализированной среде 523 для детекции грибов и бактерий (10 г/л сахарозы, 8 г/л гидролизата казеина, 4 г/л дрожжевого экстракта, 2 г/л KH_2PO_4, 0,15 г/л $MgSO_4 \cdot 7H_2O$, 6 г/л джелрайта, pH 6,9). Эндофитная контаминация обнаружена не была. Проведена оптимизация состава питательной среды для микроклонального размножения. Максимальный коэффициент размножения (4,9) был получен на питательной среде Мурасиге-Скуга с 3 мг/л 6-бензиламинапурина, 1 мг/л кинетина, 0,05 мг/л гиббереллловой кислоты. На данный момент получена *in vitro* коллекция 3 образцов *S. persica*. Кроме того, из листового материала проводили экстракцию ДНК методом Дойла и Дойла с использованием CTAB-буфера: 100 мМ Tris-HCl (pH 8,0), 20 мМ EDTA, 1,4 М NaCl, 2% CTAB, 2% поливинилпирролидона (PVP) и 0,2% 2-β-меркаптоэтанола. В результате создан криогенный банк ДНК, состоящий из 75 образцов. Исследование финансировалось Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (проект BR28713087).

КУЛЬТУРА ГРАНАТА В УСЛОВИЯХ ГОРНОГО БАДАХШАНА РЕСПУБЛИКИ ТАДЖИКИСТАН

Н.А. Бахронов
Памирский биологический институт им. акад. Х. Ю. Юсуфбекова НАНТ, Хорог, Таджикистан
e-mail: nodirsho.bahronov@bk.ru

Гранат является одной из важных плодовых культур, имеющих большое пищевое, хозяйственное и биологическое значение. Плоды граната отличаются богатым биохимическим составом и широко используются в пищевой промышленности и народной медицине. Сок, семена и кожура граната с древних времен применялись в лечебных целях, и многие из этих свойств сохраняют значение и в современной медицине. Гранат — субтропическая плодовая культура, представленная деревьями и кустарниками. Кустарниковые формы обычно достигают 1,5–3 м высоты и могут иметь 20–40 стеблей различного возраста и диаметра. Древовидные формы способны достигать высоты около 6 м. Гранат отличается высокой экологической пластичностью и засухоустойчивостью, способен произрастать на относительно бедных почвах и переносить значительные колебания температуры, что обусловливает его перспективность для выращивания в различных природно-климатических условиях. На территории Республики Таджикистан естественные и культурные формы граната распространены в трех основных очагах: на южном склоне Дарвазского хребта, в бассейне р. Пяндж; в пределах Гиссарского хребта, в бассейне р. Кафирниган; а также на южном склоне Гиссарского хребта, в бассейнах рек Ширкент, Туполанг и Сангардек. Отдельные кусты и заросли граната отмечены на высотах 600–1200 м над уровнем моря. Согласно предварительным литературным данным, в Таджикистане, до настоящего времени сведения о произрастании граната на высотах свыше 1400 м над уровнем моря отсутствуют. В связи с современными изменениями климатических условий, в частности повышением средних температур, а также расширением возможностей интродукции плодовых культур в более высокогорные районы, нами были проведены экспедиционные исследования распространения и произрастания граната в условиях Горного Бадахшана. В результате проведённых исследований впервые установлено, что высотный ареал произрастания граната в регионе значительно шире, чем считалось ранее. Выяснено, что гранат произрастает не только в субтропической зоне Дарваза Горного Бадахшана, но также успешно растёт и плодоносит в умеренной зоне Ванджа на высоте до 1800 м над уровнем моря. Полученные результаты свидетельствуют о высокой адаптационной способности граната к условиям более высокогорных территорий Памира и позволяют рассматривать его как перспективную плодовую культуру для дальнейшей интродукции и изучения в условиях Горного Бадахшана. На следующем этапе исследований планируется провести детальное изучение биологических и морфологических особенностей выявленных форм граната, оценить их хозяйственно ценные признаки, устойчивость к местным природно-климатическим условиям, а также определить перспективы дальнейшей интродукции и распространения культуры на более высоких высотах.

ЦИФРОВЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В МОНИТОРИНГЕ ГЕНОФОНДА ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ НА ЮГО-ВОСТОКЕ КАЗАХСТАНА

М.А. Есимбекова[1], Б.Ш. Алимгазинова[1], К.Б. Мукин[1], К.Б. Джиенбаева[1], Т.Б. Таменов[2], Д.Г. Таджибаев[1], Б.М. Башабаева[1]

[1] Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства, Алмалыбак, Казахстан

[2] Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Алматы, Казахстан

e-mail: minura.esimbekova@mail.ru

Важным инструментом современной агрономии является мониторинг состояния посевов озимой пшеницы с использованием цифровых технологий, позволяющих оценивать физиологическое состояние растений и прогнозировать потенциальную урожайность. Их применение обеспечивает комплексную оценку генотипов с учётом фенотипических признаков и условий окружающей среды, что способствует эффективному отбору ценных генотипов для селекции. Особое значение имеют спектральные индексы, в частности NDVI, характеризующий интенсивность вегетации и позволяющий выявлять стрессовые состояния растений, связанные с недостатком влаги, питательных веществ, болезнями и вредителями. Оценка генофонда озимой пшеницы с использованием оптического датчика GreenSeeker проведена в фазы колошения и молочно-восковой спелости в условиях Юго-Востока Казахстана в 2021–2025 гг. В фазу колошения у 61,4% образцов отмечены высокие значения NDVI (0,73–0,78). Содержание хлорофилла, определённое с помощью Chlorophyll Concentration Meter MC-100, варьировало от 447,6 до 698,3 единицы при среднем значении 577,3. Установлена высокая положительная корреляция между NDVI и содержанием хлорофилла (r = 0,74), а также между NDVI и урожайностью (r = 0,68) и содержанием хлорофилла и урожайностью (r = 0,59). Это подтверждает информативность данных показателей для экспресс-оценки физиологического состояния и продуктивности генотипов. Дополнительные возможности предоставляет использование беспилотных летательных аппаратов (БПЛА) с RGB- и мультиспектральными камерами. Они позволяют оперативно оценивать густоту и равномерность посевов, динамику роста и старения растений. На основе RGB-съёмки и обработки данных с использованием плагина CIMMYT_Maize_Scanner был рассчитан индекс CSI (Cereal Senescence Index), характеризующий динамику старения растений различных генотипов. В начале вегетационного периода у всех изученных генотипов были отмечены умеренные значения CSI, что было связано с активным развитием растений и отсутствием плотного зеленого покрова. Постепенное увеличение CSI соответствовало периоду активного наращивания вегетативной массы и отсутствию признаков старения листового аппарата. Наиболее быстрый темп старения отмечен у линий, у которых максимальные значения CSI (около 110 ед.) достигались раньше других. Стандартный сорт «Стекловидная 24» демонстрировал сходную динамику, выходя на плато около 90–100 ед. CSI. Выделены линии с более медленным накоплением индекса CSI, что свидетельствует о замедленном старении листового аппарата и, как правило, связано с более высокой урожайностью. Линии представляют интерес для отбора stay-green генотипов при селекции на засухоустойчивость и высокую продуктивность в стрессовых условиях. Таким образом, применение БПЛА, спектрального индекса, в частности NDVI, обеспечивает оперативный и объективный мониторинг посевов, позволяет выявлять стрессовые состояния и перспективные генотипы. Интеграция этих данных с ГИС, метеорологической информацией и технологиями искусственного интеллекта расширяет возможности цифрового фенотипирования и повышает эффективность современной селекции пшеницы.

РАЗРАБОТКА МЕТОДОВ ДОЛГОСРОЧНОГО СОХРАНЕНИЯ *CRATAEGUS AMBIGUA* ПОСРЕДСТВОМ КРИОКОНСЕРВАЦИИ ИЗОЛИРОВАННЫХ ЗАРОДЫШЕВЫХ ОСЕЙ

А.С. Земцова[1,2*], Н.А. Алтаева[1], Н.А. Артимович [1], С.В. Кушнаренко [1], Н.В. Ромаданова[1]
[1]РГП «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК, Алматы, Республика Казахстан, Тимирязева, 45, 050040;
[2]Farabi University, Алматы, Республика Казахстан, аль-Фараби, 71, 050040
e-mail: zemtsovaaalina@gmail.com

Crataegus ambigua C.A. Mey. ex A.K. Becker является эндемиком Казахстана, включенным в Красную книгу, и представляет собой исключительную научную значимость как уникальный генетический ресурс и источник ценных биологически активных соединений. Естественное воспроизводство данного вида осложнено механизмом глубокого покоя семян: необходимость длительной стратификации часто приводит к потере жизнеспособности биоматериала. В этой связи одним из эффективных методов сохранения генофонда выступает криоконсервация изолированных зародышевых осей в жидком азоте (–196°C). Такой подход позволяет не только обойти проблему физиологического покоя, но и обеспечить гарантированное долгосрочное хранение без риска генетической эрозии. Целью исследования была разработка эффективной системы криоконсервации зародышевых осей *C. ambigua* для долгосрочного хранения генетического материала. Объектами исследования служили изолированные зародышевые оси, выделенные из семян, собранных в естественных популяциях. Для исследования в 2023-2025 гг. на территории Мангистауской области было собрано 68 образцов из шести природных популяций. Для изолирования зародышевых осей семена предварительно очищали от оболочки, после чего первично стерилизовали в ¼ растворе коммерческого отбеливателя «Белизна», содержащего 5-15% гипохлорита натрия и ≤5% щелочных компонентов, в течение 5 минут. В асептических условиях проводили стерилизацию в 0,1% растворе $HgCl_2$ в течение 3 минут с последующим трехкратным промыванием в стерильной бидистиллированной воде. Зародышевые оси изолировали с помощью стерильного скальпеля, после чего их подвергали воздушной дегидратации в потоке стерильного воздуха в течение 1 часа. Затем экспланты помещали в криопробирки и погружали в жидкий азот на 1 час. Размораживание проводили при комнатной температуре, объекты культивировали на питательной среде Кнопа при температуре 24 ± 1°C и 16-часовом фотопериоде в течение 4 недель, после чего полученные побеги тестировали на наличие эндофитной контаминации с использованием специализированной среды 523, предназначенной для роста эндофитных бактерий и грибов. Результаты анализа 27 отобранных образцов продемонстрировали, что средний показатель лабораторной всхожести после криогенного воздействия составил 37,2% (для сравнения, всхожесть без воздействия жидкого азота (Контроль) составила 7,1%), доля жизнеспособных проросших побегов – 30,1%, из которых 71,7% оказались асептическими. Полученные показатели всхожести согласуются с результатами исследований на других древесных представителях семейства *Rosaceae*. На основе полученных данных будет сформирована криогенная коллекция из 27 отобранных образцов. Это станет базой для долгосрочного сохранения данного вида, что станет надежным инструментом для формирования криогенного банка и сохранения генетического разнообразия *C. ambigua* в Казахстане.

Исследование финансировалось Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (проект BR28713087).

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПАСПОРТИЗАЦИЯ КЛОНОВЫХ ПОДВОЕВ ЯБЛОНИ НА ОСНОВЕ SSR-ГЕНОТИПИРОВАНИЯ

И. Ковальчук, Б. Кабылбекова, Ж. Айтымбет, М. Аскарова, З. Юсупова, А. Сейсенова, Д. Калдыбаева, С. Солтанбеков, А. Маденова
Казахский научно-исследовательский институт плодоводства и овощеводства, Алматы, Казахстан
e-mail: k_b_zh@mail.ru

Идентификация и генетическая паспортизация клоновых подвоев яблони имеют важное значение для современного питомниководства, селекции и сертификации посадочного материала. Морфологические признаки подвоев могут изменяться под влиянием условий выращивания, что ограничивает надежность их идентификации. В связи с этим применение молекулярно-генетических маркеров позволяет получить более стабильную характеристику генотипов. Целью исследования являлась комплексная оценка генетического и морфологического разнообразия пяти клоновых подвоев яблони, используемых в Казахстане, и разработка интегрированных генетико-морфологических паспортов. Исследовали подвои Жетысу 5, ARM-18, B-7-35, M9 и B9. Для SSR-генотипирования использовали 17 полиморфных микросателлитных маркеров: Hi02c07, GD12_a, NZ01a6, CH02c06, CH05f06, CH01h01, CH01h10, CH01f02, CH01f03b, GD147_a, CH04c07, CH02c09, CH02c11, CH02d08_a, CH03d07_a, CH04e05_a и CH05e04_a. ДНК выделяли из молодых листьев методом модифицированного CTAB. Амплификацию проводили методом ПЦР с последующей оценкой аллельных профилей. Для характеристики морфологических особенностей оценивали 30 вегетативных признаков в соответствии с дескрипторами UPOV. Генетическое сходство определяли на основе генетических дистанций и кластерного анализа методом UPGMA. SSR-анализ выявил выраженный полиморфизм исследованных локусов. Число аллелей на локус составляло от 2 до 4, среднее значение – 2,5. Среднее ожидаемое гетерозиготное разнообразие (He) составило 0,45, а среднее значение полиморфного информационного содержания (PIC) – 0,38. Наиболее информативными оказались маркеры CH05f06, CH02d08_a, CH04c07 и CH02c11. Маркеры NZ01a6, CH02d08, CH01h01 и CH02c06 обладали диагностической ценностью для различения исследованных подвоев. Все пять генотипов были достоверно дифференцированы по SSR-профилям. Согласно UPGMA-анализу, подвои B9, Жетысу 5 и B-7-35 сформировали общий кластер, тогда как ARM-18 и M9 характеризовались более обособленными генетическими профилями. Морфологический анализ также выявил различия по силе роста, характеру ветвления, параметрам побегов и листьев, при этом результаты фенотипического группирования в целом соответствовали данным SSR-анализа. Таким образом, комплексное использование SSR-маркеров и морфологических признаков обеспечивает надежную идентификацию клоновых подвоев яблони и позволяет формировать их молекулярно-морфологические паспорта. Полученные результаты могут быть использованы при генетической сертификации посадочного материала, контроле сортовой идентичности в питомниководстве, селекции и сохранении генетических ресурсов яблони в Казахстане.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИАГНОСТИКА ВИРУСНЫХ ИНФЕКЦИЙ СЕМЕЧКОВЫХ КУЛЬТУР В КАЗАХСТАНЕ

А.К. Маденова, Д. Калдыбаева, Б. Кабылбекова, С. Солтанбеков, Ж. Айтымбет
Казахский научно-исследовательский институт плодоовощеводства, г. Алматы, Казахстан
e-mail: madenova.a@mail.ru

Вирусные и вироидные инфекции являются одной из основных проблем производства посадочного материала плодовых культур. Многие патогены способны длительное время сохраняться в растениях без выраженных внешних симптомов, что существенно затрудняет их выявление при визуальном обследовании. Поэтому применение высокочувствительных молекулярных методов диагностики имеет важное значение для фитосанитарного контроля и оценки состояния генетических ресурсов плодовых культур. Цель исследования – провести молекулярную диагностику основных вирусных и вироидных патогенов яблони и груши и оценить их распространение в обследованных регионах Казахстана. Исследования проведены на 34 образцах яблони и груши, собранных в Алматинской, Туркестанской и Жамбылской областях Казахстана. Из образцов листьев выделяли РНК, после чего проводили обратную транскрипцию и количественную ПЦР в реальном времени (RT-qPCR). Для диагностики использовали специфические праймеры и флуоресцентные зонды для выявления вирусов Apple chlorotic leaf spot virus (ACLSV), Apple stem pitting virus (ASPV), Apple stem grooving virus (ASGV), Apple mosaic virus (ApMV), Apple rubbery wood virus 1 (ARWV-1) и вироида Apple hammerhead viroid (AHVd). Молекулярный анализ показал широкое распространение вирусных инфекций среди исследованных образцов. Наиболее часто выявлялся ASPV: его распространенность в обследованных районах составляла от 81,3 до 100%. ACLSV обнаружен преимущественно в образцах из Алматинской и Туркестанской областей, с максимальной частотой 66,7%. ASGV выявлен в 12,5% образцов из Талгарского района, ApMV – в 25% образцов Алматинской области и 11,1% в Тулькубасском районе. ARWV-1 и AHVd обнаружены в 25 и 18,8% образцов соответственно в Талгарском районе. При этом ARWV-1 и AHVd выявлены только в Алматинской области и впервые были молекулярно подтверждены на территории Казахстана. Особое значение имеет выявление смешанных инфекций, при которых в одном растительном образце обнаруживалось несколько патогенов. При этом наличие или отсутствие визуальных симптомов не всегда соответствовало результатам RT-qPCR, что подтверждает недостаточную эффективность визуальной диагностики для выявления латентных инфекций. Проведенное исследование показало широкое распространение вирусных и вироидных инфекций плодовых культур в обследованных регионах Казахстана. Метод RT-qPCR позволил выявить как распространенные, так и ранее не зарегистрированные в Казахстане патогены. Полученные результаты подтверждают необходимость регулярного молекулярного мониторинга посадочного материала яблони и груши для предотвращения распространения латентных инфекций и обеспечения фитосанитарной безопасности плодового производства.

РЕДКИЕ И ИСЧЕЗАЮЩИЕ ПЛОДОВЫЕ ПОРОДЫ ПАМИРА – ТАДЖИКИСТАНА

А.С. Фелалиев[1], З.Д. Шомамадова[2], З.С. Холдорбеков[3]
[1] Памирский биологический институт им. ак. Х.Ю.Юсуфбекова Национальной Академии наук Таджикистана, г. Хорог, Таджикистан
[2]Институт мировой экономики и дипломатии Международного университета туризма и предпринимательства Таджикистана, Душанбе, Таджикистан
[3]Хорогский государственный университет им. М.Назаршоева, г.Хорог, Таджикистан
e-mail: felaliev@mail.ru

Одно из важнейших проблем современности, волнующей ученых плодоводов-экологов, является проблема сохранения генофонда редких и исчезающих видов дикорастущих и культурных форм плодовых пород. Однако, несмотря на всесторонние усилия ученых-биологов, агрономов и экологов, к сожалению, список редких и находящихся под угрозой исчезновения плодовых пород пополняется. В результате экспедиционных исследований по районам Памира (Западного), нами установлено, что косточковые и семечковые плодовые породы, с одной стороны, своими некоторыми особенностями отличаются от других форм своей породы, а с другой стороны, их количество ограничено, и они могут пополнить список плодовых пород, которые находятся на грани исчезновения и нуждаются в охране. Ареал косточковых плодовых культур – вишни, черешни, сливы, абрикоса и персика на Памире проходит от самого нижнего предела произрастания – 1500 м над уровнем моря, до самого верхнего – 3000 (3050) м. Косточковые культуры особенно ценятся за скороплодность , высокую и ежегодную урожайность, а также сравнительную неприхотливость. В районах Памира встречаются: абрикос обыкновенный (*Armeniaca vulgaris* L.) с большим полиморфизмом, вишня садовая (*Cerasus vulgaris Mill.*) и английская ранняя, войлочная вишня (*Cerasus tomentosa W*), тернослив и многие интродуцированные сорта косточковых культур. Среди них встречаются оригинальные формы, резко отличающиеся по тем или иным признакам от форм своего вида или сорта, которые представляют интерес не только для науки, но и имеют большое народнохозяйственное значение. К этим формам относятся: абрикосы «Сафедак», «Трит-1», «Дугоник», «Аджирх-Махмури», «Вишхарвак-1», «Руганнош», «Махмури шугнанский», «Хревони», «Хикухчнош», а также персик «Ширинdона» (сладкоядерный) , вишня «Мода-олуболу» и др.К редко исчезающим семечковым плодовым породам Памира относятся такие культуры, как: груша «Кайон» - редкий, реликтовый, эндемичный вид для Памира, растет не только в садах в еддиничных экземплярах, но и в диком виде имеет естественных рощ. Двухурожайная яблоня «Нисур» в единственном экземпляре произрастает на высоте 2600 м над уровнем моря в кишлаке Нисур Бартангской долины. Также груша «Ямчун» - естественная роща , в количестве 150 шт. деревьев, их возраст колеблется в пределах 100-200 лет. По предварительным исследованиям эта форма отнесена к виду *Pyrus communis* L., однако систематическое положение этой формы требует дополнительных исследований ботаников систематиков.

Section 2.
Plant physiology, biochemistry and biotechnology
Секция 2.
Физиология растений, биохимия и биотехнология

FROM CHILI PEPPER TO BIOACTIVE COMPOUND: GREEN BIOTECHNOLOGICAL APPROACHES FOR CAPSAICIN EXTRACTION AND CHARACTERIZATION

Bouchra Ikram Adja, E.G. Kovaleva, Kinan Darkazanli
Department of Technology for Organic Synthesis, Institute of Chemical Engineering,
Ural Federal University named after the first President of Russia B.N. Yeltsin, Yekaterinburg, Russia
e-mail: Ikramadja7@gmail.com

Capsaicin ($C_{18}H_{27}NO_3$) is a bioactive alkaloid and the major capsaicinoid responsible for the spicy taste of chili peppers (Capsicum species). Physiologically, capsaicin is formed in the placental tissues of the fruit as a defensive agent against pests and pathogens. The alkaloid possesses a wide range of biological activity, such as TRPV1 receptor activation (analgesic effect), anti-inflammatory property, antioxidant capacity, antimicrobial and anticancer activity, metabolism improvement, better blood flow, and regulation of blood glucose. Nevertheless, traditional capsaicin extraction procedures like maceration, Soxhlet extraction, and heat refluxing have considerable disadvantages: high temperatures required, long extraction time, excessive consumption of solvents, poor energy performance, and potential capsaicin destruction. Consequently, new green methodologies should be employed. In the present study, a novel green capsaicin extraction technique based on NADES and UAE was developed and optimized. Natural Deep Eutectic Solvents were prepared using choline chloride (ChCl) as a hydrogen bond acceptor along with various hydrogen bond donors, such as glycine (Gly), glucose (Glu), and citric acid (CA). Six distinct molar ratios were optimized to increase capsaicin solubility and its extraction rate. To evaluate the developed method and choose an appropriate molar ratio, five different ultrasound frequencies were applied. The solvents used are not only biodegradable and food-grade but also provide adjustable polarity although there are issues that come with their use including viscosity and difficulty in recovery. UAE was utilized to improve the rate of mass transfer through acoustic cavitation, where rupture of plant cell walls facilitates rapid extraction under cold conditions while maintaining antioxidant activity. The experimental design involved optimization of the extraction procedure using a quadratic model through ANOVA. A correlation matrix based on Pearson's r was used in identifying correlations between the variables of extraction process (solvent composition, molar ratio, and time, temperature, and ultrasound power) and responses (capsaicin yield, total phenols, and antioxidant activity). NADES-UAE method proved to have significant advantages when compared to other extraction procedures, including shorter extraction time (minutes rather than hours), increased capsaicin yield, retention of antioxidant properties, minimized environmental impact, and safety for application in foods and medicines. NADES formulations based on ChCl that incorporated citric acid or glucose were found to be highly effective. With regard to plant biotechnology, this new method facilitates accurate measurements of capsaicin concentration from various Capsicum tissues. In conclusion, the NADES-UAE extraction process provides an eco-friendly, efficient, and sustainable option for capsaicin extraction compared to the traditional techniques, which makes it a more appropriate choice in line with the green chemistry approach.

Keywords: Capsaicin, Capsicum, Natural Deep Eutectic Solvents (NADES), Ultrasound-Assisted Extraction (UAE), green extraction, plant biotechnology, plant physiology, secondary metabolites, ANOVA optimization.

This work was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (No. 075-15-2025-636 dd. 29.07.2025).

HAPLOID BIOTECHNOLOGY OF CEREAL CROPS

B.B. Anapiyayev[1], K.M. Iskakova[1], I.R. Rakhimbayev[2]
[1]Kazakh National Research Technical University named after K.I. Satbayev
[2]Institute of Plant Biology and Biotechnology[2]
e-mail: b.anapiyayev@satbayev.university

The global climate change, associated with rising average annual temperatures, altered precipitation patterns, and drought, has a significant impact on cereal crop productivity. In particular, *Triticum aestivum, Hordeum vulgare, Sorghum bicolor* are at risk of yield losses due to extreme heat and drought, especially during critical developmental stages such as flowering and grain filling. Projections indicate that yield losses caused by rising temperatures may increase considerably by the middle and end of the twenty-first century. Research data show that increases in average temperatures adversely affect cereal crop productivity in various regions of the world, reducing average yields with a temperature rise of only 1 °C. Under the same conditions, droughts are becoming more frequent and prolonged, including in Kazakhstan, thereby intensifying water stress in plants. Furthermore, climate change affects not only quantitative yield indicators but also the valuable quality characteristics of grain, as heat and water stress influence plant physiological development and biochemical processes. In the context of global climate change, cereal crops are of great importance to the world's population in ensuring food security. All five of the world's most important plant crops belong to this family: wheat, rice, maize, barley, and sorghum. Cereals play an important role in combating food shortages and hunger and are crucial to food security, particularly in the semi-arid and arid regions of Kazakhstan. Breeding climate-resilient varieties is a key mechanism for cereal adaptation. Traditional breeding methods based on repeated crossing cycles require 8–15 years to develop a new variety. In this regard, haploid biotechnology based on the cultivation of isolated microspores in vitro is of strategic importance. It accelerates the breeding process and makes it possible to obtain genetically stable homozygous lines from promising hybrids within a single growing season. The integration of haploid biotechnology and mutation breeding with modern molecular biological methods expands the possibilities for identifying the genetic and physiological mechanisms of plant adaptation to adverse environmental conditions. This integrated approach facilitates more targeted selection of initial breeding material and increases the efficiency of developing varieties adapted to environmental stress factors. Thus, haploid biotechnology can be regarded as a promising component of a modern biotechnology platform for cereal breeding, contributing to the accelerated development of resilient and productive forms and varieties. This is important for maintaining food security under global climate change. This paper discusses practical results from the use of haploid biotechnology in the breeding of the cereal crops *Triticum aestivum* L., *Hordeum vulgare*, and *Oryza sativa* L.4

PHYTOCHEMICAL SCREENING AND BIOACTIVITIES OF *DRYOPTERIS RAMOSA* (HOPE) C.CHR

Abdul Basit[1], Alia Gul[2], Ikramullah Khan[3]
[1]Department of Botany, Islamia College, Peshawar, Pakistan
[2]Department of Botany, Hazara University, Mansehra, Pakistan
[3]Department of Botany Abdul Wali Khan University, Mardan, Khyber Pakhtunkhwa, Pakistan
e-mail: aliagulbotanist@gmail.com

Dryopteris ramosa, an ethnomedical Himalayan fern of medicinal value was chosen for phytochemical screening and the assessment of its analgesic, anti-inflammatory, and antipyretic activities. Phytochemical analysis indicated the existence of numerous bioactive compounds, such as 2,3-Dihydrobenzofuran (120 g/mol), Ethyl 1,2-dihydro-2-oxoquinoline (173 g/mol), 2,6-di-tert butyl-4-ethylidenecyclohexa-2,5-dien-1-one (232 g/mol), Hexadecanoic acid, methyl ester (270 g/mol), and γ-sitosterol (414 g/mol), among others, indicating a chemically diverse profile. Specifically, compounds like Methaqualone (250 g/mol), bis(2-ethylhexyl) phthalate and terephthalate (390 g/mol each), and 4-amino-3-Quinolinecarboxylic acid (188 g/mol) also played a part in the chemical diversity of the extract. Bioactivity tests were carried out at the ICP Laboratory, Department of Botany, and Pharmacy Lab, University of Peshawar (UOP), during 2024-25. Adult Swiss albino mice (20–30g) and Wistar rats served as the model organisms. The hot plate and acetic acid-induced writhing tests were used to determine the analgesic activity. Methanolic extracts of *D. ramosa* increased nociceptive thresholds at 30, 60, and 90 minutes in a dose-related manner (50, 100, 200 mg/kg) with similar efficacy to that of morphine (5 mg/kg). At the writhing test, the methanol and n-hexane extracts inhibited abdominal constrictions, with methanolic extract being more potent. Anti-inflammatory activities were studied by the carrageenan-induced paw edema model. The methanolic extract caused significant inhibition of paw swelling at various time points ($P < 0.05$ to $P < 0.001$), validating its anti-inflammatory activity. In the Brewer's yeast-induced pyrexia model, the methanolic extract significantly lowered raised rectal temperatures at 3 and 5 hours of post-administration. The n-hexane extract also exhibited excellent antipyretic activities, especially with increased doses. In summary, the results underscore the richness of phytochemicals and potential therapeutic activities of *Dryopteris ramosa*. The analgesic, anti-inflammatory, and antipyretic activities exhibited support its traditional application in folk medicine and justify its further investigation to isolate and identify the active principles and determine their mechanisms of action.

Keywords: *Dryopteris ramosa*; phytochemical screening; medicinal plants; bioactive compounds.

GENETICALLY MODIFIED PLANTS: FROM CISGENESIS TO GENOME EDITING

S. Eliby[1], E. Maltseva[2], G. Iskakova[2], G. Ismagulova[2], N. Bishimbayeva[3], I. Rakhimbayev[4], G. Kylyshbaeva[5], N. Borisjuk[6], P. Langridge[1]
[1]University of Adelaide, Adelaide, Australia
[2]Institute of Molecular Biology and Biochemistry, Almaty, Kazakhstan
[3]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
[4]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[5]Central Asian Innovation University, Shymkent, Kazakhstan
[6]Institute of Cell Biology and Genetic Engineering, Kiev, Ukraine
e-mail: selib1961@gmail.com

Modern plant biotechnology is rapidly evolving from conventional genetic modification towards increasingly precise approaches for crop improvement. This presentation will discuss this transition, focusing on two complementary strategies: cisgenesis and genome editing, with particular emphasis on their applications in wheat and other important crops. The first part will focus on cisgenesis as an approach for transferring useful genetic variation into wheat from sexually compatible or crossable relatives. Unlike conventional transgenesis, cisgenesis uses genes and their regulatory elements originating from the same species or from a sexually compatible gene pool. This approach provides an opportunity to introduce valuable traits, including disease and pest resistance, abiotic stress tolerance and improved agronomic characteristics, while retaining the genetic identity of the recipient cultivar. Examples of the use of genetic resources from wheat's wild and cultivated relatives will be discussed, together with the potential of cisgenesis to overcome the limitations of conventional crossing, including linkage drag and the transfer of undesirable genetic backgrounds. The second part will address the rapid development of genome-editing technologies, particularly CRISPR/Cas systems, as a new generation of precision tools for crop improvement. Genome editing enables targeted modification of endogenous genes through specific nucleotide substitutions, insertions or deletions and can be used to modify genes controlling disease resistance, drought and salinity tolerance, plant architecture, yield, nutritional quality and other agronomically important traits. Recent advances in CRISPR-based technologies, including multiplex editing and increasingly precise editing systems, are expanding the possibilities for developing improved crops while reducing the need for lengthy breeding cycles. Together, cisgenesis and genome editing represent important steps towards precision breeding, combining the rich genetic diversity of crop gene pools with increasingly accurate molecular technologies.

ESTIMATION OF REGENERATIVE POTENTIAL OF HAZELNUT CULTIVARS OF BELARUSSIAN AND EUROPEAN BREEDING AT THE INITIATION OF *IN VITRO* CULTURE

T.A. Krasinskaya
Institute for Fruit Growing, Samokhvalovichi, Republic of Belarus
e-mail: tatsiana.krasinskaya@gmail.com

A complicated and critical stage in the biotechnological process of producing certified planting material for hazelnut varieties is the initiation stage into *in vitro* culture. The aim of the study was to provide a comparative assessment of the regenerative potential of hazelnut varieties of Belarusian and European origin when introduced into *in vitro* culture. The study focused on hazelnut varieties free from major sap-borne viruses: the Belarusian varieties Yashma, Lal and Arkadij, and the European varieties Barcelonski, Catalonski and Nottingham. The material was collected in the third ten-day period of April; the source of the explants was young green shoots, and the type of explant was a stem approximately 1 cm in length with a bud. The mother plants were kept in a greenhouse, where the temperature was maintained at +8°C during the winter. The explants were inoculated onto three culture media: a modified Driver and Kuniyuki Walnut (DKW) medium and a modified Quoirin and Lepoivre Medium (QL) with 1 mg/L 6-BA, 0.1 mg/L IMB, NCGR-COR medium (DKW macro- and micro-salts) with 5 mg/L 6-BA and 0.1 mg/l IMC. To all media, 200 mg/L FeEDDHA, 60 mg/l polyvinylpyrrolidone, and 2 × 10^6 IU/L nystatin (tablet form, manufactured by OJSC 'Borisov Plant of Medical Preparations') were added. The pH of the medium was 5.7 prior to the addition of nystatin tablets and agar-agar to the culture medium in an amount of 4.4 g/L (microbiological agar GOST 17206-96, first grade, OAO NPK 'BINOM-CENTR', 'Korsakovsky Agar Plant'). Sterilisation scheme: non-sterile conditions – rinsing of cuttings with running water using household soap; washing the buds under running water for 30 minutes; fungicide solution with the addition of 2 drops of Tween 20 – 1 hour; in a laminar flow cabinet: 70% ethanol– 1 min; 0.1% Mercury (II) chloride (2 drops of Tween 20) – 3 minutes; sterile antioxidant solution – 5 minutes; sterile distilled water – 3 times for 5 minutes each. Cultivation conditions: temperature 24±2°C, photoperiod 16/8 hours. Light intensity – 3500-4000 Lux. An analysis of the effectiveness of obtaining sterile and actively regenerating explants was carried out after 4 weeks. Analysing the results of introducing hazelnut varieties into culture *in vitro*, we note that the rate of sterile and viable explants of Belarusian cultivars (cv. Arkadij, Yashma, Lal) was on a par with that of cv. Barcelonski and ranged from 22.2 to 29.6 %. Cv. Nottingham exhibited high regeneration potential under the given conditions, with a proportion of viable explants of 62.2 %. On average across all varieties, the best regeneration rate was observed on the NCGR-COR medium (50.1 %), whilst the lowest regeneration rate was recorded on the modified QL medium (10.3%). A variety-specific response of hazelnut explants to the composition of culture media for initiation was observed with a high degree of significance ($p < 0.001$). Thus, for cv. Arkadij, high regeneration activity was observed on DKW medium, whilst for cv. Yashma, Lal and Catalonski, it was observed on NCGR-COR medium containing high 6-BA concentration (5 mg/l). For cv. Barcelonski, all the media studied promoted the development of explants to a similar extent (20.0–26.7 % viable explants); for cv. Nottingham, media based on the DKW mineral composition proved to be optimal (70.0–75.0 %).

BIOLOGICALLY ACTIVE COMPOUNDS IN THE NEEDLES AND BERRY-LIKE CONES OF *JUNIPERUS SERAVSCHANICA*

A. Orken[1,2], S.A. Manabaeva[1,2]
[1]Plant Genetic Engineering Laboratory, National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan
[2]Faculty of Natural Sciences, L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan
e-mail: orkena23@gmail.com

Juniperus seravschanica Kom. is a valuable source of biologically active secondary metabolites, including mono- and diterpenoids, terpene alcohols, lignans, and flavonoids. Investigation of the chemical composition of different plant organs is important for assessing this species' potential applications in pharmacology, cosmetics, and biotechnology. The aim of this study was to investigate the chemical composition of *J. seravschanica* needle and berry-like cone extracts using gas chromatography–mass spectrometry (GC-MS) and high-performance liquid chromatography–mass spectrometry (HPLC-MS). Dried needles and berry-like cones of *J. seravschanica* were used as the plant material. Volatile and semi-volatile constituents were analyzed by 7890A/5975C GC-MS system, and the compounds identifed by comparing their mass spectra with those in the Wiley 11th Edition and NIST'02 libraries. For the HPLC-MS analysis, the freeze-dried berry-like cones were ground into a powder and extracted with 30 mg of 70% aqueous ethanol in 2 mL for 24 hours. The extracts were then centrifuged and filtered through membrane filter before being analyzed using an Agilent 6475A triple quadrupole mass spectrometry system. Vitexin, hyperoside, astragalin, quercetin, and coumarin were separated on a C18 column and quantified using multiple reaction monitoring (MRM). Analyte concentrations were expressed as ng/mL of extract. A GC-MS analysis revealed that the primary components of the needle extract were β-myrcene (13.79%) and α-pinene (8.10%). The predominant ester derivative was methyl 7,15-isopimaradien-18-oate, accounting for 20.01% of the detected constituents. The primary alcohol-containing compounds were germacrene D-4-ol (8.79%) and abietinol (5.68%). The berry-like cone extract was characterized by high proportions of β-myrcene (12.87%), α-pinene (11.24%), and abietinol (8.77%). HPLC–MS analysis revealed distinct profiles of bioactive compound profiles in the needles and berry-like cones of *J. seravschanica*. The predominant quantified compound in the needle extract was hyperoside (58.8575 ng/mL), followed by vitexin (10.7950 ng/mL), quercetin (2.1911 ng/mL), astragalin (1.2862 ng/mL), and coumarin (0.9009 ng/mL). Hyperoside dominated the berry-like cone extract (87.8451 ng/mL), while vitexin, quercetin, astragalin, and coumarin were detected at 9.7913, 9.0303, 7.5072, and 6.1046 ng/mL, respectively. The berry-like cone extract contained approximately 1.5-fold more hyperoside compared with the needle extract and 5.8-, 4.1-, and 6.8-fold higher concentrations of astragalin, quercetin, and coumarin, respectively. These results demonstrate the differences in the chemical profiles of *J. seravschanica* needles and berry-like cones and support further investigations of these sources for biological activity compounds in pharmaceutical and biotechnological applications.

ГЕНОМНОЕ РЕДАКТИРОВАНИЕ ГЕНОВ-РЕГУЛЯТОРОВ РАЗВИТИЯ УСТЬИЦ КАК ПОДХОД К ИЗУЧЕНИЮ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ КАРТОФЕЛЯ

Л.С. Абеуова, Ш.А. Манабаева
Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан
e-mail: abeuova@biocenter.kz

Засуха является одним из ключевых абиотических факторов, ограничивающих продуктивность сельскохозяйственных культур. Для Казахстана проблема водного дефицита особенно актуальна в связи с засушливыми климатическими условиями, неравномерным распределением осадков и ограниченностью водных ресурсов. В связи с этим изучение генетических механизмов, обеспечивающих эффективное использование воды и сохранение продуктивности растений в стрессовых условиях, является важным направлением современных биотехнологических исследований. Картофель (*Solanum tuberosum* L.) чувствителен к недостатку влаги, что определяет актуальность изучения молекулярных механизмов его адаптации к засухе. Регуляция развития устьиц является одним из ключевых механизмов, определяющих газообмен, транспирацию и эффективность использования воды растениями. Важными компонентами данного процесса являются сигнальные пептиды семейства EPF/EPFL. EPF1 и EPF2 преимущественно функционируют как отрицательные регуляторы развития устьиц, тогда как EPFL9 (STOMAGEN) стимулирует их формирование. Антагонистическое действие этих регуляторов делает систему EPF/EPFL перспективным объектом для функционального изучения механизмов адаптации растений к водному дефициту. Целью исследования являлось создание CRISPR/Cas9-конструкций для направленного редактирования генов StEPF1, StEPF2 и StEPFL9 картофеля и получение растительного материала для последующей оценки роли этих генов в формировании ответа на водный дефицит. Для направленного редактирования целевых генов были сконструированы экспрессионные векторы CRISPR/Cas9. Специфические последовательности направляющих РНК (gRNA) были химически синтезированы и клонированы в вектор pEN-Chimera с формированием соответствующих gRNA-кассет. Полученные кассеты переносили в бинарный вектор pMR287 с использованием технологии Gateway, в результате чего были получены CRISPR/Cas9-конструкции, содержащие направляющие РНК к выбранным целевым генам. Доставку конструкций в растения *in planta* осуществляли методом Fast-TrACC, основанным на *Agrobacterium*-опосредованной трансформации. В результате были получены растения картофеля, обработанные конструкциями для редактирования генов StEPF1, StEPF2 и StEPFL9. Методом ПЦР выявлено наличие последовательности Cas9, а также проведена специфическая амплификация целевых участков исследуемых генов. Полученные образцы отобраны для последующего секвенирования целевых локусов с целью выявления и характеристики индуцированных мутаций. Последующий анализ устьичного фенотипа и оценка физиолого-биохимического ответа на водный дефицит позволят определить функциональную роль генов StEPF1/StEPF2–StEPFL9 в регуляции развития устьиц и адаптации картофеля к засухе. Разработанный подход создает основу для функционального изучения системы EPF/EPFL у картофеля и оценки перспективности ее компонентов в качестве мишеней геномного редактирования. В дальнейшем направленное изменение активности этих генов может быть использовано для достижения оптимального баланса между снижением потерь воды, поддержанием фотосинтетической ассимиляции углерода и сохранением продуктивности растений.

ВЛИЯНИЕ ПРЕДПОСЕВНОЙ ИНКРУСТАЦИИ СЕМЯН САХАРНОЙ СВЕКЛЫ БРАССИНОСТЕРОИДАМИ НА МОРФОМЕТРИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ РАСТЕНИЙ НА НАЧАЛЬНЫХ ЭТАПАХ ОНТОГЕНЕЗА

А.А. Боровик, К.Р. Кем, П.А. Небышинец
Институт экспериментальной ботаники НАН Беларуси, Минск, Беларусь
nastechka.borovik@gmail.com

В Республике Беларусь сахарная свекла вносит существенный вклад в продовольственную безопасность и экспортный потенциал страны. Однако стабильное развитие отрасли сталкивается с проблемой эндогенного дефицита питания проростков современных односемянных гибридов. Эволюционный переход от многосемянных диких форм к технологичным односемянным, удобным для механизированного сева, привел к существенному сокращению стартовых запасов питательных веществ для прорастающего зародыша. В связи с этим актуальным представляется разработка и применение защитно-стимулирующих составов (ЗСС) для предпосевной обработки семян, которые позволяли бы компенсировать эндогенный дефицит питания и повысить стрессоустойчивость проростков на начальных этапах онтогенеза. Среди широкого спектра физиологически активных соединений, способных эффективно решать эти задачи, особого внимания заслуживают брассиностероиды (БС). Цель данного исследования – определить влияние предпосевной обработки семян ЗСС с брассинолидом (БЛ) и эпибрассинолидом (ЭБЛ) в концентрациях 10^{-8}М на морфофизиологические параметры растений сахарной свеклы на начальных этапах онтогенеза. Объект исследования – семена и растения сахарной свеклы гибрида Каскад 3 (F1). Основой для создания ЗСС послужила пленкообразующая композиция на основе поливинилацетатной дисперсии (ПВА). Проверку статистической значимости результатов исследования относительно контроля выполняли с помощью однофакторного дисперсионного анализа (One-Way ANOVA) с последующим применением пост-хок теста Тьюки (Tukey HSD). Изменения считали достоверными при уровнях значимости: * – $p \leq 0{,}05$; ** – $p \leq 0{,}01$. Анализ морфометрических показателей проростков сахарной свеклы выявил, что применение БС в составе ЗСС сопровождалось достоверной стимуляцией ростовых процессов. Длина надземной части проростков увеличилась на 32,2% под действием ЗСС-БЛ и на 23% при обработке ЗСС-ЭБЛ относительно контроля без обработки. Длина корня также возросла – на 10,5% и 24,1% соответственно. Наиболее выраженный эффект был отмечен по накоплению биомассы. Масса проростка сахарной свеклы возросла на 35% в варианте с ЗСС-БЛ и на 65% при обработке ЗСС-ЭБЛ. Аналогичная тенденция наблюдалась для массы корня, которая увеличилась на 40,1% и 56,3% соответственно. Таким образом, у сахарной свеклы отмечено усиление ростовых процессов под действием обоих составов. Существенное увеличение массы и длины надземной части согласуется с известным действием БС как активаторов растяжения и деления клеток.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта БРФФИ №Б26-03.

СОВРЕМЕННЫЕ ПОДХОДЫ К ИНТРОДУКЦИИ И КЛОНАЛЬНОМУ МИКРОРАЗМНОЖЕНИЮ *LITHOSPERMUM OFFICINALE* L. С ОЦЕНКОЙ ГИДРОКСИКОРИЧНЫХ КИСЛОТ

А.Ю. Величко[1], Е.В. Амброс[1], В.В. Величко[2], Д.С. Круглов[2], О.Ю. Васильева[1]
[1]Центральный сибирский ботанический сад СО РАН, Новосибирск, Россия
[2]Новосибирский государственный медицинский университет, Новосибирск, Россия
e-mail: anna.vel77@mail.ru

L. officinale перспективный источник биологически активных соединений (БАС) для фармацевтической практики. Естественные ценопопуляции лимитированы и имеют низкую плотность. Для изучения биологических особенностей *L. officinale* проводятся интродукционные испытания на экспериментальном участке ЦСБС СО РАН с последующим клональным микроразмножением, что решает задачи сохранения генофонда и оценки вторичного метаболизма с направленной стимуляцией синтеза целевых БАС в условиях *in vitro*. Цель исследования: оценка влияния состава питательных сред на органогенез *in vitro* и накопление вторичных метаболитов в микропобегах *L. officinale.* В качестве эксплантов для микроразмножения использовали одноузловые сегменты длиной 1,2±0,2 см, изолированные из 4-недельных микропобегов, полученных от 20-недельных материнских растений *in vitro*. Экспланты помещали на среду Мурасиге и Скуга (МС) с модифицированным макроэлементным составом ½–¼ от стандартной прописи, за исключением фосфора. Микроэлементный состав применяли в стандартном или модифицированном варианте. Железо вносили в форме Fe-EDTA в стандартной (1×) или удвоенной (2×) концентрации. Подбор макро- и микроэлементов среды производили с учетом агрохимического состава почвы в естественных местах произрастания *L. officinale* (Новосибирская область). Мезо-инозит, витамины, глицин, сахароза соответствовали стандартной прописи МС, агар 5,0 г/л, pH доводили до 6,0 перед автоклавированием. Культивирование эксплантов осуществляли на четырех вариантах питательных сред (ММС I–IV) в климатической комнате при температуре 22±2 °С, фотопериод 16/8 ч, освещённость 2000 лк. Через 25 суток проводили морфометрический анализ микрорастений и количественное определение гидроксикоричных кислот, как доминирующей группы вторичных метаболитов. Спектры спиртовых извлечений (70 %) регистрировали при 328 нм на спектрофотометре СФ-56. Максимальный коэффициент размножения (число междоузловых сегментов на эксплант) составил 5,25 на ММС I при соотношении Chl a/Chl b = 1,05. На средах ММС IV и ММС II коэффициент размножения составил 4,0 и 3,5 соответственно, при Chl a/Chl b = 1,34 и 1,05. Выявлены достоверные различия в накоплении розмариновой кислоты от среды культивирования: содержание составило 4,24; 5,12; 5,19 и 4,09 % для образцов, культивированных на средах ММС I, II, III и IV соответственно. Максимум накопления (5,19 %) зафиксирован на среде ММС III при соотношении Chl a/Chl b = 0,92 и коэффициенте размножения - 2,5. Наблюдаемый эффект, вероятно, обусловлен активацией шикиматного пути биосинтеза в условиях умеренного стресса, индуцированного составом питательной среды. Таким образом, состав питательной среды, включая микроэлементный профиль и уровень железа, значимо влияет на накопление гидроксикоричных кислот. Оптимальными для получения биомассы с высоким содержанием целевых метаболитов являются ММС II (модифицированные микроэлементы, 1×Fe-EDTA) и ММС III (стандартные микроэлементы, 2× Fe-EDTA). Полученные данные свидетельствуют о перспективности дальнейшего изучения данных вариантов питательных сред для оптимизации биосинтеза вторичных метаболитов и наработки растительной биомассы с заданным химическим профилем, а также ускорения получения посадочного материала для последующей адаптации и акклиматизации.

ПРОТЕКТОРНАЯ ФУНКЦИЯ ЭМИ «ТОР» В УСЛОВИЯХ ЗАСОЛЕНИЯ

И.М. Кайгородова[1], Е.Г. Козарь[1], В.Г. Грязнов[2], С.Ю. Хаширова[3], А.С. Шабаев[3]
[1]ФГБНУ «Федеральный научный центр овощеводства», Московская область, Россия
[2]АО «Концерн ГРАНИТ», Москва, Россия
[3]Кабардино-Балкарский государственный университет им. Х.М. Бербекова, Нальчик, Россия
e-mail: kaigorodova-i@mail.ru

Засоление почвы – один из наиболее распространённых стрессоров на стадии прорастания семян. Предпосевное праймирование является эффективной стратегией повышения устойчивости растений к абиотическим стрессам. Традиционные химические методы сопряжены с экологическими рисками, поэтому всё большее внимание уделяется физическим, экологически безопасным подходам, в частности обработке низкоинтенсивным электромагнитным излучением (ЭМИ). Электромагнитная обработка может стимулировать прорастание семян и развитие растений, включая смягчение негативных последствий стрессовых факторов. В данном исследовании газовая хроматография использовалась для оценки влияния низкоинтенсивного нетеплового ЭМИ на концентрацию газа H_2 в системе «почва-семена гороха» в оптимальных условиях и при солевом стрессе. Максимальные абсолютные концентрации (до 120 мкл) зафиксированы в системе «почва+семена» при обработке ЭМИ. В этом варианте наибольшая скорость выделения H_2 наблюдалась на 3-4-е сутки, достигая в среднем +52,7 мкл/сут, что более чем в три раза превышало контрольный уровень (вариант без ЭМИ-обработки). Данный временной пик соответствует фазе начала активации роста зародышевого корешка. Засоление выступало в качестве выраженного стрессового фактора, снижая эмиссию H_2 в системе «почва+NaCl+семена» на порядок. Соответствующие скорости выделения H_2 были существенно ниже (<5,5 мкл/сут), а их пик смещался на 4-5-е сутки. Таким образом, в отсутствие солевого стресса обработка ЭМИ не только увеличивала суммарное выделение H_2, но и сдвигала пик его эмиссии на более ранние сроки (с 4-5-х на 3-4-е сутки), что может свидетельствовать об ускоренной мобилизации защитных систем семени. В условиях засоления ЭМИ стабилизировало эмиссию H_2, снижая её скорость примерно вдвое по сравнению со стресс-контролем и предотвращая резкие колебания. Следует отметить, что вклад почвенных микроорганизмов в эмиссию водорода в настоящем эксперименте был крайне низким – в варианте «почва без семян и без ЭМИ-обработки» выделение H_2 не зафиксировано, что подтверждает его биогенное происхождение. То есть, обработка ЭМИ семян гороха сразу после посева в почву может являться перспективным нехимическим методом повышения устойчивости растений к солевому стрессу, а одним из неинвазивных подходов к обнаружению стресс-протекторных эффектов воздействия ЭМИ – динамика газообмена на стадии набухания семян. Результаты пилотного исследования процессов газообмена набухающих семян не только подтверждают информативность метода газовой хроматографии для экспресс-оценки эффектов влияния различных факторов на прорастание, но и представляют интерес с точки зрения познания механизмов электромагнитного воздействия. Для разработки стандартизированных протоколов использования ЭМИ для праймирования семян требуются дальнейшие исследования, направленные на молекулярно-биохимическую верификацию выявленных эффектов, оптимизацию параметров излучения и изучение отдаленных последствий обработки на продуктивность растений в полевых условиях и качество получаемой продукции.

АЛЬТЕРНАТИВНЫЕ ИСТОЧНИКИ РАСТИТЕЛЬНЫХ АНТИОКСИДАНТОВ: ОТ СЫРЬЯ К БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИМ ПИЩЕВЫМ МОДУЛЯМ

Н.В. Купаева, М.Д. Нестерова
Федеральный научный центр пищевых систем им. В.М. Горбатова РАН, Москва, Россия
e-mail: nvkupaeva@yandex.ru

Растительные антиоксиданты (АО) для пищевой промышленности представляют интерес как функциональные ингредиенты и технологические вспомогательные средства. Перспективность сырья определяется содержанием биологически активных соединений и возможностью их извлечения, стабилизации и сохранения активности в пищевой матрице. Целью работы являлось обобщение результатов исследований, направленных на оценку альтернативных источников АО и подходов к их применению в пищевых системах. Объектами исследования являлись вторичное растительное сырье: шелуха репчатого лука (*Allium cepa L.*), пшеничные отруби и биотехнологические источники: суспензионные культуры клеток *Maackia amurensis*, *Panax japonicus* и *Dioscorea deltoidea*. Антиоксидантный потенциал (АОП) оценивали, измеряя общую антиоксидантную емкость (ОАЕ) методами FRAP, DPPH, ORAC, хемилюминесценцию (ХЛ), общее количество фенольных соединений (ОКФС) и флавоноидов (ОКФ). Экстракт шелухи желтого лука характеризовался более высокими значениями АОП, обладал сбалансированной антиоксидантной активностью по методу ХЛ и на модели НТ-29. Его внесение в рецептуру мясного паштета обеспечивало повышенные значения $ОАЕ_{FRAP}$ в процессе хранения и снижение накопления продуктов ПОЛ. В эксперименте *in vivo* установлено комплексное влияние АО на антиоксидантную систему крови, органов и тканей лабораторных животных. Другим направлением переработки вторичного сырья являлась разработка технологии получения антиоксидантных пищевых модулей из пшеничных отрубей. Для перевода связанных фенольных соединений в более доступную форму использовали ферментативную экстракцию. Полученный экстракт очищали этанолом или сушили разными методами (распылительный, лиофильный). Были получены жидкие и сухие формы антиоксидантного модуля, перспективные для пищевой промышленности. Новым биотехнологическим направлением является использование культур клеток растений как контролируемого источника АО. На примере суспензионной культуры *Maackia amurensis* установлено, что состав питательной среды влияет на все показатели АОП. Методом ХЛ обнаружены различия в кинетике ингибирования свободно-радикальных процессов и определено, что культура, полученная из стеблевого экспланта и выращенная на среде SH, при высоких концентрациях проявляет прооксидантные свойства. Для перехода от клеточных культур к пищевым ингредиентам показана возможность технологической стабилизации экстрактов суспензионных культур с использованием мальтодекстрина и последующей лиофильной или распылительной сушки. Установлено, что способ сушки определяет АОП порошков: распылительная – способствовала повышению $ОАЕ_{FRAP}$ и $ОАЕ_{DPPH}$, лиофильная – $ОАЕ_{ORAC}$. Полученные порошки могут рассматриваться как вододиспергируемые антиоксидантные модули для пищевых систем. В целом, показана перспективность использования альтернативных источников АО (вторичное сырье и культуры клеток) для создания пищевых модулей разработки функциональных продуктов. Их применение требует комплексной оценки АОП, химического состава, технологической стабильности и поведения в пищевой матрице.

Ключевые слова: вторичное сырье, культуры клеток растений, пищевые системы.

Данная работа была выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (грант № 075-15-2024-483).

КРИПТИЧЕСКИЕ АНТИМИКРОБНЫЕ ПЕПТИДЫ ИЗ СЕМЯН НИГЕЛЛЫ ПОСЕВНОЙ (*NIGELLA SATIVA* L.) КАК РЕЗУЛЬТАТ ОГРАНИЧЕННОГО ПРОТЕОЛИЗА ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ БЕЛКОВ

И.М. Михель[1,2], В.С. Агеева[1,2,3], Е.А. Рогожин[1,2]
[1]Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Москва, Россия
[2]Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург, Россия,
[3]Факультет биоинженерии и биоинформатики, Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Москва, Россия
e-mail: joseph.mikhel@gmail.com

Криптическими называют пептиды, возникающие в результате «созревания» или направленной деградации ген-кодируемых белков, но не представленные в геноме как самостоятельные цистроны (гены). Такие пептиды широко представлены и обладают регуляторными и защитными функциями, часто неизвестными. Было проведено выделение из семян нигеллы посевной (*Nigella sativa* L.) семи пептидных фрагментов, содержащих остатки цистеина, были определены их молекулярные массы и полные аминокислотные последовательности. Стандартный blastp статистически не способен подтвердить гомологию для столь коротких последовательностей (менее 15 аминокислотных остатков), поэтому основным инструментом классификации стал анализ цистеиновых мотивов и сравнение их с известными семействами цистеин-богатых антимикробных пептидов (АМП) *N. sativa* L., а не ранжирование по E-value (стандартно используемое в выравнивании для поиска гомологий). Растительные АМП классифицируются на восемь семейств именно по расположению цистеинов, поэтому цистеиновая сигнатура — более надёжный классифицирующий признак, чем короткое совпадение последовательности. На основании сигнатур типа «Cys-x(n)-Cys», определенных для каждого фрагмента, была предсказана ранее не охарактеризованная специфическая изоформа LTP, которая предположительно является близким гомологом неспецифического липид-переносящего белка NsLTP1 (UniProt ID: P86527), к которой относятся пять из семи обнаруженных криптических пептидов. Еще две молекулы являются фрагментами других ранее обнаруженных в семенах нигеллы АМП – дефензинов и тионинов. Для данных пептидов показана способность к активации иммунитета в экспериментах *ex vivo* по искусственному заражению срезов клубней картофеля (*Solanum tuberosum*) агрессивным штаммом *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, что выражалось в увеличении инкубационного и латентного периодов фитопатогена и, как следствие, задержки проявления некрозов.

ОСОБЕННОСТИ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ *IN VITRO* ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДА *CHAENOMELES* LINDL.

О.И. Молканова, Е.Н. Раева-Богословская, И.Л. Крахмалева, И.В. Митрофанова
Главный ботанический сад им. Н.В. Цицина РАН, Москва, Россия
e-mail: molkanova@mail.ru

Chaenomeles Lindl. представляет собой перспективную культуру универсального назначения, обладающую высоким потенциалом для возделывания в зонах умеренного климата. Подходящими видами для выращивания в центральном регионе России является *C. japonica,* а в южных регионах – *C. speciosa*, *C.* × *superba* и *C. cathayensis.* Представители рода *Chaenomeles* являются ценным ресурсом для пищевой и фармацевтической промышленности за счет содержащихся в различных частях растения биологически активных соединений. Многие исследователи заявляют о высокой профилактической и лечебной эффективности препаратов, полученных из растительного сырья *Chaenomeles.* Наибольшее содержание витамина С отмечено в плодах *C. speciosa* и *C. cathayensis.* Все части растения содержат хлорогеновую кислоту и полифенолы в различных концентрациях. Наиболее изучен биохимический состав растений видов *C. japonica* и *C. speciosa,* в то время как по *C. cathayensis* представлено наименьшее количество работ. Растения *Chaenomeles* можно размножать семенами. Однако, для сохранения сортовых особенностей необходимо вегетативное размножение. Культивирование тканей и органов растений в условиях *in vitro* является одним из наиболее эффективных методов вегетативного размножения для многих плодовых культур. Схема стерилизации, состав питательной среды для микроразмножения и ризогенеза были оптимизированы на основе сортов *C. japonica*. Наиболее эффективной схемой стерилизации являлась поэтапная обработка сегментов неодревесневших побегов хеномелеса 2% раствором дифеноконазолом в течение 10 минут, затем 70% этанолом в течение 1 минуты и 5% гипохлоритом натрия в течение 3-6 минут (процент жизнеспособных эксплантов 79-89%). Изучено влияние генотипа, питательных сред с различной минеральной основой и регуляторов роста на органогенез *C. japonica in vitro.* Для большинства исследуемых сортов оптимальной питательной средой на этапе, собственно, микроразмножения является среда Murashige and Skoog (1962) (MS) с добавлением комбинации цитокининов (0,5 мг/л 6-бензиламинопурина с 0,1 мг/л тидиазурона или с 0,1 мг/л мета-тополина). В зависимости от сорта на данных питательных средах коэффициент размножения составил 2,8-7,3. Показано, что генотип существенно влияет на способность культуры к побегообразованию: морфометрические признаки сохраняются вне зависимости от влияния экзогенных факторов (тип минеральной основы питательной среды и регуляторы роста). На этапе укоренения рассмотрено влияние ауксинов и длительности культивирования микропобегов на питательной среде для укоренения. Наибольший процент укоренения установлен на питательной среде ½ MS с 2,0 мг/л индолилмасляной кислоты (26-79% в зависимости от сорта). Показана эффективность культивирования микропобегов на питательной среде для укоренения в течение 60 суток, по сравнению с 30 сутками. Увеличение длительности культивирования способствовало повышению укореняемости микропобегов некоторых сортов *C. japonica* в 3,8 и 2,4 раза. Таким образом подобраны оптимальные условия для реализации морфогенетического потенциала сортов *C. japonica* в культуре *in vitro*.

Работа выполнена в рамках гранта № 25-16-00145 РНФ.

САПОНИНОСОДЕРЖАЩИЕ РАСТЕНИЯ *GYPSOPHILA* L. И *ACANTHOPHYLLUM* C. A. MEY. (СЕМ. *CARYOPHYLLACEAE*) ЮГА КАЗАХСТАНА КАК ПЕРСПЕКТИВНЫЕ ИСТОЧНИКИ СЫРЬЯ ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ БИОПРЕПАРАТОВ

В.К. Мурсалиева[1], Н.Г. Гемеджиева[2], Т.М. Муханов[1], Г.Т. Джакибаева[3], Б.Т. Сәрсенбек[1], А.Т. Алғазы[1]
[1]Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан
[2]Институт ботаники и фитоинтродукции, Алматы, Казахстан
[3]Научно-производственный центр микробиологии и вирусологии, Алматы, Казахстан
e-mail: gen_mursal@mail.ru

Представители родов *Gypsophila* L. *и Acanthophyllum* C.A. Mey. (сем. Caryophyllaceae), ценные лекарственные и технические культуры с высоким содержанием сапонинов – вторичные метаболиты растений с поверхностной активностью и аллелопатическими свойствами, выполняющие роль природного защитного барьера растений от широкого спектра патогенов и вредителей. Экспериментально выявлены фунгицидные, антифидантные, репеллентные и др. свойства экстрактов сапонинов, что позволяет рассматривать сапониносодержащие растения как перспективное природное сырье для разработки биопрепаратов. Целью исследования была сравнительная оценка содержания сапонинов и антимикробной активности суммарных экстрактов видов *Gypsophila* L. и *Acanthophyllum*, полученных из дикорастущего растительного сырья и из культуры тканей *in vitro*. Разработана биотехнология получения *in vitro* культуры адвентивных корней (АК) для редкого вида *Allochrusa gypsophiloides*. Установлено влияние гормонального состава питательной среды на дифференцировку, показатели роста (биомасса, ростовой индекс, фазы роста) и биосинтетический потенциал культуры АК. Высокая антибактериальная и антифунгальная активность выявлена у экстрактов из культуры АК с повышенным содержанием сапонинов. Результаты ВЭЖХ выявили повышенный уровень квиллаевой кислоты в экстрактах in vitro АК по сравнению с нативными корнями. Проведена сравнительная оценка параметров корней, количества сапонинов и антимикробной активности суммарных экстрактов для видов *G. paniculata, G. perfoliata*, and *A. pungens*, собранных на разных фазах вегетации растений из природных популяций в пустынной зоне юго-востока Казахстана. Выявлены видовые отличия взаимосвязи ростовых параметров корней и содержания сапонинов с фазами вегетации дикорастущих растений. Статистический анализ показал межвидовые различия по уровню сапонинов на этапе цветения и в конце вегетации. Выявленные отличия между видами на разных фазах вегетации свидетельствуют о генотипических различиях видов. Результаты ANOVA показали влияние взаимодействие вида растения и фазы вегетации на уровень сапонинов. Суммарные экстракты сапонинов изучаемых видов обладали сходной антибактериальной и фунгистатической активностью в отношении условно-патогенных бактерий и грибов с минбимальной ингибирующей концентрацией 10 мг/мл. Максимальная зона подавления роста тестовых культур микроорганизмов отмечалась у экстрактов *A. pungens* из корней в конце вегетации, отличающихся повышенным количеством сапонинов.

Работа выполнялась в рамках проекта AP23488116, финансируемого Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

ПОЛИСАХАРИДЫ КУЛЬТУРЫ КЛЕТОК ПШЕНИЦЫ: ПРОТИВООПУХОЛЕВЫЙ И ИММУНОМОДУЛИРУЮЩИЙ ПОТЕНЦИАЛ *IN VITRO*

А.С. Муртазина[1,2], А.С. Тарабаева[1], H. Boulaiz[2], A. Valledor[3], G. McDougall[4], Т.А. Горшкова[5], П.В. Микшина[5], Н.Н. Ибрагимова[5], Н.К. Бишимбаева[6,7]
[1] Кафедра общей иммунологии, Казахский национальный медицинский университет имени С.Д. Асфендиярова, Алматы, Казахстан
[2] Department of Anatomy and Human Embryology, Faculty of Medicine, University of Granada, Spain
[3] Department of Cell Biology, Physiology and Immunology, University of Barcelona, Spain
[4] Environmental and Biochemical Sciences Department, The James Hutton Institute, Dundee, UK
[5] Казанский институт биохимии и биофизики ФИЦ «Казанский научный центр РАН», Казань, РФ
[6]Исследовательский центр «Bioscience technologies», Алматы, Казахстан
[7]НИИ Проблем биологии и биотехнологии, Казахский национальный университет имени Аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: murtazina.a@kaznmu.kz

Растительные полисахариды (ПС) перспективны как малотоксичные противоопухолевые и иммуномодулирующие агенты. Культура клеток растений позволяет получать биопрепараты стандартизированно и управлять их составом. Цель исследования — оценить противоопухолевый и иммуномодулирующий потенциал ПС, полученных из культуры клеток пшеницы *Triticum aestivum*. Каллусные культуры пшеницы сорта Казахстанская 10 выращивали на среде Мурасиге–Скуга, дополненной 2,4-Д или АБК, в течение 1–6 недель. ПС осаждали этанолом и фракционировали на DEAE-сефарозе. Состав ПС определяли методами HPAEC, эксклюзионной хроматографии и иммунодот-анализа. Противоопухолевую активность оценивали на дифференцированных (ДОК) и стволовых (СОК) опухолевых клетках линии колоректального рака HCT-116. Иммуномодулирующую активность изучали на макрофагах из костного мозга мышей. Методы исследования: MTT-тест, проточная цитометрия, вестерн-блот, ИФА, ОТ-ПЦР. Установлено, что ПС подавляли пролиферацию ДОК клеток линии HCT-116; фракции A-b и A-f имели высокий терапевтический индекс (9,25 и 70). Одни фракции вызывали G1-арест и апоптоз (до 48% клеток) с повышением Bax, цитохрома c, каспаз 8 и 3; другие фракции снижали c-Myc, β-катенин, NF-κB2 и CD44, что указывает на индукцию дифференцировки. На стволовых опухолевых СОК клетках наибольшую активность проявили фракции NA (обогащена ксилозой) и DC (обогащена ксилозой и галактуроновой кислотой). Все фракции снижали уровень β-катенина в СОК, некоторые — снижали EpCAM, CD44 и c-Myc. ПС не были токсичны для макрофагов и сами не индуцировали секрецию цитокинов, но усиливали ответ на воспалительный стимул: общая фракция T-010 повышала секрецию TNF-α и IL-6, кислая арабиногалактановая B-010 — IL-6 и экспрессию *Nos2* и *Ch25h*, нейтральная глюкановая UB-010 — IL-6 и *Nos2*. При этом, экспрессия *Tgfb* не изменялась. В целом, показано, что продолжительность культивирования и тип фитогормона в среде определяют моносахаридный состав ПС из культуры клеток пшеницы и их биологическую активность. Фракции, полученные в разных условиях (продолжительность культивирования и тип фитогормона), различались механизмом действия на опухолевые клетки и избирательно усиливали разные звенья воспалительного ответа макрофагов. Условия культивирования можно использовать для направленного получения ПС с заданной активностью — кандидатов для адъювантной терапии рака и иммуномодуляторов.

Ключевые слова: культура клеток пшеницы, полисахариды, колоректальный рак, дифференцированные опухолевые клетки, стволовые опухолевые клетки, макрофаги.

ВЛИЯНИЕ БИОЧАРА НА ФИЗИОЛОГО-БИОХИМИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ И ФИТОРЕМЕДИАЦИОННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ *MISCANTHUS* × *GIGANTEUS* ПРИ ЗАГРЯЗНЕНИИ ПОЧВЫ ТЯЖЕЛЫМИ МЕТАЛЛАМИ

А.А. Нуржанова[1], А.С. Нурмагамбетова[1], Ж.Е. Жумашева[1], А.А. Мамирова[2]
[1]Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан
[2]Кафедра биотехнологии, Факультет биологии и биотехнологии,
Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: gen_asil@mail.ru

Повышение эффективности фиторемедиации почв, загрязненных ксенобиотиками, является одной из актуальных задач современной экологической биотехнологии. Перспективным подходом к ее решению считается применение биочара, способствующего повышению устойчивости растений и интенсификации процессов ремедиации. Целью исследования являлась оценка влияния биочара из стеблей *Miscanthus* × *giganteus*, полученного после фиторемедиации и внесенного в почву в дозе 3%, на физиолого-биохимическую устойчивость и фиторемедиационный потенциал растений в условиях загрязнения тяжелыми металлами. Исследования выполнены на техногенно загрязненной почве горнорудного комплекса АО «Казцинк» (г. Текели), характеризующейся превышением ПДК по Ni (в 12,5 раза), Cu (в 15,9 раза), Zn (в 3,88 раза), Cr (в 2,82 раза) и Pb. Внесение биочара в загрязненную почву способствовало увеличению высоты растений, надземной и корневой биомассы, а также длины корней на 128,0; 208,0; 62,9 и 36,2% соответственно. На фоновой почве достоверное влияние отмечено только для высоты растений (12,1%). Применение биочара нивелировало негативное влияние загрязнения на фотосинтетический аппарат растений, увеличивая содержание хлорофилла *b* и суммы хлорофиллов на 47,2 и 22,4% соответственно, тогда как содержание хлорофилла *a* оставалось стабильным независимо от условий выращивания. На фоновой почве влияние биочара на содержание фотосинтетических пигментов практически отсутствовало. Одновременно отмечалось усиление адаптационных механизмов, проявлявшееся повышением содержания пролина на 145% и активности каталазы (КАТ) на 184%. Активность СОД, АПО и ГР приближалась к контрольным значениям, что свидетельствует о снижении уровня окислительного стресса и повышении адаптационного потенциала растений. В условиях загрязнения содержание Cr, Cu и Zn в надземной биомассе снижалось на 32, 66 и 28% соответственно, а содержание Cr, Cu и Pb в корнях - на 90, 12 и 61%. Снижение аккумуляции металлов сопровождалось сохранением высокой жизнеспособности растений, что указывает на уменьшение фитодоступности токсичных элементов. Для оценки фитостабилизирующего эффекта биочара сравнили накопление тяжелых металлов *M.* × *giganteus* в загрязненной почве с внесением биочара и в фоновой почве без биочара. Биочар существенно снижал накопление Cr, Cu и Pb в корнях до контрольного уровня или ниже, тогда как содержание Zn оставалось на 39% выше контроля. Несмотря на уменьшение концентраций Cr, Cu и Zn в надземной биомассе, их содержание превышало контрольные значения на 23, 63 и 63% соответственно. Результаты свидетельствуют об уменьшении фитодоступности большинства исследованных тяжелых металлов и подтверждают высокий потенциал биочара для их стабилизации в почве. Впервые показано, что биочар, полученный из биомассы *Miscanthus* × *giganteus* после фиторемедиации, может эффективно использоваться повторно для повышения устойчивости растений к загрязнению тяжелыми металлами, восстановления их физиолого-биохимического состояния, снижения биодоступности токсичных элементов в почве и их накопления в растительных тканях. Полученные результаты обосновывают перспективность использования такого биочара в качестве компонента замкнутых углеродно-ориентированных технологий восстановления загрязненных почв, основанных на повторном использовании растительной биомассы после фиторемедиации

ВЛИЯНИЕ КОНЪЮГАТОВ ХИТОЗАНА С КОФЕЙНОЙ И ГАЛЛОВОЙ КИСЛОТАМИ НА ФИЗИОЛОГО-БИОХИМИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ ПРОРОСТКОВ ОГУРЦА В ОПТИМАЛЬНЫХ И СТРЕССОВЫХ УСЛОВИЯХ ВЫРАЩИВАНИЯ

И.А. Овчиннико[1], Ж.Н. Калацкая[1], В.В. Николайчук[2]
[1]Институт экспериментальной ботаники НАН Беларуси, Минск, Беларусь
[2]Институт химии новых материалов НАН Беларуси, Минск, Беларусь
e-mail: igor-1606@mail.ru

К числу важнейших механизмов защиты у растений относится синтез фенольных соединений. В настоящее время достаточно полно изучена структура, свойства и пути биосинтеза данных метаболитов, среди которых особую биологическую активность проявляют оксибензойные и оксикоричные кислоты. Несмотря на высокий потенциал в качестве индукторов устойчивости к абиотическим стрессам, практическое применение данных соединений ограничено их недостаточной растворимостью. Перспективным способом решения этих проблем является связывание фенольных кислот с полимерами-носителями, в частности с хитозаном, что обеспечивает контролируемую кинетику их высвобождения, пролонгированное действие и является перспективным способом разработки новых препаративных форм регуляторов роста растений с заданными свойствами. Цель данной работы – изучение влияния конъюгатов галловой (Х30-ГАК) и кофейной (Х30-КФК) кислот на физиолого-биохимические параметры у проростков огурца в оптимальных и стрессовых условиях выращивания. Растения огурца сорт Малышок выращивали рулонным методом. Солевой стресс создавали, помещая рулоны с растениями в 100мМ раствор хлорида натрия, контрольные растения выращивали на дистиллированной воде. Физиологические и биохимические показатели определяли на 7-е сутки. Стрессовые условия оказывают угнетающее действие на рост и развитие проростков огурца, , выявлено снижение содержания воды в тканях и накопление пролина. Установлено, что Х30-КФК и Х30-ГАК обладают выраженным протекторным действием, направленным преимущественно на защиту корневой системы. Наибольший эффект для сохранения биомассы корней к уровню оптимального контроля проявил конъюгат Х30-ГАК. Обнаружено, что обработка Х30-КФК способствует значительному увеличению общей активности пероксидаз как в оптимальных, так и в стрессовых условиях, тогда как Х30-ГАК не влияет на суммарную активность фермента. При этом оба конъюгата индуцируют появление дополнительных изоформ пероксидазы и усиливают их проявление, что свидетельствует о качественной перестройке антиоксидантной системы растения в ответ на обработку. Изменений в активности супероксиддисмутазы, содержании перекиси водорода и уровне накопления пролина под действием конъюгатов не выявлено. Таким образом, конъюгаты хитозана с фенолкарбоновыми кислотами способствуют смягчению повреждающего действия стрессового фактора, сохраняя активный рост корней и активируя специфические звенья антиоксидантной защиты, что позволяет рассматривать их в качестве перспективных биорегуляторов для повышения устойчивости овощных растений к неблагоприятным абиотическим факторам.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта БРФФИ №Б25М-029.

ВОССТАНОВЛЕНИЕ ЛИСТЬЕВ ПОСЛЕ ПОВРЕЖДЕНИЙ, ВЫЗВАННЫХ КРУГЛОСУТОЧНЫМ ОСВЕЩЕНИЕМ

А.А. Рубаева, Е.Г. Шерудило, И.А. Лёвкин, Т.Г. Шибаева
Институт биологии, ФИЦ «Карельский научный центр РАН», Петрозаводск, Россия
e-mail: arubaeva@krc.karelia.ru

Феномен повреждения листьев в виде хлороза и некроза, индуцируемого круглосуточным освещением (КО), известен в литературе уже более века, однако механизмы остаются невыясненными. В качестве возможных причин фотоповреждения листьев рассматриваются: фотоокислительный стресс из-за избыточного поступления световой энергии; гипераккумуляция крахмала и растворимых сахаров; ускоренное старение листьев; циркадная асинхрония, связанная с рассогласованием эндогенных биоритмов и внешних свето-темновых циклов. Ключевой вопрос заключается в том, является ли данное явление стресс-индуцированным старением или обратимым стресс-ответом на циркадную асинхронию. Целью настоящей работы являлась оценка динамики восстановления ряда физиолого-биохимических показателей в условиях нормального фотопериода (16/8 ч) после нарушений, индуцированных КО. Взрослые растения 6 видов аборигенных (*Geranium sylvaticum*, *Geum rivale*, *Potentilla erecta*) и интродуцированных (*Geranium himalayense, Geum coccineum, Potentilla atrosanguinea*) растений Субарктики в течение двух недель подвергали действию КО в климатических камерах (при постоянных значениях температуры, влажности воздуха, интенсивности и спектрального состава света). переносили в условия фотопериода 16/8 ч. Контролем служили растения, которые постоянно росли в условиях фотопериода 16/8 ч. КО в факторостатных условиях вызвало у растений целый комплекс физиолого-биохимических фотозащитных реакций: снижение содержания хлорофиллов (Хл) и каротиноидов (Кар), повышение соотношения Хл *a/b*, снижение соотношения Хл/Кар, уменьшение значений квантового выхода фотохимической активности ФСII (*Fv/Fm*), накопление антоцианов, флавоноидов, пероксида водорода и МДА. Принципиальных различий между реакцией на КО аборигенных и интродуцированных растений не было выявлено, за исключением более высокого содержания флавоноидов у аборигенных видов. После возвращения растений в условия фотопериода 16/8 ч наблюдалось частичное или полное восстановление листьев. Через 2 недели восстановления такие параметры как *Fv/Fm* и содержание хлорофилла достигали контрольных значений. Содержание нефотосинтетических пигментов (антоцианы и флавоноиды), осуществляющих фотопротекторную функцию, снижалось до уровня контроля. Содержание МДА и пероксида водорода нормализовалось лишь частично, что указывает на различную скорость репарационных процессов в клетке. Полученные экспериментальные данные указывают на обратимость нарушений, вызванных КО, и служат в поддержку гипотезы [1], что КО не является фактором ускорения процесса старения, а подобно другим стрессорам, вызывает у чувствительных видов многочисленные изменения и нарушения, часть из которых аналогичны тем, которые наблюдаются при старении растений.

Исследования выполнены в рамках государственного задания КарНЦ РАН (FMEN-2022-0004).

ИЗУЧЕНИЕ ЗАКОНОМЕРНОСТЕЙ ДИНАМИКИ АКТИВНОСТИ ФЕРМЕНТОВ ШИКИМАТНОГО ПУТИ И ПРОДУКТОВ ЕГО БИОСИНТЕЗА В ЛИСТЬЯХ *CORNUS SERICEA*

А.А. Середа, Е.Р. Никонорова, С.А. Бондарев, Г.В. Адамов, Т.А. Кроль
ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лекарственных и ароматических растений», Москва, Россия
e-mail: nensi.sereda@mail.ru

Большой интерес представляет собой специфика накопления вторичных метаболитов, являющихся одним из механизмов устойчивости растений к стрессорам различной природы. Одними из таких метаболитов являются таннины, химически разнообразная группа фенольных соединений, которые разделяются на две основные группы: гидролизуемые и конденсированные. *Cornus sericea* – листопадный кустарник, широко используемый в декоративном озеленении – преимущественно содержит в себе гидролизуемые таннины и является перспективным источником данного класса соединений, а также объектом для изучения механизма их синтеза. Гидролизуемые таннины образуются из промежуточных соединений шикиматного пути, одним из ключевых ферментов которого является шикиматдегидрогеназа. Ее паралог, хинатдегидрогеназа, катализирует синтез хината и хлорогеновой кислоты. Целью данного исследования являлось изучение взаимосвязи активности ферментов шикиматного пути и накопления некоторых вторичных метаболитов. Образцы листьев были собраны в динамике в 5 биологических точках в Ботаническом саду ФГБНУ ВИЛАР. Образцы до проведения исследований определению активности ферментов хранятся при -80 °С. Образцы экстрагировались буфером, выделение белка проводилось осаждением 60% ацетоном. В полученных экстрактах спектрофотометрически анализировали активности шикиматдегидрогеназы (ШДГ), хинатдегидрогеназы (ХДГ) и содержание общего белка. Для фитохимического исследования лиофильно высушенные листья трёхкратно экстрагировали 80% ацетоном. В ацетоновом экстракте определяли количество низкомолекулярных галло- и эллагитаннинов методом ВЭЖХ. Анализ полученных данных выполняли с использованием R Studio и языка программирования R. В результате проведенного исследования были установлены положительные слабые и умеренные корреляции между активностью шикиматдегидрогеназы и содержанием пентагаллоилглюкозы, галловой кислоты и β-галлоилглюкозы и отрицательные слабые корреляции между активностью ШДГ и уровнями эллаговой кислоты. В вегетационный период активность ШДГ уменьшалась, тогда как активность ХДГ, напротив, возрастала. Также наблюдались значительные повышения активности ХДГ в периоды цветения (июнь, июль). Полученные результаты указывают на участие ШДГ и ХДГ в регуляции потока углерода шикиматного пути, определяющих накопление гидролизуемых таннинов в листьях *Cornus sericea*.

Работа выполнена согласно Государственному заданию по теме FGUU-2024-0001.

КОЛЛЕКЦИЯ БОРОДАТЫХ КОРНЕЙ *SCUTELLARIA* SPP. – ОСНОВА ДЛЯ МЕТАБОЛИЧЕСКОЙ ИНЖЕНЕРИИ ФЛАВОНОВ

А.Ю. Степанова[1], А.И. Соловьева[1]
[1]Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва, Россия
e-mail: step_ann@mail.ru

Коллекция культур «бородатых корней» (hairy roots), поддерживаемая в ИФР РАН, насчитывает более 60 штаммов ценных лекарственных растений из 16 семейств, включая представителей родов *Rauvolfia*, *Ruta*, *Rubia*, *Rhodiola* и *Scutellaria*. Она служит платформой для фундаментальных исследований (роль вторичных метаболитов в стрессоустойчивости), прикладных задач (поиск продуцентов биоактивных соединений) и создания генетического паспорта линий. Особый интерес представляют линии четырёх видов *Scutellaria*: *S. baicalensis*, *S. pycnoclada*, *S. lateriflora* и *S. przewalskii*. Их корни синтезируют флавоны – ценные метаболиты с антиоксидантной активностью. Среди них наиболее значимы метилированные производные (вогонин, ороксилин А, скуллкэпфлавоны), обладающие повышенной липофильностью и биодоступностью. Методом масс-спектрометрии (режимы TIC, SIM, регистрация молекулярных и фрагментных ионов) установлено, что метаболомные профили бородатых корней сходны с интактными растениями, но в ряде линий наблюдается повышенное накопление агликонов. Общее содержание флавонов варьирует от 4,57 мг/г (*S. lateriflora*) до 33 мг/г сухой массы (*S. przewalskii*). Лидеры – *S. przewalskii* и *S. baicalensis* – характеризуются доминированием метилированных форм: для *S. baicalensis* стабильно высок уровень вогонина, а *S. przewalskii* отличается широким спектром полиметилированных производных. Выявленные различия открывают возможности для метаболической инженерии. *S. przewalskii* с высоким пулом предшественников является оптимальной моделью для сверхэкспрессии ключевых ферментов флавоноидного пути (халконсинтазы, флавонсинтазы, метилтрансфераз) с целью усиления общего синтеза флавонов и направленного увеличения доли метилированных форм. Линии с более низкой продуктивностью (*S. lateriflora*, *S. pycnoclada*) могут служить для изучения активации «молчащих» генов или подавления конкурентных ветвей метаболизма. Важным аспектом является генетическая паспортизация линий. С использованием обратной ПЦР изучается структура и положение Т-ДНК в геноме. У линии *S. baicalensis* (Sc.baic.V) выявлена частичная дупликация Т-ДНК-вставки; в настоящее время ведётся определение точного местоположения вставок у перспективных линий. Это позволит оценить стабильность трансформации и предсказуемость экспрессии целевых генов. Таким образом, коллекция бородатых корней *Scutellaria* spp., являясь частью общего банка ИФР РАН, представляет собой не только ценный источник природных флавонов, но и фундаментальную основу для метаболической инженерии. Сочетание детального метаболомного профилирования, данных по продуктивности и генетической паспортизации создаёт базу для разработки высокоэффективных продуцентов с заданным составом биоактивных веществ, востребованных в фармацевтике и биотехнологии.

ПЕРСПЕКТИВЫ ПРАКТИЧЕСКОГО ПРИМЕНЕНИЯ *LACTUCA SERRIOLA* L. КАК ИСТОЧНИКА БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫХ СОЕДИНЕНИЙ

З.У. Усманова, С.А. Саидов
Фармацевтический институт образования и науки, Ташкент, Узбекистан
e-mail: uzakira@list.ru

Lactuca serriola L. является широко распространённым дикорастущим представителем семейства *Asteraceae*, представляющим интерес как перспективный источник биологически активных соединений. Вид характеризуется экологической пластичностью и способностью произрастать в различных природных и антропогенно изменённых местообитаниях, что создаёт предпосылки для изучения его как доступного растительного сырья. Целью работы являлось обобщение современных данных о биологической активности *L. serriola* и определение перспектив её практического применения. Химический состав растения представлен различными группами вторичных метаболитов, среди которых особое значение имеют сесквитерпеновые лактоны, фенольные соединения, флавоноиды, тритерпеноиды и компоненты эфирного масла. Для представителей рода *Lactuca* характерны лактуцин, лактукопикрин и родственные соединения, рассматриваемые как перспективные биологически активные компоненты. Наличие полифенольных веществ может определять антиоксидантный потенциал растения. Анализ экспериментальных исследований свидетельствует о широком спектре биологической активности *L. serriola*. Для экстрактов растения выявлены антиоксидантные и гепатопротекторные свойства. В исследованиях на изолированных органах установлена способность экстрактов влиять на сократительную активность гладкой мускулатуры кишечника и трахеи, что позволяет рассматривать данный вид как перспективный источник соединений со спазмолитическим потенциалом. Латекс *L. serriola* также проявлял седативную активность в экспериментальных моделях, что согласуется с традиционным использованием растения. Особый практический интерес представляет антимикробный потенциал. Исследования эфирного масла и неполярных фракций *L. serriola* показали ингибирующее действие в отношении ряда бактерий и микроскопических грибов, включая представителей родов *Staphylococcus, Pseudomonas, Klebsiella и Candida*. Это позволяет рассматривать растение как перспективный объект для поиска природных антимикробных соединений. Перспективы практического применения L. serriola связаны прежде всего с разработкой стандартизированного растительного сырья, получением экстрактов и эфирного масла, а также выделением индивидуальных биологически активных веществ. Важным направлением является установление зависимости химического состава от географического происхождения, фазы развития, экологических условий и используемой части растения. Необходимы также исследования токсичности, механизмов действия и стабильности получаемых препаратов. Таким образом, *L. serriola L.* представляет перспективный объект биологических, фармакогностических и биотехнологических исследований. Наиболее значимыми направлениями дальнейшей работы являются стандартизация сырья, химическое профилирование, изучение сесквитерпеновых лактонов и эфирного масла, оценка антимикробного и антиоксидантного потенциала. Реализация этих исследований может создать научную основу для последующего практического использования *L. serriola* в качестве источника природных биологически активных соединений.

ФОТОПЕРИОДИЧЕСКИЙ СТРЕСС У РАСТЕНИЙ И НОВЫЕ ВОЗМОЖНОСТИ ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ ЭНЕРГОЭФФЕКТИВНОСТИ АГРОТЕХНОЛОГИЙ

Т.Г. Шибаева, Е.Г. Шерудило, И.А. Нилова, А.А. Рубаева, И.А. Лёвкин, А.Ф. Титов
Институт биологии, ФИЦ «Карельский научный центр РАН», Петрозаводск, Россия
e-mail: shibaeva@krc.karelia.ru

Изучение реакции растений на искусственное освещение в последние годы привело к появлению в литературе понятия фотопериодического стресса (photoperiod stress). Показано, что внезапные изменения фотопериода, в частности, его удлинение на несколько часов, могут вызывать окислительный стресс у растений, адаптированных к короткому дню. Сила стресса при этом зависит от длительности светового периода и значительное его удлинение может быть вредным (дистресс), а непродолжительное, наоборот, может иметь положительный эффект (эустресс). Принципиально, что изучение реакции растений на фотопериодический стресс имеет не только теоретическое значение, но и большое практическое значение, так как в связи с быстрым развитием технологии светодиодного освещения у фермеров значительно расширились возможности управления световым фактором. Помимо подбора оптимальной освещенности и спектрального состава света, изучаются возможности манипулирования длительностью фотопериода и применения аномальных свето-темновых циклов для использования энергии в «непиковые часы» с целью повышения энергоэффективности производств. Актуальность этих исследований очевидна, так как при возможности контролировать и управлять всеми основными факторами внешней среды в закрытых системах, наиболее важными и перспективными в плане повышения энергоэффективности производства считаются манипуляции со световым фактором, потому что именно с ним связаны основные затраты на энергопотребление. В докладе будет представлен обзор световых режимов, предлагаемых для повышения энергоэффективного производства растительной продукции, основанного на повышении урожайности и/или пищевой ценности растений при сокращении энергозатрат: длинные фотопериоды (включая круглосуточное освещение) при пониженной фотосинтетической плотности потока фотонов; изменение режима освещенности в конце продукционного цикла (в течение нескольких дней перед сбором урожая); аномальные (укороченные или удлиненные свето-темновые циклы (отличающиеся от 24 ч цикла); синусоидальное изменение освещенности в течение светового периода вместо режима квадратной волны (включения и выключения света). Кроме того, в докладе будут отражены последние достижения в изучении механизмов устойчивости растений к фотопериодическому стрессу и приведены аргументы в пользу точки зрения, рассматривающей легкий фотопериодический стресс как фактор, открывающий дополнительные возможности для повышения эффективности производства растительной продукции.

Исследования выполнены в рамках государственного задания КарНЦ РАН (FMEN-2022-0004).

CYTOPHYSIOLOGICAL INVESTIGATION OF CALLUS TISSUES IN KAZAKH COTTON VARIETIES

B.E. Ertaeva, A.K. Amirova[1,2], N.K. Bishimbayeva[2]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail*:* nbishimbayeva@gmail.com

The main problem limiting the development and widespread use of cell technologies for the genetic improvement of cotton is the high dependence of *in vitro* plant regeneration on the initial genotype. In this regard, one of the primary tasks of modern plant biotechnology is to identify common cytophysiological regularities of *in vitro* morphogenesis that are universal across different cotton genotypes, and to develop genotype-independent plant regeneration technologies on this basis. High regeneration capacity in cotton tissue culture is largely limited to two or three cultivars of the Coker variety, which often lack commercial significance. Therefore, one of the main tasks in cotton biotechnology is the development of *in vitro* plant regeneration protocols suitable for commercially valuable genotypes. One of the productive approaches to studying the patterns of morphogenesis is the investigation of the morphological heterogeneity and metamorphosis of callus tissues in relation to their cytomorphological structure and regenerative potential. This approach allows to identify the callus tissue morphotypes that are universal for various genotypes, which, in turn, provides an opportunity to transition from an empirical approach in cell technology development to the targeted regulation of *in vitro* morphogenesis, thereby overcoming the problem of genotype dependence. In particular, the development of cell technologies is severely limited by the recalcitrance of Kazakh cotton cultivars. This is the first study aimed to investigate the morphological heterogeneity of callus tissues in local cotton cultivars. We identified a morphologically stable, active type of callus: grayish-white friable morphogenic callus (Type I), from which three additional tissue types were initiated in modified nutrient medium: grayish-white globular morphogenic (Type IV), yellowish translucent friable embryogenic (Type V), and green compact (Type VIII). Overall, seven types of calli were identified in the tissue culture of all tested cotton cultivars: Type I (grayish-white friable morphogenic), Type II (off-white opaque dense non-morphogenic), Type III (brown non-morphogenic), Type IV (grayish-white globular morphogenic), Type V (yellowish translucent friable embryogenic), Type VI (white opaque embryogenic), and Type VII (green compact embryogenic). A comparative histological and morphological study of described callus types demonstrated that they differ in their histological structure, cell size and in the presence or absence of somatic embryos as well as in their developmental stages. Thus, the peculiarities of morphological heterogeneity, metamorphosis, and histological structure of cotton callus tissues have been investigated. The metamorphosis of calli occurs during long-term subculturing of specific callus tissue types. The grayish-white friable morphogenic (Type I) callus was selected as a stable, non-embryogenic tissue with high high plasticity and potential for morphogenesis due to the presence of young parenchymal and meristematic cells. Subculturing of Type I calli on embryo induction media gave rise to embryogenic calli of various morphologies. The next step of this investigation is to develop plant regeneration protocol from the obtained embryogenic tissues to establish efficient recipient systems for cotton genetic transformation.

The work was supported by the Ministry of Education and Science of the Republic of within the framework of a targeted funding program ГР № 0109РК00318.

ANTHER CULTURE AS A BIOTECHNOLOGICAL PLATFORM FOR ACCELERATED RICE BREEDING

T. Kurbangaliyeva[1], B. Usenbekov[1,2], I. Sartbayeva[1], A. Amirova[1,2]
[1]Laboratory of Plant Physiology and Biochemistry, Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Department of Molecular Biology and Genetics, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: taira.kurbangaliyeva@mail.ru

Rice (*Oryza sativa* L.) breeding increasingly relies on methods that shorten the time required to obtain stable homozygous material. Anther culture is one such approach, since it uses androgenesis, the reprogramming of immature male gametophytes from the gametophytic pathway to sporophytic development. For rice improvement, this offers a substantial reduction of the conventional selection cycle and faster fixation of valuable allelic combinations. The efficiency of rice androgenesis is determined by the interaction of genotype, physiological status of donor plants, microspore maturity, medium composition and culture environment. Japonica varieties generally show stable callus induction and comparatively high green plant regeneration, whereas indica genotypes are often recalcitrant, with early anther necrosis, weak callus proliferation, low regeneration capacity and frequent albino regenerants. The most responsive microspores are usually at the mid- to late-uninucleate stage; younger cells have insufficient competence, whereas overmature microspores lose morphogenetic potential. Chemical optimization of the medium is central to callus induction and plant regeneration. MS, B5 and especially N6-based media are widely used, with the balance of ammonium and nitrate nitrogen, trace elements and growth regulators strongly influencing the response. Organic supplements such as yeast extract, casein hydrolysate, glutamine, proline, thiamine and inositol can support metabolism and morphogenesis. In sensitive genotypes, phenolic browning and necrosis are controlled by antioxidants or adsorbents, including ascorbic acid, polyvinylpyrrolidone, activated carbon and silver nitrate. Physical factors act mainly through stress-induced reprogramming of microspores. Cold pretreatment at +4 to +10 °C for several days is most commonly applied; heat shock at +33–35 °C, osmotic stress, sucrose starvation, irradiation and electrical stimulation have also been used. In Kazakhstan, the early-ripening cultivar Fatima was produced from the mutant IRRI line Double haloid Ko 293 using anther culture. In state cultivar trials it exceeded the standard by 6–10%, showed a productivity level of approximately 5.1 t/ha, and combined resistance to lodging, grain shattering, pests and diseases. The glutinous variety Violetta further indicates that doubled haploid lines may surpass parental forms for important agronomic traits. Genetic studies confirm that anther cultivability is a complex quantitative trait. Rice anther culture has moved from a laboratory model of androgenesis to a practical breeding instrument. Its main advantage is the rapid production of homozygous lines, reducing the development of new varieties from 6–8 generations to approximately 2–3. The method is especially effective when genotype-specific protocols are used and when donor plant quality, microspore stage, medium composition and stress pretreatment are jointly optimized. Recalcitrance of indica rice, albinism and tissue browning remain major constraints, but they can be reduced through intersubspecific hybridization, medium modification, antioxidant protection and genetic selection for improved cultivability. Coupling anther culture with MAS and CRISPR/Cas9 offers faster fixation of desired alleles for yield, grain quality, disease resistance, drought tolerance and adaptation to saline or alkaline soils. For Kazakhstan, standardized protocols and molecular tools could expand national rice germplasm and support the production of competitive varieties adapted to local agroecological conditions. Consequently, anther culture represents one of the most effective biotechnological platforms for accelerating rice breeding and facilitating the rapid deployment of improved cultivars under changing environmental conditions.

SYNBIOTIC FEED COMPOSITION BASED ON THE MICROALGAE *CHLORELLA SP., SCENEDESMUS SP.* AND *LACTOBACILLUS SPP.* AS A PROMISING ADDITIVE FOR ANIMAL HUSBANDRY

A. Rizbekova, G.I. Aitugan, G. Yernazarova, S.K. Turasheva, A. Alibek, G. Zhumash, Nurlanova
Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: Gulzira.Yernazarova@kaznu.edu.kz

In modern animal husbandry, there is an increasing demand for the development of safe feed additives of natural origin that can improve the state of the intestinal microbiota of animals and reduce dependence on antibiotics. One promising approach is the use of synbiotic compositions combining the prebiotic properties of microalgae with probiotic microorganisms. The aim of the present study was to evaluate the effect of feed compositions based on *Chlorella sp., Scenedesmus sp.* and *Lactobacillus spp.* on the number of lactic acid bacteria in the intestinal microbiota of laboratory rats as an experimental model for the further development of a functional feed additive for farm animals. Cultures of the microalgae *Chlorella sp.* and *Scenedesmus sp.* were grown for 30 days, after which they were concentrated and subjected to lyophilization. For the experiment, dry microalgal biomass was used at a dose of 20 mg of each species per 500 mg of compound feed. A composition of *Lactobacillus spp.* with a titer of 10^9 CFU/g was used as the probiotic component. The duration of the experiment was 25 days. The animals were divided into four groups: control; *Chlorella sp. + Lactobacillus spp.; Chlorella sp. + Scenedesmus sp. + Lactobacillus spp.;* and *Scenedesmus sp. + Lactobacillus spp*. The number of lactic acid bacteria was determined by the tenfold dilution method followed by inoculation on MRS medium according to GOST 33951–2016. It was found that the use of all tested feed compositions was accompanied by an increase in the number of lactic acid bacteria compared with the control group. In the control group, the number of lactic acid bacteria was 5.8×10^5 CFU/g. In the *Chlorella sp. + Lactobacillus* spp. group, this value increased to 1.24×10^8 CFU/g, while in the Scenedesmus sp. + Lactobacillus spp. group it reached 8.0×10^7 CFU/g. The most pronounced effect was observed when the combined composition *Chlorella sp. + Scenedesmus sp. + Lactobacillus spp.* was used, where the number of lactic acid bacteria reached 4.46×10^8 CFU/g, which was approximately 769 times higher than the control value. The obtained results indicate a pronounced synbiotic effect of the combined use of two microalgal species and a probiotic component. Presumably, the combination of *Chlorella sp*. and *Scenedesmus sp.* provides more favorable conditions for the growth of beneficial intestinal microbiota due to the complex content of proteins, polysaccharides, vitamins, pigments and other biologically active compounds. Thus, the composition *Chlorella sp. + Scenedesmus sp. + Lactobacillus spp.* represents a promising basis for the development of a functional synbiotic feed additive. The obtained experimental data may serve as a scientific basis for further studies on farm animals, including cattle, to assess the effect of the developed composition on intestinal microbiota, feed digestibility and animal productivity.

REPROGRAMMING METABOLISM IN *GINKGO BILOBA* MICROCLONES UNDER COLD AND HEAT STRESS

N.V. Terletskaya, L.S. Samarina, N.K. Korbozova
Institute of Genetics and Physiology, Almaty, Kazakhstan
e-mail: teni02@mail.ru

Temperature is a major determinant of plant metabolic plasticity, yet its role in directing volatile and semi-volatile specialized metabolism in *Ginkgo biloba* remains poorly understood. In this study, we investigated how contrasting low- and high-temperature treatments reshape secondary metabolite contents in *G. biloba* microclones cultivated in vitro. Plants were exposed to cold (+3 ◦C) and heat (+30 ◦C) conditions, and their responses were analyzed using GC–MS profiling, anatomical measurements, chlorophyll fluorescence, and multivariate statistics. Cold treatment selectively increased the abundances of monoterpenes (13.22%) and sesquiterpenes (13.83%), with the strongest accumulation of caryophyllene, eucalyptol, and (1S)-camphor. In contrast, heat treatment reduced ester content to 3.73% and strongly enriched oxy-sesquiterpenes (46.50%) and lactone/ketone/spiroketone (29.54%) contents. The enhanced accumulation of isocalamendiol, isoshyobunone, cyclohexanone derivative, dehydroxy-isocalamendiol, and (+)-2-bornanone was observed under heat. According to the multivariate analysis, the metabolome changes of plants were associated with traits reflecting optimal physiological performance, including anatomical and photosyntetical parameters, such as epidermis, parenchyma, sclerenchyma, phloem, sizes of vascular bundles, stomata, and level of NPQ, qN, Y(NPQ), Y(NO) and Fv/Fm. The results demonstrate that temperature stress induces stress-specific metabolic patterns and highlight the potential for targeted regulation of valuable metabolite production in *Ginkgo biloba* tissue culture systems.

This research was carried out in the framework of Program BR28713087 “Fundamental and Applied Aspects of Obtaining and Targeted Synthesis of Biologically Active Substances from Medicinal Plants in vitro Culture” supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan.

OBTAINING DOUBLED HAPLOIDS OF RICE *IN VITRO* ANTHER CULTURE

B. Usenbekov[1,2], A. Amirova[1,2], I. Sartbayeva[1], D. Mynbayeva[1], T. Kurbangaliyeva[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: Bakdaulet7@yandex.kz

In vitro androgenesis is one of the most environmentally friendly and harmless technologies for producing doubled haploids. Doubled haploid homozygous lines, in which all genes responsible for agronomic traits are homozygous, are obtained from haploid plants through polyploidization. The result is doubled haploids characterized by absolute homozygosity, which makes it possible to stabilize hybrid lines with valuable traits and produce “pure lines”. *In vitro* androgenesis technology allows for the selection of valuable lines with desired traits. In this regard, the aim of this study is to obtain doubled haploids in rice anther culture and select valuable lines for breeding work. The objects of the study were 35 genotypes: 8 cultivars (Bakanasskii, Marzhan, Madina, Barakat, Regul, Anait, Viola and Violetta) and 24 hybrid lines. The panicles were collected 2-3 days before the booting phase, which corresponds to the single-nucleus stage of pollen development. The cut panicles were subjected to cold treatment at +4°C for 5-7 days. Then they were sterilized with 70% ethanol. Anthers were passaged on N6 and Blades (Bl) nutrient media with the addition of 9,0 µM 2,4-D and 90.0 g/l maltose to induce calli. The anthers were cultured in the dark at a temperature of 25±2°C. On the twentieth day, the appearance of callus tissue from the anthers was observed. Induced calli were transferred to Murashige and Skoog (MS) regeneration medium supplemented with 22.2 µM BAP, 2.7 µM NAA, 500 mg/L casein hydrolysate, 250.0 mg/L proline, and 30 g/L maltose. Calli were cultured in the light with a 16/8 h (day/night). Among the obtained regenerated plants, haploid plants were found. Diploidization of haploid plants was carried out by culturing stem nodes on a plant regeneration medium. Active growth of nodal meristems in vitro leads to spontaneous duplication of chromosomes. For this purpose, stem nodes were excised from haploid plants and transplanted onto MS medium containing 9,0 µM 2,4-D. On this medium, growth points emerged from the nodes, giving rise to new green shoots. The plants were then rooted on hormone-free MS medium, and the rooted plants were transferred to soil and grown under Green House conditions. Cytogenetic analysis was performed by fixing the material in freshly prepared Carnoy's reagent. As a result of studying the influence of nutrient media N6 and Bl on callus induction in rice anther culture in vitro, it was shown that medium N6 is the most favorable for callus induction. The largest number of regenerated plants were obtained from two genotypes: 13 plants (11 green plants and 2 albino) from cultivar Violetta and 6 plants (five green and one albino) from the hybrid BR-8. Cytogenetic analysis confirmed the diploid chromosome set (2n=24) of regenerated plants in vitro anther culture. The Violetta cultivar is characterized by low amylose content, which is of great interest for the development of new lines of glutinous rice.

This research was supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Program under the IRN BR 28712539.

BIOCHEMICAL PROFILING OF *AGRIOPHYLLUM SQUARROSUM* POPULATIONS FROM KAZAKHSTAN

A. Zatybekov[1], Y. Genievskaya[1], M. Almukhamed[1], P. Zhao[2], S. Abugalieva[1], Y. Turuspekov[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]State Key Laboratory of Ecological Safety and Sustainable Development in Arid Lands, Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou, P.R. China
e-mail: yerlant@yahoo.com

Agriophyllum squarrosum (L.) Moq. is a desert-adapted pseudocereal with considerable potential as a climate-resilient crop and a source of nutritionally valuable metabolites. However, information on the combined variation of seed fatty acids and phenolic compounds among natural populations remains limited. This study aimed to characterize the biochemical diversity of *A. squarrosum* populations from contrasting regions of Kazakhstan and evaluate their potential for functional food applications and future crop development. Five natural populations from the Aktobe, Almaty, and Kyzylorda regions were analyzed. Total seed lipid content was determined using near-infrared spectroscopy, fatty acid composition by GC-MS, and leaf phenolic compounds by HPLC. Population differentiation and relationships among biochemical and environmental variables were assessed using PCA, MANOVA, PLS, correlation analyses, UPGMA clustering, and TOPSIS ranking. Substantial biochemical differentiation was observed among the studied populations. Total seed lipid content ranged from 7.71% to 15.40%, with linoleic acid representing the predominant fatty acid (50.20–57.67%), followed by oleic acid (24.80–40.10%). Isorhamnetin was the dominant phenolic compound, ranging from 0.24 to 0.65 mg/g, followed by kaempferol and quercetin. Aktobe populations were characterized by higher total lipid and oleic acid contents, whereas Almaty populations accumulated greater concentrations of flavonoids, particularly isorhamnetin, quercetin, and kaempferol. Multivariate analysis confirmed highly significant biochemical differentiation among populations, while PCA based on fatty acids and total lipids explained 84.0% of the total variance and PCA based on phenolic compounds explained 98.4%. Integrated TOPSIS analysis identified AK01 as the population with the most favorable overall biochemical profile, followed by AL01 and AL02. Total lipids and oleic acid were among the major positive contributors to the integrated ranking. The observed population-specific differentiation demonstrates the considerable biochemical diversity of Kazakhstani *A. squarrosum* germplasm and highlights its potential as a resource for functional food development, germplasm selection, and future domestication of climate-resilient crops adapted to arid environments.

The research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP23489531).

МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ ПОКАЗАТЕЛИ И СТРУКТУРА УРОЖАЯ *PHASEOLUS ACUTIFOLIUS* A. GRAY (УКРАИНА) В УСЛОВИЯХ ЗАСУХИ

А. Абдуллаев, Н.А. Маниязова
Институт ботаники, физиологии и генетики растений Национальной академии наук Таджикистана, Душанбе, Таджикистан
e-mail: adumanon@mail.ru

Результаты исследования влияния различных физиологически активных веществ на морфофизиологические показатели и структуру урожая *Phaseolus acutifolius* A. Gray (Украина) в условиях длительной засухи показали, что все исследованные препараты в различной степени способствовали снижению негативного влияния почвенной засухи на рост и развитие растений данного образца. Салициловая кислота проявила умеренное антистрессовое действие. Она частично компенсировала угнетающее влияние засухи, способствуя некоторому восстановлению роста растений, увеличению биомассы (примерно на 33 % по сравнению с засухой без обработки) и улучшению структуры урожая. Однако полученные значения не достигали уровня контрольных показателей при нормальном увлажнении. При этом более выраженный стимулирующий эффект по сравнению с салициловой кислотой показала янтарная кислота. Препарат не только снимал стресс, но и обеспечивал превышение контрольных значений по некоторым морфофизиологическим параметрам. Отмечено увеличение высоты растений, площади листьев и биомассы (на 50–70 % по сравнению с засухой без обработки), а также улучшение структуры урожая. Это свидетельствует о высокой ростостимулирующей и антистрессовой активности янтарной кислоты. Одним из наиболее эффективных препаратов оказалась фолиевая кислота, которая вызывала явное стимулирование роста, увеличивала площадь листьев и чистую продуктивность фотосинтеза (ЧПФ) даже выше контрольных значений. Возрастали показатели удельной поверхностной плотности листа и биомассы, особенно в фазе плодоношения. Также отмечено улучшение структуры урожая, в частности увеличение массы семян и массы 1000 семян. Таким образом, фолиевая кислота проявила выраженное антистрессовое и ростостимулирующее действие. Наиболее выраженное ростостимулирующее действие в проведённых исследованиях проявлял гиббереллин. Он способствовал значительному увеличению высоты растений, площади листьев и сухой массы (в 1,7–2 раза относительно контроля), что свидетельствует о ростостимулирующем и адаптационном потенциале. Гиббереллин также оказал наиболее сильное влияние на элементы структуры урожая, обеспечив наибольшие показатели продуктивности. Эффект сохранялся даже в условиях сильной засухи, что подтверждает его высокую физиологическую активность. Кинетин действовал более сдержанно. Препарат компенсировал стресс и способствовал восстановлению ростовых показателей до контрольного уровня, однако без дополнительного стимулирующего эффекта. Показатели площади листьев, биомассы и фотосинтетической активности достигали контрольных значений, но прирост относительно контроля не наблюдался. Это указывает преимущественно на стабилизирующее действие кинетина. Таким образом, полученные результаты свидетельствуют о перспективности применения физиологически активных веществ для повышения устойчивости и продуктивности *Phaseolus acutifolius* в условиях дефицита влаги. Вместе с тем следует отметить, что эффективность препаратов зависела от погодных условий года, фазы развития растений и исследуемого показателя.

БИОНАНОКОМПОЗИТНАЯ МАТРИЦА НА ОСНОВЕ ХИТОЗАНА И ПРОПОЛИСА КАК БИОРАЗЛАГАЕМАЯ ПЛАТФОРМА ДЛЯ ДОСТАВКИ ФИТОАКТИВНЫХ КОМПОНЕНТОВ: КОНЦЕПЦИЯ ЭКОЛОГИЧНОГО МЕДИЦИНСКОГО ПЛАСТЫРЯ

К.Б. Балгабай[1], Б.У. Ускенбаев[2]
[1]Школа-лицей Дарын, Шымкент, Казахстан
[2]Сибирский государственный медицинский университет, Томск, Россия
e-mail: alimbekovt@gmail.com

Синтетические полимеры, из которых сегодня делают большинство медицинских пластырей, практически не разлагаются в природе. Со временем они превращаются в источник микропластика, а нанесённые на них антибактериальные покрытия зачастую только ускоряют формирование устойчивости у патогенных микроорганизмов. Это делает поиск биоразлагаемых материалов с природными антимикробными свойствами одной из актуальных задач современной биомедицины. Цель работы – разработать биоразлагаемую бионанокомпозитную матрицу на основе хитозана, пчелиного воска и прополиса, способную выступать платформой для инкапсуляции фитоактивных компонентов эндемичных растений Южного Казахстана и обладающую антимикробным потенциалом. Задачи: экстракция фитонцидов из полыни обыкновенной (*Artemisia absinthium*) и солодки голой (*Glycyrrhiza glabra*); синтез и оптимизация композитной матрицы хитозан–прополис; разработка способа инкапсуляции активных компонентов; оценка антимикробной активности материала в отношении *S. aureus, E. coli и P. aeruginosa*; изучение биоразложения композита и кинетики высвобождения действующих веществ. Научная новизна состоит в том, что впервые предлагается объединить продукты пчеловодства – воск и прополис – с биополимером хитозаном в единую платформу доставки, пригодную для инкапсуляции разных фитоактивных веществ без изменения технологии синтеза. По сути, речь идёт о попытке собрать биомедицинскую систему из локальных, возобновляемых ресурсов Южного Казахстана: пасеки и произрастающих там же лекарственных растений. Методология построена на трёх этапах, первый из которых – биохимическая подготовка: экстракция методом мацерации и водно-спиртовой экстракции с последующим ВЭЖХ-анализом полученных фракций. Второй этап связан с материаловедением – синтезом хитозановой пленки с добавлением воска и прополиса и изучением её физико-химических свойств методами *SEM* и рентгеновской дифракции. На третьем, биомедицинском, этапе материал проверяется на антимикробную активность методом микробиологической ингибиции, а также на цитотоксичность *in vitro* и способность к биоразложению в почвенных микрокосмах. От готовой платформы ожидается выраженная антимикробная активность за счёт синергии хитозана, прополиса и фитонцидов, предсказуемое высвобождение биоактивных веществ, полное разложение материала за 90–180 дней и отсутствие цитотоксического эффекта. При таких характеристиках матрица может лечь в основу медицинских и спортивных пластырей нового поколения. Практическая значимость проекта не ограничивается конкретным изделием: он показывает, как локальные ресурсы – пасеку и эндемичную флору региона – можно превратить в масштабируемую биомедицинскую платформу в логике Zero-Waste.

ОЗДОРОВЛЕНИЕ ВИНОГРАДА В КУЛЬТУРЕ *IN VITRO*

А.А. Батукаев[1,2,3], Л.К. Адымханов[3], М.С. Батукаев[1]
[1]Чеченский научно-исследовательский институт сельского хозяйства, Грозный, РФ
[2]Дагестанская опытная станция – филиал ВИР им. Н.И.Вавилова, Дербент, РФ
[3]Чеченский государственный университет им. А.А. Кадырова, Грозный, РФ
e-mail: batukaevmalik@mail.ru

Оценку растений-регенерантов винограда, полученных из апикальных меристем, на наличие вирусов и других патогенных микроорганизмов осуществляли с помощью ПЦР- и иммуноферментного анализа (ИФА), позволяющих проводить высокочувствительную иммунную диагностику растительного материала на наличие фитопатогенов в короткие сроки. В качестве растительных образцов использовали листья побегов. По результатам ИФА растений-регенерантов винограда на наличие наиболее распространенных вирусов (*Grapevine Leafroll-Associated Virus - 1* (GLRaV-1); *Grapevine yellow mosaic virus; Grapevine vein banding; virus; Grapevine Leafroll Virus; Grapevine stemm pitting)* у подавляющего большинства исследуемых образцов ответ был отрицательным. У исходного растения сорта Каберне фран была отмечена положительная реакция на один из пяти исследуемых вирусов - вирус скручивания листьев винограда (*Grapevine Leafroll Virus*). Тестирование растений-регенерантов его клонов (КФ-56-06; КФ -56-12-1; КФ -56-23-3; КФ-56-31-1) показало, что из 80 растений только у одного (КФ -56-06) отмечалась положительная реакция на наличие указанного вируса. Анализ 80 растений клонов сорта Подарок магарача (ПМ-126; ПМ -127; ПМ -128; ПМ -129) выявил положительную реакцию у 1 растения (ПМ -126) на вирус желтой мозаики (*Grapevine yellow mosaic virus)*, как и у исходного донорного растения (Подарок магарача). Остальные растения-регенеранты (79 шт.) были абсолютно здоровыми. Доля инфицированных растений от общего числа проанализированных растений составила 1,25%. Выявленные инфицированные растения (клоны) винограда изымались и уничтожались. Растениям, показавшим по результатам тестирования отсутствие вирусов, присваивали категорию «безвирусных» базисных клонов. Таким образом, использование меристемных апексов позволило провести оздоровление исходного материала сортов Каберне фран, Подарок магара от вирусов желтой мозаики (*Grapevine yellow mosaic virus)* и вируса скручивания листьев (*Grapevine Leafroll Virus*) в условиях *in vitro*. Оценку растений–регенерантов винограда сортов Каберне фран, Подарок магарача на наличие карантинных для территории России и Северного Кавказа фитоплазмозов: возбудителей золотистого пожелтения винограда *(Candidatus Phytoplasma vitis Flavescence doree,* FD*)* и почернения коры (*Candidatus Phytoplasma solani Bois noir,* BN) проводили с помощью ПЦР-анализа. Заключение. Доля инфицированных растений от общего числа проанализированных растений составила 1,25%. Растениям, показавшим по результатам тестирования отсутствие вирусов, присвоили категорию «безвирусных» базисных клонов. Использование меристемных апексов позволило провести оздоровление исходного материала сортов Каберне фран, Подарок магара от вируса желтой мозаики (*Grapevine yellow mosaic virus)* и вируса скручивания листьев (*Grapevine Leafroll Virus*) в условиях *in vitro*. С помощью ИФА и ПЦР-анализа подтверждено получение оздоровленного посадочного материала винограда от вирусов и других патогенных микроорганизмов с использованием клонального микроразмножения *in vitro*.

СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ ТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ПРИЕМОВ ОЗДОРОВЛЕНИЯ ЗЕМЛЯНИКИ САДОВОЙ НА ЭТАПЕ ВВЕДЕНИЯ *IN VITRO*

А.А. Батукаев[1,2], Б.Х. Асхабов[1]
[1]ФГНУ «Чеченский научно-исследовательский институт сельского хозяйства», Грозный, РФ
[2]ФГБОУ ВО «Чеченский государственный университет им. А.А. Кадырова», Грозный, РФ
e-mail: batukaevmalik@mail.ru

Культура ткани используется для размножения земляники садовой *in vitro*, в которую вносятся необходимые компоненты питательной среды и регуляторы роста. Это создает идеальные условия для размножения растений конкретного сорта. Размножение осуществляется путем деления клеток меристемы побегов и усов, после чего розетки начинают формироваться через примерно 30 дней. Цель исследований - уточнения оптимальных концентраций цефотаксима для земляники садовой при введении в культуру *in vitro*. Были изучены концентрации цефотаксима 50 мг/л; 100 мг/л; 150 мг/л; 200 мг/л. Хемотерапия является эффективным методом воздействия на развитие растений в условиях их выращивания *in vitro*. Этот метод применяется для оздоровления меристематических клеток земляники садовой и активизации ростовых процессов. Добавление антибиотиков в питательную среду позволяет эффективно бороться с бактериальным заражением. В тех ситуациях, когда возникала необходимость продолжить размножение зараженного материала (что было особенно актуально при ограниченном количестве исходного материала), нами успешно использовалась питательная среда, дополненная антибиотиком цефотаксим (клафоран), который является популярным препаратом в культуре *in vitro*. При добавлении цефотаксима в питательную среду в концентрации 150 мг/л наблюдалось лишь минимальное (2%) проявление инфекции (r^2 = 0,9696), и максимальное количество (93%) регенерационной активности меристем (r^2 = 0,9997), что подтверждает правильность подбора концентрации антибиотика для достижения наилучшего эффекта. Эта концентрация антибиотика была определена как оптимальная. Даже после последующих субкультивирований бактериальная инфекция не проявлялась, что дало возможность продолжать процесс клонального микроразмножения без риска повреждения растительных тканей и потери ценного посадочного материала. Таким образом, внесение цефотаксима в состав питательной среды в концентрации 150 мг/л оказывает положительное влияние на процесс регенерации меристем земляники садовой не только на этапе ввода в культуру *in vitro*, но и на последующих этапах клонального микроразмножения. На этапе введения в культуру *in vitro* рекомендуется использовать экспланты, которые активно растут или уже прошли фазу физиологического покоя. Чтобы увеличить процент эксплантов, полностью очищенных от инфекции, первые 1-2 субкультивирования следует проводить на средах, ингибирующих развитие патогенной микрофлоры. Для терапии зараженных эксплантов можно целесообразно антибиотик цефотаксим (клафоран), который добавляется в питательную среду в концентрации 150 мг/л.

КЛЕТОЧНАЯ ТЕХНОЛОГИЯ СОЗДАНИЯ БИОПРЕПАРАТОВ НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ УРОЖАЙНОСТИ И УСТОЙЧИВОСТИ С/Х КУЛЬТУР

Н.К. Бишимбаева[1,2], А.К. Амирова[3], И.Х. Сартбаева[3], И.А. Нурпеисов[4], Г.А. Середа[5], Л.В. Бекенова[6], И.Р. Гусейнов[7], С.И. Умирзаков[8], А.Т. Сарбаев[4], М.К. Койшибаев[9], И.Р. Рахимбаев [3]

[1]КазНУ имени Аль-Фараби, НИИ проблем биологии и биотехнологии, Алматы, Казахстан
[2]Исследовательский центр «Bioscience technologies», Алматы, Казахстан
[3]Институт биологии растений и биотехнологии (ИББР), КН МОН РК, Алматы, Казахстан
[4]Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства, Алмалыбак, Казахстан
[5]Карагандинский научно-исследовательский институт селекции и растениеводства, Казахстан
[6]Павлодарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства, Казахстан
[7]Казахский научно-исследовательский институт хлопка, пос. Атакент, Казахстан
[8]Казахский научно-исследовательский институт рисоводства, Кызылорда, Казахстан
[9]Казахский научно-исследовательский институт защиты и карантина растений, Алматы, Казахстан
e-mail: nbishimbayeva@gmail.com

В настоящее время в мировой агроиндустрии наблюдается тенденция перехода к органическому земледелию с постепенным уменьшением доли ядовитых химически синтезированных пестицидов и средств защиты растений, накапливающихся в окружающей среде и наносящих вред здоровью человека и животных. Предпочтение отдается экологически чистым, не токсичным природным биопрепаратам, среди которых наиболее безопасными для животных и человека, а также физиологичными для с/х культур являются препараты растительного происхождения (фитопрепараты). В то же время на рынке имеется дефицит фитопрепаратов для растениеводства, т.к. их создание связано с большими затратами: требует земельных площадей, сельхозтехники, зависит от сезона, требует много времени для выращивания растительного сырья.

Нами разработана клеточная биотехнология получения фитопрепаратов (ФП) с высокой (в наномолярных концентрациях) рострегулирующей и иммуномодулирующей активностью. Характер биологической активности соединений указывает на сигнальный механизм их действия (элиситоры). Получены лабораторные образцы, которые тестированы в лабораторных, тепличных и полевых условиях в 6 селекционных научных центрах 5 регионов страны с использованием 9-ти с/х культур (пшеница, ячмень, кукуруза, томаты, огурцы, арбузы, дыни, хлопчатник, горчица). Показана способность ФП стимулировать всхожесть, энергию прорастания, урожайность и устойчивость с/х культур к болезням (бактериальные, грибковые) и абиотическим стрессам (засуха, засоление, высокие и низкие температуры). Выявлена их способность сокращать сроки созревания растений, стимулировать соматический эмбриогенез в культуре гаплоидных клеток. Показано, что данные препараты не токсичны для клеток животных, т.е. являются экологически безопасными. Работа находится на стадии коммерциализации, поиска бизнес партнера для совместной организации биотехнологического производства и реализации на рынке новых фитопрепаратов на взаимовыгодных условиях. Преимущества данной технологии:

- биотехнологическое производство (в биореакторах) проще, дешевле, быстрее, не зависит от сезона, не требует земельных площадей;
- экологическая безопасность и полифункциональность получаемых ФП;
- возможность регулировать структуру и функции ФП изменением состава среды.

Конечные потребители: предприятия АПК, садоводческие и тепличные хозяйства, семеноводческие и биотехнологические компании.

Работа выполнена в рамках НТП МОН РК (ГР № 0106РК00297), инновационного проекта НАТР (ГР№0112РК00218), целевой научно-технической программы МОН РК (ГР № 0115РК01884).

ҚАЗАҚСТАННЫҢ АЛМАТЫ ОБЛЫСЫНДА ӨСІРІЛЕТІН ЭСПАРЦЕТ (*ONOBRYCHIS VICIIFOLIA* SCOP.) СОРТ ҮЛГІЛЕРІНІҢ ӨНІМДІЛІГІН БАҒАЛАУ

П.Б. Жылқышы, З.Ғ. Айташева, С.Б. Дәулетбаева
Молекулалық биологи және генетика департаменті, Алматы , Қазақстан
Казахский национальны университет имени аль-Фараби, Алматы, Қазақстан
e-mail: parasat162002@gmail.com

Зерттеудің өзектілігі: тұқым өнімділігі мен ақуыздық құндылығы жоғары эспарцет сорт үлгілерін іріктеу қажеттілігімен айқындалады. Жұмыстың мақсаты: селекциялық бағдарламаларда пайдалануға перспективалы, жоғары өнімділік пен ақуыздық құндылықты ұштастыратын генотиптерді анықтау үшін сиыржоңышқа жапырақты эспарцеттің (*Onobrychis viciifolia* Scop.) Алматинский 2 сорты мен 24 сорт үлгісінің тұқым өнімділігіне және тұқымдарындағы ақуыз мөлшеріне салыстырмалы бағалау жүргізу. Зерттеу нәтижелері: 2023–2025 жылдары Қазақ егіншілік және өсімдік шаруашылығы ғылыми-зерттеу институтының тәжірибелік учаскелерінде (Алмалыбақ ауылы) эспарцеттің сорт үлгілері эталондық Алматинский 2 сортымен салыстырылып бағаланды. Әр үлгіден алынған 50 өсімдікті талдау негізінде өсімдік биіктігі, жапырақтану дәрежесі, өнімді түптенуі, жасыл және құрғақ масса өнімділігі анықталды. Зерттелген барлық сорт үлгілерінің жапырақтану дәрежесі Алматинский 2 сортының көрсеткішінен (39±0,5%) жоғары болды. №3 үлгі өсімдік биіктігі (79±0,7 см) мен жапырақтану дәрежесінің (51,6±0,9%) жоғары мәндерімен ерекшеленді, алайда бұл өнімділіктің артуымен қатар жүрмеді. Өсімдік биіктігі мен жапырақтану дәрежесі арасында оң корреляция анықталды (r=0,6). 40937, 41241 және 40935 сорт үлгілері өнімді түптенуі, жасыл және құрғақ масса өнімділігі бойынша эталондық сорттан асып түсті. Түптену мен жасыл масса өнімділігі арасында оң корреляция анықталды (r=0,7; p<0,01). Жапырақтану дәрежесінің құрғақ масса өнімділігімен және түптенумен статистикалық мәнді байланысы анықталған жоқ. 40937, 41241 және 40935 сорт үлгілері малазықтық өнімділікті арттыруға бағытталған селекция үшін, сондай-ақ симбиоз түзу қабілеті мен ақуыздық құндылығын одан әрі зерттеу үшін перспективалы бастапқы материал ретінде іріктелді. Қорытынды: 2023–2025 жылдары Алматы облысында жүргізілген зерттеулерде эспарцеттің 40937, 41241 және 40935 сорт үлгілері өнімді түптенуі, жасыл және құрғақ масса өнімділігі бойынша эталондық Алматинский 2 сортынан асып түсті. Түптену мен жасыл масса өнімділігі арасындағы оң корреляция (r=0,7; мәнділік деңгейі — 0,01) бұл белгіні селекциялық іріктеуде пайдалану мүмкіндігін көрсетеді. Алайда №3 үлгінің биіктігі мен жапырақтану дәрежесінің жоғары болуы өнімділікті арттырмағандықтан, үлгілерді кешенді бағалау қажет. Іріктелген сорт үлгілері Қазақстанның оңтүстік-шығысына бейімделген жоғары өнімді формаларды алу үшін перспективалы бастапқы материал болып табылады. Олардың селекциялық құндылығын толық бағалау мақсатында симбиоз түзу қабілетін, тұқым өнімділігін және тұқымдарындағы ақуыз мөлшері мен құрамын қосымша зерттеу қажет.

РЕГЕНЕРАЦИЯ СОРТОВ МАЛИНЫ (*RUBUS IDAEUS* L.) В КУЛЬТУРЕ *IN VITRO* И АДАПТАЦИЯ К ТЕПЛИЧНЫМ УСЛОВИЯМ

Н.В. Михайленко[1], Т.Т. Турдиев[1], Н.Қ. Рымханова[1,3], Ұ.А. Манапканова[1,3], К.К. Дүйсенова[1,2], К.Б. Емешева[1,3], С.В. Кушнаренко[1]
[1]Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан,
[2]Казахский Национальный педагогический университет им. Абая, Алматы, Казахстан,
[3]Казахский национальный университет имени Аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: georgi-nata@mail.ru

Rubus idaeus – многолетний ягодный полукустарник семейства *Rosaceae*, ценимый за высокое содержание витаминов и антиоксидантов. Для получения оздоровленного и генетически однородного посадочного материала растений широко применяется микроклональное размножение, эффективность которого зависит от генотипа растений и условий культивирования. В связи с этим актуальным является изучение особенностей введения сортов малины в культуру *in vitro*, их последующего размножения и оценка морфогенетического потенциала. Для введения в культуру *in vitro* и микроклонального размножения исследовали 7 сортов малины: Джоан Джей, Энросадира, Глен Эмпл, Полька, ОутумТреже, Каскад Делайт, Глен Каррон с целью оценки их регенерационной способности и коэффициента размножения в условиях контролируемого культивирования. Молодые побеги, пророщенные в теплице, разрезали на сегменты с одной почкой и стерилизовали раствором «Белизна» (1:1, 10 мин) и 0,1% $HgCl_2$ (5 мин) с последующим трехкратным промыванием стерильной водой. Экспланты вводили в культуру *in vitro* на среду Мурасиге и Скуга (МС), содержащую 6-бензиламинопурин (БАП) - 0,5 мг/л, индолилмасляную кислоту (ИМК) - 0,1 мг/л, аскорбиновую кислоту (АК) - 1,0 мг/л, гиббереллловую кислоту (ГК) - 0,2 мг/л, при pH 5,8. Для выявления скрытых инфекций побеги культивировали на среде 523 (Viss et al., 1991) при 23-25°С в течение 1-3 недель, инфицированные образцы исключали. Асептические побеги культивировали на трех вариантах питательной среды МС для оценки эффективности микроклонального размножения. Культивирование проводили при температуре 23-25°С, 16-часовом фотопериоде и освещенности 40 $\mu mol \cdot m^{-2} \cdot s^{-1}$ с пересадкой эксплантов каждые 4-6 недель. Максимальный коэффициент размножения (4-6) отмечен на среде МС с добавлением БАП (0,3 мг/л), ИМК (0,1 мг/л), АК (1,0 мг/л) и ГК (0,2 мг/л) при pH 5,8. Повышение концентрации БАП до 1,0 мг/л снижало коэффициент размножения до 2-3, а увеличение содержания ИМК до 0,3мг/л – до 2. В культуру *in vitro* были успешно введены все 7 сортов малины. Наибольшая регенерационная способность выявлена у генотипов Каскад Делайт (85%), Глен Каррон (80%), минимальная – у генотипа ОутумТреже (20%). Для получения корневой системы оптимальной являлась питательная среда МС с добавлением ИМК 2,0 мг/л, при pH 5,8 с использованием вермикулита. У сорта Каскад Делайт корнеобразование составило 70%, Глен Каррон – 80%. Укорененные в культуре *in vitro* растения высаживали в кассеты со стерильным почвенным субстратом и помещали в мини-парники. Адаптацию к нестерильным условиям проводили при температуре 23-25°С, 16-часовом фотопериоде и освещенности 40 $\mu mol \cdot m^{-2} \cdot s^{-1}$. Через 2-3 недели крышки постепенно открывали, регулярно проводили увлажнение субстрата раствором регулятора роста и корнеобразования «Эпин-Экстра» и «Гуми-30». Через месяц адаптированные растения переносили в теплицу и пересаживали в заполненные почвенным субстратом контейнеры для дальнейшего роста и развития. Применение данного способа адаптации позволило значительно повысить эффективность процесса и добиться высокого уровня приживаемости, достигающего до 89-90%.

ЭФФЕКТИВНОСТЬ КОММЕРЧЕСКИХ РЕГУЛЯТОРОВ РОСТА РАСТЕНИЙ В СНИЖЕНИИ СТРЕССА, ВЫЗВАННОГО КАДМИЕМ, У ПРОРОСТКОВ РИСА

А.Б. Рахымгожина, С.Д. Атабаева, А.С. Нурмаханова, С.Ш. Асрандина, С. Асан, А. Рахаткызы
Казахский национальный университет им. Аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: sauleat@yandex.ru

Загрязнение кадмием (Cd) представляет серьезную проблему для выращивания риса и обеспечения продовольственной безопасности из-за выраженной токсичности и высокой подвижности этого металла в тканях растений. В данном исследовании изучалась способность коммерческих регуляторов роста (РР), а именно препарата «Циркона» (гидроксикоричные кислоты) и «Гумата калия» (гуминовые и фульвокислоты, макро- и микроэлементы), снижать негативное воздействие Cd на проростки риса. Четыре сорта риса - КазЕр6, Казветта, КазНИИР5 и Айсауле – выращивались на гидропонике в контрольных условиях и в присутствии 150 мкМ Cd. РР использовались путем предпосевной обработки семян и добавлением в питательный раствор. Обработка Cd привела к выраженному снижению роста растений по сравнению с контрольными растениями, а прирост биомассы снизился в большей степени. Сорта Айсауле и КазЕр6 продемонстрировали сравнительно более высокую устойчивость к Cd, а Казветта - наибольшую чувствительность. Воздействие Cd также вызвало снижение содержания фотосинтетических пигментов. В отсутствие воздействия Cd РР способствовали увеличению параметров роста и усилению накопления фотосинтетических пигментов, хотя их эффект был более выражен при добавлении их в питательную среду. Это позволяет предположить, что длительное воздействие повышает их эффективность РР. Из двух протестированных препаратов «Гумат калия» оказывал более сильное стимулирующее действие на рост, чем «Циркон». При воздействии Cd применение РР снижало негативные последствия, вызванные Cd, что приводило к частичному восстановлению характеристик роста и лучшей сохранности фотосинтетических пигментов. «Гумат калия», особенно при добавлении в среду выращивания, способствовал более активному росту надземных органов и корней, а также накоплению биомассы в условиях стресса. «Циркон» также продемонстрировал защитные и антистрессовые свойства, хотя его эффект был менее устойчивым и в большей степени зависел от генотипа. «Гумат калия» оказался более эффективным, чем «Циркон», в борьбе в условиях загрязнения среды выращивания кадмием. Полученные результаты свидетельствуют о том, что сочетание устойчивых к Cd генотипов риса с правильно подобранными РР может стать эффективной стратегией повышения устойчивости растений к загрязнению тяжелыми.

МИКРОКЛОНАЛЬНОЕ РАЗМНОЖЕНИЕ РЕДКОГО, КАУЧУКОНОСНОГО ЭНДЕМИКА ТАУ-САГЫЗ (*SCORZONERA TAU-SAGHYZ* LIPSCH. ET BOSSE) ДЛЯ ВОССТАНОВЛЕНИЯ ПОПУЛЯЦИИ В ПРИРОДЕ

К.Р. Сисемали, С.К. Турашева, А.И. Акильбекова, Ж.К. Жардемали, А.Е. Ережепов, Е.А. Киршибаев, С.К. Мухамеджанов, А.Б. Жардемалиева, К.К. Богуспаев
Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: kuanishsissemali@gmail.com

Тау-сагыз (*Scorzonera tau-saghyz* Lipsch. et Bosse) — редкий эндемичный вид семейства *Asteraceae*, произрастающий в горах Каратау Южного Казахстана. Растение представляет значительный научный и практический интерес благодаря высокому содержанию натурального каучука в корнях, которое составляет 20–40% сухой массы. Редким видом Тау-сагыз стал в результате деятельности человека. Во время Отечественной войны 1941-1945гг, для получения натурального каучука для военной промышленности было выкопано несколько миллионов корней, из которых было получено 8000 т натурального каучука. В результате природные запасы тау-сагыза значительно сократились. В природе тау-сагыз преимущественно размножается вегетативным способом, что ограничивает его распространение. Несмотря на то, что ежегодно в горах Каратау образуется миллиарды семян, только единицы из них прорастают. Низкий процент всхожести и дальнейшее вегетативное развитие растений сильно ограничено как в природе, так и на плантациях. Вышеуказанные факты обусловили необходимость в разработке эффективных методов его размножения и сохранения для восстановления природных популяций. Одним из перспективных методов сохранения и массового получения посадочного материала является культура *in vitro*. В ходе исследования изучалась возможность введения тау-сагыза в культуру *in vitro* с использованием в качестве эксплантов листьев и сегментов корней растений. Установлено, что морфогенетический потенциал эксплантов зависит от физиологического состояния и возраста исходных растений, а также от состава питательной среды. Листовые экспланты растений первого года жизни обладали более высокой способностью к морфогенезу, по сравнению с эксплантами двухлетних растений. Корневые экспланты характеризовались низкой способностью к дедифференцировке и последующему морфогенезу. Проведен подбор состава питательной среды для эффективного размножения тау-сагыза. Наибольшая интенсивность образования побегов из листовых эксплантов наблюдалась на среде Мурасиге–Скуга (MS) с добавлением 1 мг/л БАП, 0,1 мг/л НУК и 0,1 мг/л 2,4-Д. Дополнительное внесение 1 мг/л гиббереллловой кислоты в среду, содержащую цитокинин и ауксин, способствовало увеличению количества и длины формирующихся побегов. Полученные результаты свидетельствуют о важной роли взаимодействия цитокининов, ауксинов и гиббереллловой кислоты в процессах органогенеза и регенерации растений тау-сагыза. Экспланты культивировались при 25 ± 2^0 С и 16-часовом фотопериоде в течение трех недель, а затем появившиеся морфогенные структуры субкультивировались на среде для регенерации. Разработанный протокол культуры *in vitro* может быть использован для ускоренного микроклонального размножения, сохранения генофонда и восстановления популяций редкого каучуконосного вида *Scorzonera tau-saghyz*. Полученные результаты создают основу для формирования коллекций тау-сагыза и дальнейшего получения растительного материала, представляющего научный и коммерческий интерес.

СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ ТЕХНОЛОГИИ ПРОИЗВОДСТВА КОММЕРЧЕСКИ ЦЕННЫХ СОРТОВ ЕЖЕВИКИ (*RUBUS L.)*

Б.К. Тезекбаева[1,2], А. Хасейн[1,2], Н.П. Малахова[1]
[1]Институт молекулярной биологии и биохимии им М.А. Айтхожина, Алматы, Казахстан
[2]Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Алматы, Казахстан
e-mail**:** bota151283@mail.ru

Ежевика (*Rubus L.*) одна из наиболее перспективных ягодных культур, отличающаяся высокой пищевой и хозяйственной ценностью. Плоды богаты витамином С, антоцианами, полифенолами и другими антиоксидантами, благодаря чему широко используются в пищевой, фармацевтической и косметической промышленности. В последние годы мировой спрос на ежевику стабильно растет вследствие развития интенсивного ягодоводства и популярности здорового питания. В Казахстане природно-климатические условия южных и юго-восточных регионов благоприятны для промышленного выращивания ежевики, однако развитие отрасли ограничивается недостатком отечественного безвирусного посадочного материала. В этой связи совершенствование технологий микроклонального размножения и ускоренной адаптации регенерантов является актуальной задачей современной биотехнологии растений. Особый интерес представляет технология прямого укоренения микрорастений в условиях *ex vitro,* позволяющая исключить стадию *in vitro* укоренения, сократить продолжительность производственного цикла и уменьшить материальные затраты. Однако для коммерчески ценных сортов ежевики оптимальные условия применения биостимуляторов при прямом *ex vitro* укоренении изучены недостаточно. Цель исследования совершенствование технологии микроклонального размножения коммерчески ценных сортов ежевики *in vitro* и разработка эффективного способа их прямого укоренения и адаптации в условиях *ex vitro.* Объектами исследования служили коммерчески ценные сорта ежевики *Natchez, Osage, Heaven Can Wait, Arapaho* и *Chester Thornless*. Микропобеги культивировали *in vitro* на питательной среде Мурасиге-Скуга (МС). Для индукции пролиферации побегов изучали влияние различных концентраций 6-бензиламинопурина (BAP) в сочетании с гиббереллловой кислотой (GA_3). Прямое укоренение и адаптацию регенерантов проводили в условиях *ex vitro* с использованием стерильного субстрата торф: перлит (3:1) и экспериментальных агробоксов с системой контролируемой микровентиляции. Оценивали эффективность гуминовой кислоты, нанокремния и янтарной кислоты в различных концентрациях по показателям укореняемости, развития корневой системы и сохранности растений. Максимальная интенсивность пролиферации побегов получена на питательной среде МС с добавлением 1,0 мг/л BAP и 0,5 мг/л GA_3, что обеспечило активное образование жизнеспособных микрорастений. При прямом укоренении *ex vitro* установлено, что наиболее эффективными являются 0,01% гуминовая кислота, 0,01% нанокремний и 0,1% янтарная кислота. Их применение повысило укореняемость растений с 61,0 ± 2,1% в контроле до 90,0 ± 1,7%, а сохранность с 68,0 ± 2,4% до 93,0 ± 1,8%. Наибольшая приживаемость (97,0 ± 1,2%) отмечена при обработке 0,01% нанокремнием. Использование экспериментальных агробоксов сократило продолжительность адаптации регенерантов с 30-35 до 20-22 суток, обеспечило стабильный водно-воздушный режим и снизило потери растений до менее 5%. Полученные растения успешно прошли последующую адаптацию в тепличных условиях и питомнике, сформировав качественный безвирусный посадочный материал.

БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ К РАЗМНОЖЕНИЮ ТУРАНГА-ТОПОЛЯ *POPULUS PRUINOSA* SCHRENK И *POPULUS EUPHRATICA* OLIV *IN VITRO*

З.Т. Туйгунов[1,2], Т.Т. Турдиев[1], К.Б. Емешева[1,2], Н.В. Михайленко[1], К.К. Дуйсенова[1,3], И.Ю. Ковальчук[4], С.В. Кушнаренко[1]
[1]РГП «Институт биологии и биотехнологии растений», Алматы, Казахстан
[2]Казахский национальный университет имени Аль-Фараби, Алматы, Казахстан
[3]Казахский Национальный педагогический университет им. Абая, Алматы, Казахстан
[4]«Kazakhstan International school», Алматы, Казахстан
e-mail: Zakirtuygunov667@gmail.com

Туранга – засухоустойчивый и солевыносливый вид тополя, эффективно используемый для борьбы с опустыниванием, озеленения населённых пунктов, создания защитных лесополос и насаждений вдоль дорог в засушливых регионах. В природе туранга размножается семенами, однако это затрудняется вследствие полового диморфизма, низкой плотности популяции и быстрого снижения всхожести неортодоксальных семян, что делает семенное размножение малоэффективным. Вид способен и к вегетативному размножению, что даёт возможность применять клональное микроразмножение, выбирая для этого лучшие по характеристикам деревья, отличающиеся высокой скоростью роста и развития и подбирая условия клонирования *in vitro*. Изучали условия произрастания и особенности размножения *P. pruinosa и P. euphratica.* В период цветения определяли половую принадлежность и отбирали здоровые деревья с наиболее выраженными декоративными признаками. Для введения в асептическую культуру использовали активно растущие зеленые побеги длиной 1-2 см с хорошо развитой верхушечной почкой, полученные в лабораторных условиях из одревесневших черенков. Эффективным способом стерилизации эксплантов от сапрофитной микрофлоры являлась обработка раствором отбеливателя «Белизна» в соотношении 1:1 в течение 6 мин, затем 0,1%-ным раствором $HgCl_2$ – 3 мин и трёхкратная промывка стерильной дистиллированной водой. Асептические мини-черенки помещали в пробирки с питательной средой Мурасиге и Скуга (МС), содержащей регулятор роста 6-бензиламинопурин (БАП) в концентрации 0,3 мг/л. Доля полученных асептических растений составила 65%. После формирования новых побегов и листьев, мини-черенки пересаживали на различные питательные среды с целью определения оптимального состава для клонального микроразмножения: МС½, глюкоза – 20 г/л; МС, БАП-0,1 мг/л, ГК-0,02 мг/л, сахароза – 30 г/л; МС, БАП-0,1 мг/л, ГК-0,02 мг/л, глюкоза – 20 г/л; МС½, БАП-0,1 мг/л, ГК-0,02 мг/л, глюкоза – 20 г/л; Woody Plant Medium (WPM), БАП-0,1 мг/л; ГК-0,02 мг/л; глюкоза – 20 г/л; Driver and Kuniyuki Walnut Medium (DKW), витамин B_1-0,5 мг/л, БАП-0,1 мг/л, ГК-0,02 мг/л, глюкоза – 20 г/л. Во всех вариантах pH сред 5,7. Для поддержания стабильного и интенсивного роста растения пересаживали на свежие среды каждые 20-40 дней. Оптимальной средой для клонального размножения как мужских, так и женских особей являлась МС½, БАП-0,1 мг/л, ГК-0,02 мг/л, глюкоза – 20 г/л, при этом коэффициент размножения в среднем составлял 3,8-4,5 в зависимости от генотипа. Растения со сформировавшейся корневой системой пересаживали в контейнеры с различными субстратами. Наиболее эффективна смесь торф+чернозем+песок 50/40/10, где выживаемость ростков составила 60,5%.

БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ К ОЗДОРОВЛЕНИЮ И МИКРОКЛОНАЛЬНОМУ РАЗМНОЖЕНИЮ СОРТОВ ВИНОГРАДА *VITIS VINIFERA L.*

А. Хасейн[1], Б.К. Тезекбаева[1], Н.П. Малахова[1], Г.А. Сулейманова[2]
[1]Институт молекулярной биологии и биохимии им. М. А. Айтхожина, Алматы, Казахстан
[2]Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Алматы, Казахстан
e-mail: leogold24@mail.ru

Вирусные инфекции являются одним из ключевых факторов, ограничивающих эффективность производства сертифицированного посадочного материала винограда, поскольку их распространение приводит к снижению жизнеспособности растений, продуктивности и сохранению вирусной инфекций в последующих поколениях. Целью исследования являлась разработка и оптимизация биотехнологической схемы получения оздоровленного посадочного материала винограда на основе молекулярной диагностики, культуры апикальных меристем, термо- и химиотерапии, микроклонального размножения *in vitro* и адаптации растений *ex vitro*. Исследования проведены на 15 сортах *Vitis vinifera L.*, выращиваемых в южных и юго-восточных регионах Республики Казахстан. Фитосанитарное состояние исходного материала оценивали методами иммуноферментного анализа (ELISA) и ПЦР. Установлено наличие отдельных экономически значимых вирусных инфекций. В частности, у винограда в сорте «Аркадия» впервые был выявлен Raspberry bushy dwarf virus (RBDV), а у сорта «Айсулу» - Grapevine fanleaf virus (GFLV). Полученные результаты подтверждают необходимость молекулярно-диагностического контроля исходного материала при формировании безвирусных маточных насаждений. Для элиминации вирусной инфекции исследована эффективность культуры апикальных меристем различного размера в сочетании с термотерапией и химиотерапией. Установлена выраженная зависимость морфогенетического ответа растений от размера экспланта. Между размером меристемы и частотой регенерации выявлена сильная положительная корреляция (r = 0,91); аналогичная зависимость отмечена для высоты регенерированных побегов (r = 0,95) и количества междоузлий (r = 0,89). Применение комбинированной схемы оздоровлений позволило получить жизнеспособные регенеранты с существенно сниженной вирусной нагрузкой, что подтверждено молекулярными методами диагностики. На этапе микроклонального размножения определена сортоспецифическая реакция генотипов на концентрацию 6-бензиламинопурина (6-БАП). Для введения пазушных почек в культуру *in vitro* оптимальной оказалась питательная среда МС (½) с добавлением 0,5 мг/л 6-БАП. Для дальнейшего размножения наиболее эффективной для исследованных сортов была среда МС (½), содержащая 0,5 мг/л 6-БАП и 0,1 мг/л гиббереллловой кислоты (ГК), что позволило повысить коэффициент размножения при одновременном снижении интенсивности каллусообразования. На этапе ризогенеза установлена эффективность модификации минерального состава питательной среды: использование МС (½) с добавлением 0,1 мг/л Fe-хелата способствовало формированию хорошо развитой функциональной корневой системы. Через 4–5 недель культивирования были получены крупные микрорастения длиной 4–6 см с хорошо развитыми корнями. Полученные растения успешно адаптированы к условиям *ex vitro*. Таким образом, результаты исследований обосновывают эффективность комплексного применения молекулярной диагностики и методов культуры тканей для получения оздоровленного посадочного материала винограда. Разработанная биотехнологическая схема, включающая диагностику исходных растений, культуру апикальных меристем, термо- и химиотерапию, микроклональное размножение и *ex vitro* адаптацию, может быть использована в системе производства высококачественного исходного материала для питомниководства и расширения использования отечественных сортов винограда в Республике Казахстан.

АНАТОМО-МОРФОЛОГИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ ДОМИНАНТНЫХ ВИДОВ РАСТЕНИЙ КАК ИНДИКАТОР ИХ АДАПТАЦИИ К ТЕХНОГЕННОЙ НАГРУЗКЕ

Ы.Ш. Шаяхметова[1], Э.С. Борибай[2]
[1]Казахстанско- Российский медицинский Университет, Алматы, Казахстан
[2]Университет Нархоз, Алматы, Казахстан
e-mail: elmira.boribay@narxoz.kz

Техногенная трансформация природных экосистем, связанная с длительным воздействием отходов и продуктов разработки урановых месторождений, может приводить к изменению морфологических и анатомических характеристик растений. В связи с этим изучение структурных перестроек вегетативных органов растений представляет интерес для оценки состояния техногенно нарушенных территорий и развития методов биоиндикации. Цель исследования - выявить анатомо-морфологические особенности доминантных видов растений, произрастающих в районе бывших урановых шахт, и оценить перспективность использования данных показателей в экологическом мониторинге. Исследования проведены в районе посёлка Калачи Есильского района Акмолинской области на двух участках: вблизи бывших урановых шахт, характеризующихся повышенным радиационным фоном, и на контрольной территории. Объектами исследования являлись доминантные виды *Festuca valesiaca* и *Galatella linosyris*. В ходе работы изучали морфометрические и анатомические характеристики стебля и листовой пластинки. Для количественной оценки параметров анатомических структур использовали морфометрические методы; статистическую обработку полученных данных проводили с применением непараметрических критериев Манна-Уитни и Вилкоксона. Полученные результаты показали выраженные различия между растениями, произрастающими на загрязнённом и контрольном участках. У *Festuca valesiaca* средняя высота побегов на загрязнённом участке составила 12,08 см, тогда как на контрольном участке - 22,09 см. Длина листовой пластинки составила, соответственно, 3,04 и 5,06 см. Толщина листовой пластинки снизилась с 159,08 ± 1,05 до 124,33 ± 1,07 мкм. Также выявлены изменения толщины верхнего и нижнего эпидермиса. В анатомической структуре стебля отмечено увеличение площади проводящих пучков с $0{,}84 \times 10^{-3}$ до $1{,}09 \times 10^{-3}$ мм². У *Galatella linosyris* установлены изменения структурных характеристик эпидермиса, первичной коры, механических и проводящих тканей, а также мезофилла листа. Выраженность выявленных анатомо-морфологических изменений различалась у исследованных видов, что указывает на их видоспецифическую реакцию на условия техногенно трансформированной среды. Полученные результаты свидетельствуют о том, что длительное воздействие комплекса техногенных факторов в районе бывших урановых шахт сопровождается изменением морфометрических и анатомических характеристик вегетативных органов доминантных видов растений. Выявленные показатели могут быть использованы как дополнительные биоиндикационные критерии при экологическом мониторинге техногенно нарушенных территорий. Перспективным направлением дальнейших исследований является установление взаимосвязи между степенью выраженности анатомических изменений и уровнями радиационного и химического загрязнения.

Ключевые слова: экологический мониторинг, техногенное загрязнение, радиационное воздействие, урановые месторождения, биоиндикация, анатомия растений, морфометрические показатели, *Festuca valesiaca*, *Galatella linosyris*.

Session 3.

Molecular biology and modern genomic technologies

Секция 3.

Молекулярная биология и современные геномные технологии

PHYTOPATHOLOGICAL EVALUATION AND STRUCTURAL ANALYSIS OF SPRING WHEAT GENOTYPES FOR LEAF RUST (*PUCCINIA RECONDITA*) RESISTANCE IN THE KOSTANAY REGION

Zh. Keishilov[1,2], A. Kokhmetova[1], Y. Dutbayev[2], F.S. Baloch[3], M. Kumarbayeva[1], A. Kharipzhanova[1], A. Bolatbekova[1,2], M. Nurzhuma[1,4], K. Bakhytuly[1], As. Kokhmetova[1], K. Mukhametzhanov[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan
[3]Çukurova University, Institute of Applied Science, Field Crops, Adana, Türkiye
[4]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: Jeka-Sayko@mail.ru

The determination of wheat resistance to leaf rust is an important research priority both in Kazakhstan and worldwide. Leaf rust (*Puccinia recondita*) is one of the most destructive wheat diseases, causing significant yield losses and economic damage. The pathogen exhibits high adaptability to diverse soil and climatic conditions, which contributes to its broad geographical distribution. Consequently, leaf rust epiphytotics are frequently reported across many continents, leading to substantial reductions in wheat productivity. In Kazakhstan, the disease is particularly widespread in the northern and eastern regions. The aim of this study was to conduct a phytopathological evaluation under natural field conditions to assess the resistance of 52 spring wheat lines grown in the Kostanay region to leaf rust and drought stress. The resistance of experimental wheat materials to rust diseases was evaluated phytopathologically according to the methodology proposed by R.A. McIntosh et al. (1995). According to this methodology, the level of disease severity (%) and the infection type were determined as follows: HR – highly resistant (immune), R – resistant, MR – moderately resistant, MS – moderately susceptible, and S – susceptible. Based on the phytopathological assessment, 11 genotypes showed an immune reaction (IT-0) to leaf rust, including Tertia, Astana-2, Lutescens KS 963, Lutescens 1193, Lutescens 1296, Lutescens 1300, Sibirskaya 21, Lutescens 443, Lutescens 449, Silach, and Erythrospermum 24841. Eight genotypes with a high biomass index were identified, with NDVI values ranging from 0.55 to 0.62. Early heading (1 July) was observed in six genotypes: Standard early-maturing (Kazakhstanskaya 4), Lutescens 1193, Novosibirskaya 16, Novosibirskaya 41, OmskGAU-100, and Erythrospermum 24841. Structural analysis revealed 12 genotypes with plant heights of 90-100 cm and 12 genotypes with ear lengths of 9-10 cm. Twenty genotypes were characterized by a high number of spikelets per spike, while five genotypes exceeded 40 grains per main spike. High grain weight per main spike (>1.30 g) was recorded in 17 genotypes, and the highest thousand-kernel weight (44 g) was observed in line SPChS-69. Overall, most spring wheat genotypes evaluated in the Kostanay region were susceptible to leaf rust, emphasizing the importance of identifying resistant genotypes for breeding and agricultural use.
This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (TFP BR 28712539 (1)). «Genotyping of wheat germplasm using functional molecular markers for key genes that determine resistance to biotic and abiotic stresses».

Keywords: spring wheat, phytopathological assessment, leaf rust, NDVI, disease, resistance.

EVALUATION OF FUNGICIDE RESISTANCE OF PYRENOPHORA TRITICI-REPENTIS IN KAZAKHSTAN USING PHENOTYPIC AND MOLECULAR METHODS

M. Kumarbayeva[1], A. Kokhmetova[1], Zh. Keishilov[1,2], A. Kharipzhanova[1], A. Bolatbekova[1,2], M. Nurzhuma[1,4], K. Bakhytuly[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: madina_kumar90@mail.ru

Tan spot, caused by the fungus *Pyrenophora tritici-repentis (Ptr*), is one of the most damaging foliar diseases of wheat worldwide, including in Kazakhstan. The spread of the disease is facilitated by the increased use of resource-saving cultivation practices, including no-till, the preservation of infected plant residues, and the intensive use of fungicides. Furthermore, the repeated use of products with the same mode of action creates selective pressure on pathogen populations and can contribute to the development of fungicide resistance. In Kazakhstan, the susceptibility of *Ptr* populations to commonly used fungicides and the presence of molecular markers of resistance have been little studied. The aim of this study was to assess the susceptibility of Kazakhstani isolates of *Ptr* to QoI and DMI fungicides using in vitro testing and molecular analysis. The susceptibility of 110 *Ptr* isolates collected in various regions of Kazakhstan was assessed based on the inhibition of linear mycelial growth by three active ingredients (pyraclostrobin, azoxystrobin, and propiconazole) at concentrations of 0; 0.01; 0.1; 1; 10; and 100 mg/L. Additionally, molecular analysis of the *cytb* gene was performed to identify mutations associated with resistance to QoI fungicides. Significant variability in the susceptibility of *Ptr* isolates was found both between the active ingredients studied and within the pathogen population. At a concentration of 1 mg/L, propiconazole exhibited the most pronounced inhibitory effect: the median inhibition of mycelial growth was 73.84%. For pyraclostrobin, this figure was 67.12%, while for azoxystrobin it was 43.59%. The G143A mutation, associated with reduced susceptibility to QoI fungicides, was identified in the *cytb* gene sequences, while the G137R and F129L mutations were not detected among the isolates studied. These results indicate variability in the susceptibility of the Kazakhstani population of *Ptr* to the studied fungicides and the presence of isolates with reduced susceptibility to azoxystrobin. The detection of the G143A mutation indicates the risk of the development and spread of QoI-resistant genotypes of the pathogen. These data substantiate the need for regular monitoring of the susceptibility of P. tritici-repentis populations and the development of rational strategies for alternating fungicides with different modes of action to slow the development of resistance.

This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP22787867 Molecular screening and identification of isolates insensitive to strobulirin fungicides with quinone outside inhibitor QoI in wheat *Pyrenophora tritici-repentis* population).

Keywords: *Pyrenophora tritici-repentis*, wheat, tan spot, fungicide resistance, QoI, DMI, azoxystrobin, pyraclostrobin, propiconazole, *cytb*.

MOBILE SEQUENCES IN DELIVERY OF CRISPR/CAS SYSTEM USING BEYDV AND TSWV VECTORS

E.V. Mikhaylova[1,2,3]*, E.A. Khusnutdinov[1], M.P. Terekhov[1,2], A.A. Galimova[1], Z.R. Sufyanova[1], L.R. Khakimova[1,2]
[1]Institute of biochemistry and genetics UFRC RAS, Ufa, Russia
[2]Ufa state petroleum university, Ufa, Russia
[3]Ufa University of science and technology, Ufa, Russia
* e-mail: mikhele@list.ru

Mobile sequences are widely used for virus-induced heritable, tissue-culture free genome editing. FLOWERING LOCUS T (FT) is a hormone-like signal that induces flowering. The FT protein and its mRNA are capable of long-distance transport to the germline cells. tRNA-like structures (TLS) occur in the 3' UTR and CDS of transcripts discovered the phloem, allowing them to move to the apical meristem, roots, and other organs. Mobile sequences can act as systemic transport signals for the delivery of Cas transcripts and guide RNAs to the meristems, which are extremely well protected from viruses. The efficiency of mobile sequences depends on the vector type. Both TLS and FT dramatically improve editing heritability with TRV vector, but its capacity is insufficient to deliver the *Cas* gene. The BSMV vector produced opposite and largely ineffective results. These data emphasize that mobile transcript performance is highly vector-dependent and that a comprehensive evaluation across multiple viral delivery platforms is essential for improving editing efficiency and heritability. Notably, the performance of mobile sequences in the TSWV vector and the BeYDV geminivirus replicon has never been studied, despite both having sufficient cargo capacity to deliver the Cas9 nuclease. We fused FT sequence derived from pEE515 (Addgene plasmid # 149288) and $tRNA^{Met}$ to the Cas9 gene in pmCas9 (Addgene #196325) and pMOD_A0103 (Addgene #91000) plasmids. Then we constructed vectors for the knockout of *PDS* gene in *Nicotiana benthamiana* and *Arabidopsis thaliana*, respectively. Vectors were delivered via agroinfiltration of leaves. In *N. benthamiana* TSWV vectors with mobile sequences caused milder symptoms during systemic infection than control vectors. In all experimental setups, Cas9 transcripts were detected in flowers, however, with FT their quantity was barely detectable, and with TLS there was a large range of transcript content values, which may be due to the destabilization of the vector. In *A. thaliana* there was no significant difference between BeYDV vectors with TLS sequences and control vectors. In both experimental setups, Cas9 transcripts were detected in flowers. The presence of FT had a negative impact on Cas9 mobility.

Funding: This research was funded by RSF, grant number 24-76-10065, https://rscf.ru/project/24-76-10065/

Key words: CRISPR/Cas; VIGE; plant viruses; BeYDV, TSWV, TLS, FLOWERING LOCUS T, genome editing

MORPHOLOGICAL DIVERSITY OF *JUGLANS REGIA* L. POPULATIONS IN SOUTHERN AND SOUTHEASTERN KAZAKHSTAN

M.N. Nurzhuma[1,2]*, A.M. Kokhmetova[1], M.T. Kumarbayeva[1], Zh.S. Keishilov[1], A.A. Bolatbekova[1], As. Kokhmetova[1], A. Kharipzhanova[1], K. Bakhytuly[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Al-Farabi Kazakh National University, Faculty of Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: Maki_87@mail.ru

Walnut (*Juglans regia* L.) is a valuable component of plant genetic resources, and the assessment of its morphological variability is important for the characterization, conservation, and effective utilization of germplasm. The aim of this study was to evaluate the phenotypic variability of *Juglans regia* L. populations based on major morphological leaf traits during 2024 – 2025. The study included walnut populations from southern and southeastern Kazakhstan (Turkestan and Almaty regions). Phenotypic characterization was performed according to IPGRI descriptors. The evaluated traits included compound leaf length and width, number of leaflets, and length and width of the upper and lower leaflets. Descriptive statistical parameters were used to characterize the variability of the studied traits. In 2024, the mean compound leaf length was 43.78 cm, with values ranging from 27.20 to 63.69 cm, while the mean compound leaf width was 27.48 cm and ranged from 20.45 to 44.90 cm. The mean number of leaflets was 7.33. The highest variability was observed for lower leaflet length (CV = 28%) and lower leaflet width (CV = 29%), indicating considerable intrapopulation diversity. In contrast, compound leaf length, compound leaf width, number of leaflets, and upper leaflet length showed moderate variability, with CV values of 13 – 15%. In 2025, the mean compound leaf length was 44.20 cm, compound leaf width was 26.13 cm, and the mean number of leaflets was 7.73. Compared with 2024, the variability of most morphological traits decreased. The CV for compound leaf length declined from 13.00 to 9.38%, for compound leaf width from 15.00 to 10.56%, and for the number of leaflets from 15.00 to 12.69%. The most pronounced decrease was observed for lower leaflet traits: the CV for lower leaflet length decreased from 28.00 to 15.43%, while that for lower leaflet width decreased from 29.00 to 13.97%. At the same time, mean values of the major compound leaf traits remained relatively similar between the two years. The comparative assessment demonstrated substantial phenotypic variability within the studied *Juglans regia* L. populations, particularly in leaflet dimensions. The lower coefficients of variation observed in 2025 compared with 2024 indicate reduced variability of several morphological traits within the evaluated collection. The observed inter- and intrapopulation variability confirms the value of the studied walnut germplasm for further phenotypic characterization and provides a basis for selecting promising forms with desirable morphological characteristics for breeding and conservation of walnut genetic resources.

Keywords: *Juglans regia* L., walnut, phenotypic variability, morphological traits, leaf morphology, germplasm, selection.

GENETIC PROFILING OF LOCAL AND WILD FORMS OF APPLE (*MALUS SPP.*) FROM SOUTH-EASTERN KAZAKHSTAN USING SSR MARKERS

Ye. Protsenko, V. Kostyukova, D. Gritsenko, S. Oleychenko
Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
e-mail: protsenkoyegor1@gmail.com

The apple (*Malus spp.*) is one of the most economically important temperate fruit crops, and south-eastern Kazakhstan is one of the world's centers of origin and diversification of the wild apple Malus sieversii, the progenitor of the cultivated apple. The conservation and correct identification of local, wild, and breeding forms of apple are of critical importance for the management of genetic resources, the prevention of cultivar synonymy and homonymy, and subsequent breeding work. Morphological traits do not allow unambiguous differentiation of closely related apple forms and are influenced by growing conditions; therefore, molecular markers are used to construct reliable genetic passports for accessions. Microsatellite (SSR) markers are considered the optimal tool for apple passportization owing to their high polymorphism, codominant inheritance, and reproducibility of results between laboratories. In this study, the above set of 12 SSR loci was used for the genetic profiling of 15 apple accessions, including local and wild forms from various geographic groups of south-eastern Kazakhstan. Allele sizes were determined by fragment analysis of PCR products with fluorescently labeled primers. Complete genetic profiles across the 12 loci were obtained for all 15 accessions, on the basis of which individual genetic passports were compiled. Analysis of the profiles revealed several significant patterns. First, two samples showed an identical allelic composition at all 12 loci, indicating their clonal origin from a single genotype (vegetative propagation of the same tree) and allowing them to be excluded as independent genotypes when passportizing the collection. Second, 2 accessions differed at only one locus (CH01f02) out of the twelve studied, while their profiles fully coincided at the remaining 11 loci – this may indicate a close relationship (for example, a parent – offspring relationship or full sibs) or possible synonymy of the accessions, which requires clarification using an additional marker panel. Thus, the panel of 12 SSR loci recommended by ECPGR demonstrated high efficiency for the genetic passportization of an apple collection comprising both cultivated and wild forms from south-eastern Kazakhstan. The resulting genetic passports make it possible to unambiguously identify most of the accessions studied, reveal cases of clonal duplication, and flag accessions requiring further verification for synonymy.

This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, BR28712539 “Molecular-genetic patterns in the development of economically valuable traits and biological characteristics of major agricultural crops”.

Keywords: apple, *Malus sieversii*, *Malus domestica*, SSR markers, microsatellites, genetic passportization, cultivar identification, genetic diversity, genetic resources collection.

A SIMPLE AND ROBUST DUAL VIGE–VIGS SYSTEM FOR GENOME EDITING IN A. THALIANA FOR FUNCTIONAL GENOMICS

A.V. Vlasova[1*], M. Mardini[1], D.V. Perevozchikov, A.I. Prokofeva[1], I.V. Kirov[1,2]
[1]Moscow Institute of Physics and Technology, Institutsky per., 9, Dolgoprudny, Moscow region, Russian Federation, 141700
[2]All-Russian Research Institute of Agricultural Biotechnology,Timiryazevskaya st., 42, Moscow, Russian Federation, 127434
*e-mail: vlasova.nactia@yandex.ru

Virus-induced genome editing (VIGE) is an emerging approach that enables plant genome modification without tissue culture or stable transformation [1]. It has been successfully demonstrated in several plant species [2-4]. However, efficient selection of edited plants, particularly when targeting non-reporter genes, remains a major bottleneck. In this work, we demonstrate that VIGE and virus-induced gene silencing (VIGS) can be combined within a single viral construct. Using a Tobacco rattle virus (TRV)-based vector, we simultaneously induced genome editing of a target gene and silencing of a marker gene, generating a readily identifiable visual phenotype. Specifically, the VIGE construct was modified to include a fragment of AtPDS (150–360 bp) downstream of the ISYmu: gRNA-AtCHLI sequence. Upon infection of Arabidopsis thaliana, plants exhibited two symptoms: (1) chlorosis associated with AtCHLI knockout, indicating successful genome editing, and (2) photobleaching caused by AtPDS silencing, confirming VIGS activity. These results were validated by targeted sequencing of the AtCHLI locus and qPCR analysis of AtPDS transcript levels. To demonstrate the applicability of this approach for non-reporter genes, we designed a construct targeting two genes, AtNRPE and AtGL2, alongside AtPDS silencing. Photobleaching enabled rapid visual identification of infected plants, which were subsequently confirmed to carry edits at the target loci of both genes. This dual VIGE–VIGS system provides a simple and robust platform for efficient screening of genome-edited plants. This research was funded under the program «Priority 2030» of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (Agreement No. 075-15-2025-203 from 08.04.2025).

1. Virus-induced gene editing free from tissue culture / A.R. Steinberger and D.F. Voytas // Nature plants. – 2025. – URL: https://doi.org/10.1038/s41477-025-02025-6.

2. Viral delivery of an RNA-guided genome editor for transgene-free germline editingin Arabidopsis / A. Weiss et al. // Nature Plants. – 2025. – URL: https://www.nature.com/articles/s41477-025-01989-9.

3. Heritable, Tissue Culture-Independent and Transgene-Free Genome Editing in Plants via Viral Delivery of CRISPR/AsCas12f / M. Hu et al. // Plant Biotechnology Journal. – 2025. – URL: https://doi.org/10.1111/pbi.70315.

4. Transgene- and tissue culture-free heritable genome editing using RNA virus-based delivery in wheat / J. Qiao et al. // Nature Plants. – 2025. – URL: https://doi.org/10.1038/s41477-025-02023-8.

ЭКОЛОГО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА ПОСЛЕДСТВИЙ ВОЗДЕЙСТВИЯ ЗАГРЯЗНЕНИЯ НА БИОРАЗНООБРАЗИЕ РАДИАЦИОННО-ЗАГРЯЗНЕННЫХ ТЕРРИТОРИЙ РЕГИОНА ЗАПАДНОГО КАЗАХСТАНА

А.Б. Бигалиев[1], К.З. Шалабаева[1], А.С. Кулимбетов[2], Л.М. Адилова[2], А.Н. Кожахметова[1].
[1] Казахский национальный университет им. Аль-Фараби, Алматы, Казахстан
[2] Казахский национальный медицинский университет им. С.Д. Асфендиярова, Алматы, Казахстан
e-mail: aitkhazha@gmail.com

В докладе приведены результаты исследований по оценке отдаленных (генетических последствий) радиационного загрязнения экосистем, прилегающих к полигонам Западно-ксахстанской области Капустин яр и Кошкар-ата Мангыстауской области. Проведено рекогносцировочное и радиоэкологическое обследование объектов окружающей среды и биосубстратов животных, человека районов Западно-Казахстанской области (ЗКО) прилегающие к полигону Капустин Яр и полигону захоронения радиоактивных отходов производства Мангыстауской области. Определены значения объемной активности природных и техногенных радионуклидов в пробах почвы, питьевой воды и биосубстратах. Радиологические исследования фона радиации прилегающих территорий показали наличие зависимости от уровня радиационного загрязнения окружающей среды и расстоянием от источника загрязнения. Картографическим исследованием впервые выявлена неоднородность территорий пространственного распределения радиационного фона. Максимальные значения (до 1,98 мЗв/ч в грунте и 0,98 мЗв/ч в воде) зафиксированы в пункте ХГМЗ промышленной зоны г. Актау. Превышение уровня радиоактивности сохраняется вблизи падения ракет в Бокейординском районе, а превышение активности радионуклидов K^{40} и Ra^{226} отмечается у жителей Жанибекского района. Цитогенетические исследования выявили заметное увеличение частоты дицентрических хромосом (0,61 ± 0,3 на клетку; 3,13–14,63 на 10 метафаз), явно превышающее уровни спонтанных аберраций, что подтверждает воздействие низких доз радиации в обследованных популяциях. Молекулярно-генетический анализ полиморфизмов в генах репарации ДНК показал распределение генотипов среди жителей, проживающих в загрязненных радиацией районах Западного Казахстана и вблизи от источника полигона загрязнения в Мангитауской области. Установлены следующие частоты встречаемости генотипов: мутантный генотип Trp/Trp для гена XRCC1 Arg194Trp был обнаружен у 1,7% особей; генотип Gln/Glnn для гена XRCC1 Arg399Gln наблюдался у 8,6%; генотип Met/Met для гена XRCC3 Thr241Met встречался у 7,0%; и генотип Gln/Gln для гена XPD был идентифицирован у 7,0%. Lys751Gln был выявлен у 5,2% участников. Анализ состояния здоровья обследованных населенных пунктов радиационно-загрязненных территорий показал, что у детей в возрасте до 14 лет самый высокий уровень заболеваний крови и кроветворения. Отмечается тенденция роста экозависимых болезней человека (ранее не регистрированные формы онкозаболеваний, врожденные пороки развития, болезней кроветворной, нервной систем).

Ключевые слова: радионуклиды, радиоактивность, биосубстрат, полигон, цитогенетика, хромосомы, гены репарации, экозависимые болезни

БИОХИМИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ НЕОДНОРОДНОСТИ ДИКОРАСТУЩИХ ПОПУЛЯЦИЙ КОНОПЛИ (*CANNABIS RUDERALIS* L.) В КАЗАХСТАНЕ

Э.С. Борибай
Университет Нархоз, Алматы, Казахстан
e-mail:elmira.boribay@narxoz.kz

Дикорастущая конопля (*Cannabis ruderalis* L.) представляет интерес как природный растительный ресурс Казахстана и характеризуется значительной морфологической и биохимической изменчивостью. Целью исследования являлось выявление генетической неоднородности природных популяций *C. ruderalis* L. с использованием морфологических и биохимических маркеров. Исследования проводили на растениях, произрастающих в различных пунктах Шуйской долины Жамбылской области. Изучали морфологические показатели, компонентный состав белков и ферментов семян. Биохимический анализ включал исследование пероксидазы, неспецифической эстеразы, α- и β-амилазы, водорастворимых белков и полипептидов. Электрофоретическое разделение позволило выявить различия в составе белковых и ферментных компонентов исследованных популяций. Материалы и методы. Семена дикорастущей конопли отбирали в нескольких пунктах Шуйской долины, расположенных на расстоянии 10 – 50 км от станции Шу. В каждой точке проводили морфометрический анализ растений, включая определение высоты, количества побегов, массы стебля, листьев и семян, а также массы 1000 семян. Для биохимического исследования использовали семена. Компонентный состав белков и ферментов определяли методом электрофореза в полиакриламидном геле. Исследовали спектры кислой пероксидазы, неспецифической эстеразы, α- и β-амилазы, водорастворимых белков и полипептидов. Результаты и обсуждение. Исследованные популяции характеризовались выраженной морфологической изменчивостью. Высота растений составляла 68–150 см, количество побегов – 16-33, масса семян с одного растения – 0,6-17,3 г, масса 1000 семян – 2,6 – 5,7 г. При анализе кислой пероксидазы выявлены различия в количестве компонентов ферментного спектра – от 8 до 17. Компонентный состав неспецифической эстеразы в большинстве образцов был сходным, однако у отдельных популяций отмечались различия в наличии и активности отдельных компонентов. Для α- и β-амилазы количество зон в спектре составляло 8–13; отдельные образцы характеризовались повышенной гетерогенностью изоферментного спектра. Эти различия могут свидетельствовать о генетической неоднородности исследованных популяций. В спектрах водорастворимых белков выявлено 21–24 компонента, а в полипептидных спектрах – 27 – 31 компонент с молекулярной массой около 20–97 кДа. Выявленные различия в белковом составе, вероятно, отражают сочетанное влияние генетических особенностей и экологических условий произрастания. Полученные результаты свидетельствуют о наличии морфологической и биохимической неоднородности дикорастущих популяций *Cannabis ruderalis* L. Наиболее информативными показателями для дифференциации исследованных образцов оказались компонентный состав пероксидазы и изоферментный спектр амилазы. Комплексное использование биохимических маркеров может быть перспективным подходом к изучению внутривидовой изменчивости и структуры природных популяций конопли в Казахстане. Для подтверждения выявленных различий целесообразно проведение дальнейших исследований с применением современных ДНК-маркеров.

Ключевые слова: *Cannabis ruderalis* L., дикорастущая конопля, популяции, генетическая неоднородность, биохимические маркеры, пероксидаза, эстераза, амилаза, изоферменты.

ТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ ЯБЛОНИ В РАЗЛИЧНЫХ ЭКОЛОГИЧЕСКИХ УСЛОВИЯХ КАЗАХСТАНА

Д.А. Гриценко[1,2,3], В.С. Костюкова[1]
[1]Институт биологии растений и биотехнологии, Алматы, Казахстан
[2]Научно-исследовательский центр «AgriBioTech», Алматы, Казахстан
[3]Кафедра молекулярной биологии и генетики, Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: d.kopytina@gmail.com

Плодовые культуры имеют существенное значение для агропромышленного комплекса Казахстана, однако их продуктивность ограничивается воздействием абиотических и биотических стрессоров. Современные методы транскриптомики позволяют выявлять молекулярные механизмы адаптации растений к условиям среды и определять гены, ассоциированные с устойчивостью к заболеваниям. Целью настоящего исследования являлось выявление особенностей экспрессии генов яблони (*Malus domestica*) при произрастании в различных экологических условиях, а также определение транскрипционных ответов на инфекцию фитопатогенами. В 2025 г. проведен отбор образцов яблони сорта «Голден Делишес» в двух географически удаленных регионах – Алматинской и Жетысуйской областях. Исследованы образцы здоровых растений, а также растений с признаками бактериального поражения. Наличие *Pseudomonas syringae* подтверждали молекулярными методами. Для транскриптомного анализа использовали прямое секвенирование РНК на платформе Oxford Nanopore PromethION P2 Solo. У яблони выявлено в среднем около 28 500 экспрессированных генов на образец. Транскриптомные профили растений отчетливо различались в зависимости от региона произрастания. У яблони из Алматинской области наблюдалась повышенная экспрессия генов фотосинтетического аппарата, включая RBCS1A, CAB1, PsbA, LHCB2 и RBCL, тогда как образцы из Жетысуйской области характеризовались активацией генов стрессового ответа, включая HSP70-1, DREB2A, LEA14, NCED3 и APX2. Инфекция *P. syringae* сопровождалась активацией широкого спектра защитных механизмов. У яблони усиливалась экспрессия рецепторных киназ FLS2 и EFR, компонентов MAPK-каскада, транскрипционного фактора WRKY33, PR-белков, генов метаболизма салициловой и жасмоновой кислот, а также ферментов антиоксидантной защиты и фенилпропаноидного метаболизма. Анализ функционального обогащения выявил активацию процессов, связанных с защитным ответом, системной приобретенной устойчивостью, гиперчувствительным ответом и вторичным метаболизмом. Таким образом, полученные результаты демонстрируют выраженную региональную специфичность транскриптомных профилей яблони и свидетельствуют о комплексной перестройке экспрессии кодирующих и некодирующих РНК при воздействии биотического стресса. Выявленные гены и регуляторные модули могут рассматриваться как перспективные молекулярные маркеры адаптации и устойчивости плодовых культур и представляют основу для дальнейшего отбора генотипов, оптимизации агротехнологий и разработки молекулярно-генетических подходов к селекции устойчивых сортов в условиях Казахстана.

Финансирование: выполнено в рамках проекта, финансированного Министерством науки и высшего образования Республики Казахстан НТП BR28712539 «Молекулярно-генетические закономерности формирования хозяйственно ценных признаков и биологических особенностей основных сельскохозяйственных культур».

ПОЛНОГЕНОМНЫЙ ПОИСК SNP-МАРКЕРОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТЬЮ ХЛОПЧАТНИКА КАЗАХСТАНСКОГО ГЕНОФОНДА

Н.Б. Жұмабай[1,2], М.Б. Рамазанова[1], А. Өркен[1], Ш. Хэ[4], С.П. Махмаджанов[3], Н.Ж. Жанаталапов[2], Ш.А. Манабаева[1,2], Д. Түсіпқан[1]
[1]Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан
[2]ЗКАТУ им. Жангир хана, Уральск, Казахстан
[3]Сельскохозяйственная опытная станция хлопководства и бахчеводства, Атакент, Казахстан
[4]Институт хлопка Китайской академии сельскохозяйственных наук, Аньян, Китай
e-mail: nurbek.zhumabay10@gmail.com

Дефицит воды остается одним из основных факторов, ограничивающих продуктивность хлопчатника. Для юга Казахстана, где хлопководство сосредоточено в условиях засушливого климата и нестабильного водообеспечения, особое значение имеет выявление адаптированных генотипов и молекулярных маркеров засухоустойчивости. Целью работы являлись комплексная оценка образцов казахстанского генофонда хлопчатника и выявление SNP-локусов и генов-кандидатов, связанных с устойчивостью к водному дефициту. Исследованы 184 образца *Gossypium hirsutum* L. В контролируемых условиях, осмотический стресс моделировали с применением 20 и 30% PEG-6000. Дополнительно растения оценивали в полевых условиях. Анализировали девять морфофизиологических признаков: всхожесть, площадь семядолей, высоту и массу растений, сухую массу побегов и корней, относительное содержание воды, содержание хлорофилла и малонового диальдегида. Интегральную засухоустойчивость определяли по коэффициентам засухоустойчивости и значениям MFVD, после чего образцы классифицировали методом k-средних. Генотипирование выполняли на Axiom Cotton Genotyping Array. После фильтрации по call rate ≥ 90% и MAF ≥ 0,05 сохранили 5092 полиморфных SNP, из которых 3536 были картированы на референсный геном и использованы для GWAS. Ассоциации выявляли шестью мультилокусными моделями пакета mrMLM с учетом структуры популяции и матрицы родства. Повышение концентрации PEG сопровождалось выраженным снижением всхожести и ростовых показателей. Кластеризация разделила коллекцию на пять групп: 16 высокочувствительных, 23 чувствительных, 76 среднеустойчивых, 47 устойчивых и 22 высокоустойчивых образца. Таким образом, выделен ценный исходный материал для селекции хлопчатника, адаптированного к дефициту влаги. Выявлено 169 значимых QTN-ассоциаций, соответствующих 132 комбинациям «маркер-признак», и 111 уникальных SNP, связанных с 21 исследованным признаком. 24 маркера были выявлены не менее чем двумя статистическими моделями, что свидетельствует о повышенной надежности обнаруженных сигналов. Всего 46 SNP были локализованы непосредственно в предполагаемых генах-кандидатах. Совместное использование фенотипирования, интегральной классификации и мультилокусного GWAS позволило охарактеризовать полигенную основу засухоустойчивости казахстанской коллекции *G. hirsutum*. Выделенные высокоустойчивые образцы, воспроизводимые SNP-маркеры и функционально обоснованные гены-кандидаты представляют практический интерес для последующей валидации и применения в маркер-ассоциированной и геномной селекции хлопчатника Казахстана.

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ХЛОРОПЛАСТНЫХ МАРКЕРОВ ДЛЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ДИКОРАСТУЩИХ ВИДОВ *PRUNUS* , ПРОИЗРАСТАЮЩИХ В КАЗАХСТАНЕ И УЗБЕКИСТАНЕ

У.А. Манапканова[1,2], Н.К. Рымханова[1,2], С.В. Кушнаренко[1]
[1]Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан
[2]Казахский Национальный Университет им. аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: ylzhanchikm@gmail.com

Вишня (*Prunus* spp.) представляет собой одну из наиболее важных плодовых культур, широко культивируемую в умеренных климатических зонах по всему миру. Четыре вида дикой вишни произрастает в Казахстане: *Prunus fruticosa* Pall., *P. erythrocarpa* (Nevski) Gilli, *P. griffithii* var. *tianshanica* (Pojark.) Ingram, *P. verrucosa* Franch. Традиционно вид вишни идентифицируется в полевых условиях на основе морфологических признаков: листа, соцветия, цветка и плода. Однако, значительное перекрытия ареалов видов вишни затрудняет определение точных границ близкородственных видов. Объектами исследования послужили 121 образец четырёх дикорастущих видов вишни, собранных в естественных популяциях, расположенных в различных регионах Казахстана и Узбекистана. Была проанализирована генетическая структура популяции дикой вишни на основании 6 хлоропластных маркеров: *matK*, *rpl16*, *ycf1_1*, *ycf1_2*, *ndhF* and *trnH–psbA,* с последующим проведением CAPS анализа с использованием рестрикционных эндонуклеаз *HpaII*, *ApoI*, *HaeIII* и *AluI*. В результате исследования были идентифицированы 43 гаплотипа, что показало высокую генетическую вариацию. Матрица попарного распределения генетической идентичности Nei's Genetic Identity, основанная на хлоропластных маркерах, продемонстрировали высокую степень генетического сходства (приблизительно 97–99%) между тремя видами вишни: *P. erythrocarpa*, *P. griffithii* var. *tianshanica*, и *P. verrucosa*. Анализ главных координат (PCoA), выявил скорее географическую структуру, чем таксономическую дифференциацию, что может быть связано с различным географическим происхождением исследованных образцов. Проведенный тест Мантеля с использованием матриц попарных генетических и географических расстояний, выявил в целом значимую положительную корреляцию между генетическими и географическими расстояниями ($r = 0{,}433$, $p < 0{,}001$), что указывает на умеренную степень изоляции по расстоянию среди исследованных образцов. Следует отметить, что сила этой связи значительно различалась среди исследованных четырех видов *Prunus*. Все результаты указывают на сильную генетическую идентичность между тремя видами: *P. griffiii* var. *tianshanica*, *P. erythrocarpa* и *P. verrucosa*. В то же время *P. fruticosa* продемонстрировала генетическую обособленность. Для трех изученных популяций *P. fruticosa* были идентифицированы 100% уникальные аллели с использованием хлоропластных маркеров *matK_HpaII*, *ycf1_1* и *trnH-psbA*. Полученные данные позволяют предположить, что использованные маркеры могут быть полезны для идентификации *P. fruticosa* в популяциях, проанализированных в данном исследовании. Генетическая дифференциация между близкородственными таксонами рода *Prunus* остается сложной и до сих пор нерешенной проблемой. Разработанная система хлоропластных CAPS-маркеров эффективна для выявления вариаций хлоропластных гаплотипов, но обладает ограниченной разрешающей способностью среди близкородственных диких таксонов рода *Prunus*.

Данное исследование было профинансировано Министерством науки и высшего образования Республики Казахстан, проект BR28712539 "Изучение генетического разнообразия ягодных растений и разработка способов оздоровления коммерчески ценных сортов на основе использования молекулярных методов и криобиотехнологий"

ИДЕНТИФИКАЦИЯ И СТРУКТУРНО-ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ИЗОФОРМ 3-ДЕГИДРОХИНАТДЕГИДРАТАЗЫ/ШИКИМАТДЕГИДРОГЕНАЗЫ *CORNUS SERICEA L.*

Е. Никонорова*, Д. Балеев
ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лекарственных и ароматических растений», Москва, Россия
*e-mail:gatiatulinaer@gmail.com

Cornus sericea – декоративное растение, известное накоплением эллагитаннинов и других фенольных соединений; однако молекулярные основы их биосинтеза остаются малоизученными. В данном исследовании впервые выполнена гибридная de novo-сборка транскриптома *C. sericea* с использованием объединенных данных секвенирования коротких и длинных прочтений, полученных из молодых и зрелых листьев, плодов, цветков и почек. Было получено 27,15-36,18 млн парных прочтений на образец для Illumina, а для Oxford Nanopore – 534,8-927,3 тыс. длинных прочтений. Итоговая сборка включала 29 124 транскрипта общей длиной 48,14 млн п.н., максимальная длина транскрипта составила 27 663 п.н. Полнота транскриптома по данным BUSCO достигала 90,4 % для наборов Eukaryota и Viridiplantae и 88,4 % для Eudicots. Наибольшее количество функциональных аннотаций было получено с использованием базы RefSeq, тогда как UniProt и NCBI NR внесли существенно меньший вклад; 2 077 транскриптов остались неаннотированными. GO-анализ позволил аннотировать 12 766 транскриптов (43,5 % сборки), а в базе KEGG было идентифицировано 12 326 транскриптов, из которых 2 931 были отнесены к функциональным модулям, а 7 828 – к метаболическим путям. В транскриптоме *C. sericea* выявлено пять транскриптов, кодирующих предполагаемые бифункциональные ферменты 3-дегидрохинатдегидратазу /шикиматдегидрогеназу (DQD/SDH). Один из них представлял собой альтернативный сплайс-вариант, образованный вследствие удержания интрона. Предсказанные белки DQD/SDH имели сходные физико-химические характеристики: длина составляла 500–532 аминокислотных остатка, молекулярная масса – 54,25-57,82 кДа, индекс нестабильности – менее 40 (26,50–32,78), алифатический индекс – 93,05–101,40, а значения GRAVY указывали на их преимущественно гидрофильную природу. Большинство изоформ имели слабокислый pI (5,82-6,29). Прогноз субклеточной локализации показал, что CserDQD/SDH3 является наиболее вероятным пластидным вариантом и содержит N-концевой хлоропластный транзитный пептид (cpTP). Сравнение первых 50 аминокислот DQD/SDH у двудольных растений показало, что cpTP-положительные белки характеризуются меньшей долей кислых аминокислот, повышенным содержанием серина, треонина и пролина. Филогенетический анализ разделил DQD/SDH на шесть хорошо поддержанных клад: CserDQD/SDH1.1 и CserDQD/SDH1.2 вошли в кладу I, CserDQD/SDH5 – в кладу II, CserDQD/SDH2 – в кладу IV, CserDQD/SDH4 – в кладу V, а CserDQD/SDH3 – в кладу VI, что свидетельствует о дивергенции семейства DQD/SDH у *C. sericea*. Анализ функционально значимых аминокислотных остатков выявил признаки специализации отдельных изоформ. Для CserDQD/SDH5 и других представителей клады II характерны замены NRN→DID, Thr381Gly и Ser338Gly, связанные с предпочтением $НАД^+$/НАДН и активностью хинатдегидрогеназы, а также His214Phe и Arg279Gln, способные снижать DQD-активность. CserDQD/SDH2 содержал мотив NCT и делеции в участках, участвующих в ориентации субстрата. Варианты CserDQD/SDH3 и CserDQD/SDH4 имели замены в позициях 406, 407 и 422, потенциально связанные с галлатобразующей активностью, при этом CserDQD/SDH3 сохранял большинство каталитических остатков, что предполагает его участие в биосинтезе галловой кислоты.

РОЛЬ ЦИТОКИНИНОВ В ОТВЕТЕ НА НИТРАТЫ У СОРТОВ ПШЕНИЦЫ, НОСИТЕЛЕЙ АЛЛЕЛЬНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНА NLP

Т.В. Нужная[1], Л.Б. Высотская[1], Г.В. Шарипова[1], Т.Н. Архипова[1], М.Г. Дивашук[2], Г.Р. Кудоярова[1]

[1]Уфимский институт биологии Уфимского федерального исследовательского центра РАН, Уфа, Россия

[2]Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия

e-mail: tanyawww89@mail.ru

Чрезмерное внесение нитратных удобрений приводит к загрязнению окружающей среды избыточными нитратами и фосфатами. Привлекательная альтернатива повышению доз вносимых удобрений заключается в увеличении эффективности их использования растениями. Важную роль в регуляции действия нитратов играет ген *NLP*, являющийся важным транскрипционным фактором, чувствительным к нитратам. У растений пшеницы были идентифицированы аллельные варианты гена *NLP*3 и выявлена их ассоциация со временем цветения растений (Bazhenov et al., 2024). Однако не была изучена их связь с отзывчивостью растений на нитраты. Важную роль в выполнении сигнальной функции нитратов играют фитогормоны цитокинины, способные влиять на многие процессы, от которых зависит урожайность растений (рост, фотосинтез, устойчивость к стрессовым воздействиям). У растений арабидопсиса и риса показано влияние NLP на экспрессию генов, ответственных за синтез цитокининов. В задачу данной работы входило сравнительное изучение уровня цитокининов у сортов пшеницы, различающихся по аллельным вариантам гена *NLP*3 и сопоставление результатов с отзывчивостью растений на нитраты. Выявление аллельных вариантов гена *NLP3-B1* проводили с помощью KASP (competitive allele specific PCR – конкурентной аллель-специфичной полимеразной цепной реакции) с использованием аллель-специфичных праймеров. Этот подход позволил установить, что сорта Экада 265, Аквилон, Токката и КВС Буран являются носителями аллельного варианта гена с маркером «А», а Зауральская жемчужина, Тулайковская 108 и Канюк – носителями «G» маркера. Выращенные в условиях дефицита нитратов растения переносили на среду с нитратами. Оценка ростовых показателей растений показала, что под влиянием нитратов сырая масса побегов и корней была на 17-18 % больше у растений сортов-носителей «А» аллельного варианта гена *NLP3-B1*, чем у растений группы «G». Через двое суток после перенесения растений на среду с нитратами, усредненные значения содержания хлорофилла были на 20 % выше у растений-носителей маркера «А» гена *NLP3-B1*, чем у растений группы «G». В побегах растений группы «А» суммарное содержание цитокининов было выше на 30 %, а содержание рибозида зеатина (транспортной формы цитокининов) - в 1,5 раза выше, чем в группе «G». Важно было оценить влияние аллельного состояния гена *NLP3-B1* на сигналинг цитокининов. Ранее было показано повышение экспрессии чувствительных к цитокининам генов *ARR3*, *ARR5* and *ARR6* арадибопсиса при повышении уровня нитратов при участии NLP. Важно было сравнить уровень экспрессии гомологичных генов TaRR пшеницы в ответ на появление нитратов в питательной среде. Мы подобрали праймеры для оценки уровня транскриптов генов *TaRR1, TaRR3, TaRR4, TaRR5, TaRR6 и TaRR9* и обнаружили, что только у первых трех из этих генов экспрессия увеличивалась под влиянием нитратов, что указывает на их участие в нитратном сигналинге. Нитраты сильнее индуцировали экспрессию TaRR3 у сортов группы «G», тогда как у группы «А» экспрессия TaRR4 не повышалась. Сниженная отзывчивость TaRR4, ингибирующего цитокининовый ответ, могла способствовать более выраженной реакции растений группы «А» на нитраты.

Исследование проводилось при финансовой поддержке гранта РНФ 25-24-00692.

УПРАВЛЯЕМЫЕ КВАНТОВО-ЭНЕРГЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ СВЕТОВОЙ ФАЗЫ ФОТОСИНТЕЗА

Ю.А. Шаповалов
Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: yu.shapovalov@mail.ru

На основе данных рентгеноструктурных исследований фотосистем I и II (PS-I и PS-II) рассмотрены энергетические процессы световой фазы фотосинтеза. Предложен механизм работы квантового генератора тока – марганцевого кластера $Mn_4O_5Ca(H_2O)_4$. Кластер поглощая фотоны способствует образованию электронно-дырочных пар (e^--ħ). Дырка (ħ) рассматривается как положительно заряженная частица. При рекомбинации электронно-дырочной системы и наличия в электронной структуре внешней цепи возникает фото - ЭДС. При изменении валентных форм марганца в марганцевом кластере происходят конформационные перестройки. Конформационные перестройки кластера являются причиной разрыва химических связей воды, соединенной с марганцевым кластером водородными связями. Внесено дополнение в общепризнанную модель Кока заключающееся в том, что для инициирования запуска фотосинтеза, кроме воды, необходим промежуточный энергоноситель. Промежуточным энергоносителем в световой фазе фотосинтеза является перекись водорода, которая образуется на поверхности фотокатализаторов. Окисление перекиси водорода на марганцевом кластере сопровождается восстановлением марганца Mn^{4+} до Mn^{2+}, генерацией электронов, протонов и образованием молекулярного кислорода. Циклическая регенерация Mn^{4+} из Mn^{2+} происходит при передаче электронов от PS-II в PS-I для восстановления $NADP^+$в NADPH·H. В электрон-транспортной цепи (ЭТЦ) идентифицированы молекулярные электронные устройства. Q-cycl выполняет прокачку протонов из стромы хлоропластов в тилакоиды. Суперконденсатор цитохром-b_6f-комплекс осуществляет накопление зарядов в виде восстановленных ионов Fe^{2+} в гемовых структурах цитохромов. Созданный запас энергии используется для восполнения дефицита электронов в ЭТЦ. В фотосинтезе поддерживается строгий баланс между сбором и потреблением энергии, минимизируя образование реактивных промежуточных продуктов, вредных для структурных образований хлоропластов. Для борьбы с избытком электронов в PS-II и PS-I предусмотрены фотоэлектролизеры, в которых катодом и анодом являются спаренные молекулы хлорофиллов. В случае, если ЭТЦ не может обеспечить транспорт электронов. Железосерные кластеры (триггеры «И») переключают цепь транспорта электронов на фотоэлектролизер, где происходит электрохимическое разложение воды с образованием молекулярных $\uparrow O_2$ и $\uparrow H_2$. На каждом этапе переноса электронов по цепи PS-II и PS-I осуществляется строгий контроль по недопущению появления в системе неучтенных электронных потоков. Так на заключительном этапе, железосерный триггер «ИЛИ» направляет электроны для восстановления $NADP^+$ в NADPH·H с участием фермента ферредоксин-NADP-редуктазы. В отсутствие окисленной формы $NADP^+$ триггер «ИЛИ» переключает поток электронов для их утилизации в реакции восстановления протонов до молекулярного водорода с помощью фермента гидрогеназы. И, наконец, если отсутствует окисленная форма кофермента $NADP^+$ и невозможностью осуществить реакцию с гидрогеназой, поток электронов изменяет маршрут миграции с помощью триггера «И» ферредоксина Fd (Fe_4S_4), отправляя электроны в молекулярный протонный насос Q-cycl. Описанные выше фотоэлектронные системы ЭТЦ были использованы при разработке общей электронной схемы, функционирования световой фазы фотосинтеза в едином электронном устройстве.

SPRING WHEAT GENETIC RESOURCES COMBINING PRE-HARVEST SPROUTING RESISTANCE WITH HIGH PRODUCTIVITY

A.Y. Amalova, A. Tanirbergenova
Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
e-mail: akerke.amalova@gmail.com

Pre-harvest sprouting (PHS) reduces the technological quality and market value of wheat grain. With increasing climatic variability, identifying genotypes that combine PHS resistance, an optimal level of seed dormancy, and high productivity is becoming particularly important. This study aimed to evaluate variation in these traits within a spring bread wheat collection and identify promising genetic resources for breeding. A collection of 270 spring bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars and breeding lines of diverse ecogeographical origin was investigated. Field trials were conducted in 2024 in two contrasting regions of Kazakhstan: at the Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing in Almaty Region and at the Karabalyk Agricultural Experimental Station in Kostanay Region. The experiment was established with two replications. Plant adaptation traits, yield components, PHS, and the germination index (GI), used as an indicator of seed dormancy, were evaluated. Analysis of variance, correlation analysis, principal component analysis, and GGE biplot analysis were applied to assess the effects of genotype, environment, and their interaction. Substantial variation was detected for all studied traits, together with pronounced regional differentiation of the collection. In Almaty Region, plants exhibited later heading, greater plant height, longer spikes, and more kernels per spike. In Kostanay Region, grain yield was significantly higher, averaging 338.7 g/m² compared with 108.4 g/m² in Almaty Region, indicating differences in yield formation between the two environments. Mean PHS incidence was 55.2% in Almaty Region and 60.2% in Kostanay Region. In total, 53 and 59 accessions were classified as resistant in Almaty and Kostanay, respectively, while 19 genotypes expressed resistance in both environments. All stably resistant accessions had red grain, consistent with the established relationship between grain pigmentation and PHS resistance. Stable moderate seed dormancy across both environments was identified in 45 genotypes. CAWBIN-385 was particularly promising because it combined moderate dormancy with PHS resistance. Correlations of PHS and GI with most agronomic traits were weak, suggesting that resistance can be improved without substantial productivity penalties. The first two principal components explained 57.8% of the total variation and confirmed clear differentiation between the environments. GGE biplot analysis identified CAWBIN-179 and CAWBIN-222 as high-performing and stable genotypes. The results demonstrate the feasibility of combining productivity, adaptation, and PHS resistance and support the use of the selected genotypes as breeding material for developing climate-resilient spring wheat cultivars.

This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Grant No. AP22785823.

FIELD MONITORING OF WHEAT TAN SPOT CAUSED BY *PYRENOPHORA TRITICI-REPENTIS* IN NORTHERN KAZAKHSTAN

K. Bakhytuly[1], A.M. Kokhmetova[1], M.T. Kumarbayeva[1], Zh.S. Keishilov[1], N.M. Kovalenko[2]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]All-Russian Research Institute of Plant Protection, St. Petersburg, Russia
e-mail: kanat1499@gmail.com

Tan spot, caused by *Pyrenophora tritici-repentis (Ptr)*, is one of the most important foliar diseases of wheat and represents a serious constraint to wheat production in the major grain-growing regions of Kazakhstan. The increasing importance of the disease is associated with the accumulation of infected crop residues, intensive wheat cultivation, and environmental conditions favorable for pathogen survival and disease development. Identification of resistant cultivars under natural infection conditions is therefore important for both breeding and integrated disease management. The aim of this study was to assess the incidence and severity of tan spot in spring wheat fields of Northern Kazakhstan and to identify cultivars showing resistance to *P. tritici-repentis* under field conditions. Field monitoring was conducted in 2025 in two major wheat-growing regions of Northern Kazakhstan: Karabalyk district of Kostanay region and Shortandy district of Akmola region. Surveys were performed from heading to the milk growth stage using standard phytopathological methods. In each surveyed field, plants were sampled along a diagonal transect and assessed for tan spot symptoms. Disease incidence was calculated as the percentage of infected plants, while disease severity was estimated from the intensity of symptom development on affected plants. Substantial regional and cultivar-dependent differences in tan spot development were observed. In Kostanay region, several cultivars showed no visible symptoms of tan spot and were characterized by 0% disease incidence and severity. These included Aigul, Fantaziya, Lamis, Aina (Field No. 2), Aiym, Avgustina, and Inzhu. In contrast, Kudesnitsa and Khazret were highly affected, with disease incidence of 78% and 82%, respectively, and disease severity of 11.10% and 17.70%. Kostanayskaya 207 and Aina showed lower levels of infection, with incidences of 32% and 24% and severities of 2.30% and 1.20%, respectively. A different disease pattern was recorded in Akmola region, where all evaluated cultivars were affected. Disease incidence ranged from 54% to 78%, while severity ranged from 3.80% to 6.20%. Lavina showed the highest disease incidence and severity (78% and 6.20%, respectively), whereas Damsinskaya 90, Asyl Sapa, and Shortandinskaya 95 uluchshennaya also exhibited relatively high infection levels. The results demonstrate pronounced variation in the field response of wheat cultivars to tan spot and clear differences in disease development between the two regions. The contrasting responses indicate that tan spot development is determined by the interaction between host resistance, pathogen pressure, environmental conditions, and agronomic practices. Cultivars showing no disease symptoms under the conditions of Kostanay region represent promising material for further evaluation as potential sources of resistance to *P. tritici-repentis*. Continued multi-environment testing is required to confirm the stability of their resistance. The use of resistant cultivars together with crop rotation, effective management of infected residues, and regular phytopathological monitoring can contribute to reducing tan spot damage and improving the sustainability of wheat production in Northern Kazakhstan.

This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP22787867).

Keywords: wheat, tan spot, *Pyrenophora tritici-repentis*, field monitoring, disease incidence, disease severity, resistance.

DYNAMICS OF COMMON ROOT ROT DEVELOPMENT AND ITS IMPACT ON AGRONOMIC TRAITS AND YIELD OF SPRING WHEAT UNDER DIFFERENT CULTIVATION CONDITIONS IN KAZAKHSTAN

A. Bolatbekova[1,2], A. Kokhmetova[1], Y. Dutbayev[2], G. Özer[3], M. Kumarbayeva[1], A. Kharipzhanova[1], M. Nurzhuma[1,4], Zh. Keishilov[1,2], K. Bakhytuly[1], As. Kokhmetova[1], K. Mukhametzhanov[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan
[3]Bolu Abant Izzet Baysal University, Bolu, Turkey
[4]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: ardashka1984@mail.ru

Common root rot is one of the major diseases limiting spring wheat production in Kazakhstan. In 2024, a field study was conducted in the Almaty region using 16 spring bread wheat varieties to evaluate disease development at different growth stages and determine its relationship with agronomic traits and grain productivity under contrasting cultivation conditions. Disease prevalence and severity varied considerably among growth stages, with the highest values (32.65% and 8.78%, respectively) recorded at the tillering stage, followed by lower values at subsequent growth stages. Cultivation conditions significantly influenced disease development. Under natural conditions, disease prevalence reached 26.79%, whereas artificial inoculation increased it to 31.60%. In contrast, fungicide treatment reduced disease prevalence to 8.80%, demonstrating effective suppression of infection, although reduced productivity was observed in some varieties despite lower disease pressure. Disease pressure markedly affected plant productivity. The highest grain weight per plant (13.71 g) was recorded under natural conditions, whereas the lowest value (8.31 g) was observed under the infectious background. Significant genotypic variation was detected for major agronomic traits, including tillering capacity, plant height, spike length, and spikelet number. A strong positive correlation between spike length and spikelet number indicated a close relationship between these yield-related traits. The results revealed substantial variation in resistance among the studied varieties and highlighted the importance of early disease assessment, particularly at the tillering stage. Natural growing conditions were associated with the highest grain productivity, whereas artificial inoculation resulted in the greatest yield reduction. Chelaba 80 and Ekada 113 exhibited comparatively high levels of resistance to common root rot and represent promising germplasm for further evaluation and use in wheat breeding programs. Overall, the findings support the integration of early disease monitoring, resistant genotype selection, and appropriate disease management strategies to improve spring wheat productivity and enhance resistance to common root rot under the agroecological conditions of Kazakhstan.

This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP26195327).

Keywords: spring wheat; common root rot; *Bipolaris sorokiniana*; disease dynamics; agronomic traits; integrated disease management.

SSR-BASED IDENTIFICATION OF BARLEY SCALD AND NET BLOTCH RESISTANCE-ASSOCIATED ALLELES IN KAZAKH BARLEY GERMPLASM

Y. Genievskaya[1], A. Maulenbay[2], A. Zatybekov[1], S. Abugalieva[1], A. Gulin[1], Y. Turuspekov[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Research Institute of Biological Safety Problems, National holding "QazBioPharm", Gvardeisky, Zhambyl region, Kazakhstan
e-mail: yerlant@yahoo.com

Barley scald, caused by *Rhynchosporium commune*, and net blotch, caused by *Pyrenophora teres* f. *teres*, are economically important foliar diseases that constrain barley production in Kazakhstan. This study aimed to assess the genetic diversity and population structure of Kazakh barley germplasm and identify simple sequence repeat (SSR) alleles associated with field resistance to these diseases. A collection of 86 two-rowed spring barley cultivars and breeding lines was evaluated under natural infection in two contrasting environments in southeastern and southern Kazakhstan. The accessions were genotyped using 14 SSR markers previously linked to resistance genes or quantitative trait loci for barley scald and net blotch. Genetic relationships were examined using Neighbor-Joining clustering, principal coordinate analysis, and Bayesian STRUCTURE analysis. Allele–trait associations were identified using a mixed linear model accounting for population structure and kinship. Disease expression was strongly dependent on the testing environment. Mean scald severity across environments was 16.3%, while mean net blotch severity reached 20.6%. No significant correlations between locations were observed for either disease, emphasizing the importance of multi-environment phenotyping. Thirteen SSR markers were polymorphic, detecting an average of 6.69 alleles per locus and showing moderate to high informativeness, with a mean polymorphism information content of 0.637. Analysis of molecular variance indicated that 90% of the total genetic variation occurred among accessions. Complementary clustering approaches revealed clear genetic stratification within the collection. Seven significant allele–trait associations were detected. The 246 bp allele of *Bmag206* was associated with reduced net blotch severity, indicating a potentially useful resistance-associated allele. Conversely, *Bmac209*-176 bp and *Bmag613*-176 bp were associated with increased susceptibility to net blotch, while *Bmag206*-252 bp and *HvLEU*-186 bp were linked to increased scald severity. Accumulation of favorable alleles was significantly associated with reduced disease severity, particularly for net blotch. The identified SSR alleles provide promising diagnostic tools for marker-assisted selection and allele pyramiding aimed at developing barley cultivars with improved resistance to major foliar diseases in Kazakhstan.

The research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Project No AP23485118).

SCREENING OF WHEAT GENOTYPES FOR RESISTANCE TO *BIPOLARIS SOROKINIANA* USING INOCULA DIFFERING IN AGGRESSIVENESS

A. Kharipzhanova[1], A. Kokhmetova[1], M. Kumarbayeva[1], A. Bolatbekova[1,2], M. Nurzhuma[1,3], Zh. Keishilov[1,2], K. Bakhytuly[1], As. Kokhmetova[1], K. Mukhametzhanov[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan
[3]Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: aidankastar@gmail.com

Common root rot caused by *Bipolaris sorokiniana* is one of the most widespread and destructive diseases of wheat, adversely affecting plant productivity and grain quality. The use of resistant cultivars is considered one of the most effective and environmentally sustainable strategies for reducing disease-related losses. Therefore, identifying sources of resistance to *B. sorokiniana* is an important component of wheat breeding programs. This study aimed to evaluate the resistance of 50 wheat genotypes to *B. sorokiniana* at the seedling stage and to identify promising sources of resistance. Phytopathological screening was conducted under controlled conditions using two inoculum treatments: a mixture of isolates 82a, 836, and 78a and a single isolate 836. Ten seeds of each genotype were sown in two replicates. Following inoculation, the plants were maintained under high-humidity conditions for 24 h, and a second inoculation was performed one week later. Disease severity was assessed according to the scale of Kokko et al. (1995): highly resistant (HR), 0 – 0.9; resistant (R), 1.0 – 1.9; moderately resistant (MR), 2.0 – 2.5; moderately susceptible (MS), 2.6 – 3.9; and susceptible (S), 4.0 – 4.5. Comparative evaluation revealed substantial differences in genotype responses between the two inoculum treatments. The mixture of isolates 82a, 836, and 78a exhibited greater aggressiveness than the single isolate 836, as evidenced by more severe root rot symptoms and clearer differentiation among wheat genotypes according to their resistance levels. Following inoculation with the isolate mixture, Lazzat, A-A p-k/Progress, Kupava/Avocet (S)-1, and Samgay showed susceptible reactions, whereas Almaly/GF92-1, Lutescens 32, Celinnaya 26, Alikhan, Steklovidnaya 24, Koksy, and Astana were classified as moderately susceptible. In contrast, disease severity in these and most other genotypes was lower following inoculation with single isolate 836, and no genotypes exhibited a susceptible reaction (S; 4.0 – 4.5). These results demonstrate that the isolate mixture provided a stronger infection pressure and greater discriminatory power for differentiating wheat genotypes according to their resistance to *B. sorokiniana*. Saratovskaya 70, Bulava, Mereke 75, and Kazakhstanskaya 4 were of particular interest, as they were consistently classified as highly resistant (HR; 0 – 0.9) under both inoculum treatments. Their stable resistance under inoculum treatments differing in aggressiveness indicates their potential value as sources of resistance to common root rot. These genotypes may therefore be considered promising material for further investigation and use in wheat breeding programs aimed at improving resistance to *B. sorokiniana*.

This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP26195327; Grant No. AP22787867).

Keywords: wheat, *Bipolaris sorokiniana*, common root rot, resistance, aggressiveness, isolate mixture, single isolate, phytopathological screening.

SPATIAL MAPPING AND RETROSPECTIVE REMOTE SENSING ANALYSIS TO GUIDE SAMPLING FOR FUNCTIONAL GENOMIC STUDIES OF APPLE

M. Khusnitdinova, A. Taskuzhina, N. Kerimbek, A. Pozharskiy, G. Nizamdinova, D. Gritsenko
Laboratory of Molecular Biology,
Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
e-mail: germironame@gmail.com

Understanding stress resilience in perennial fruit crops requires consideration of the spatial and temporal heterogeneity of the environments in which trees develop over many years. Integration of geographic information systems (GIS), retrospective remote sensing, and field observations provides an opportunity to characterize long-term environmental variability and establish a spatially informed sampling framework for subsequent functional genomic analyses. This study aimed to develop a spatial framework for apple sampling in Kazakhstan to support subsequent identification of stress-associated transcripts, DNA methylation variation, and functional genetic relationships underlying stress resilience. Sampling encompassed geographically contrasting apple-growing environments in southern and southeastern Kazakhstan, including commercial orchards in the Almaty region, Kazygurt and Tulkubas districts, as well as old abandoned cultivated apple orchards within the Ile-Alatau region. Commercial orchards represented different plantation ages and scion–rootstock combinations, including Golden Delicious, Gala, Fuji, Red Delicious and other cultivars grafted onto M9, ARM18, G11, B9, B10 and G935 rootstocks. Only visually healthy trees were selected for molecular sampling, allowing the study to focus on variation associated with environmental adaptation and stress resilience rather than overt disease symptoms. Geographic coordinates and major orchard and plant characteristics were recorded for sampling locations. Georeferenced sampling sites are being integrated within a GIS framework and linked to retrospective satellite observations to characterize spatial and temporal variation in vegetation condition. Historical remote sensing data are used to reconstruct vegetation trajectories, while contemporary satellite and multispectral imagery provides higher-resolution characterization of spatial heterogeneity within individual orchards. Integration of long-term spectral dynamics with orchard type, geographic location, and field characteristics provides a basis for stratifying healthy trees according to contrasting environmental histories and remotely sensed phenotypes. The resulting spatial framework will guide subsequent transcriptomic profiling, analysis of DNA methylation variation, and identification of functional genetic associations related to stress resilience. Comparison of healthy trees occurring under contrasting environmental conditions and exhibiting different long-term spectral trajectories may facilitate the identification of molecular signatures associated with adaptation to environmental stress. Integration of GIS-based mapping, retrospective remote sensing, multispectral phenotyping, transcriptomics, and epigenomics therefore provides a framework for investigating stress resilience in perennial apple systems.

Funding: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, BR28712539 “Molecular-genetic patterns in the development of economically valuable traits and biological characteristics of major agricultural crops”.

ISOLATION OF BEET NECROTIC YELLOW VEIN VIRUS (BYVV) FROM SUGAR BEET USING BAIT PLANT METHOD

R.M. Moisseyev[1,2], A.S. Pozharskiy[1], D.A. Gritsenko[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]Al Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
e-mail: aspozharsky@gmail.com

Rhizomania caused by beet necrotic yellow vein virus (BNYVV, *Benyvirus necrobetae*) is one of the most common pathogens of sugar beet causing yield losses due to the supression of the beetroot growth. Previously, we have identified the virus in the sugar beet fields in Zhetysu region of Kazakhstan and indicated the spread of the infection even when rhizomania was not diagnosed by traditional visual examination. The key role in the spread and persistence of BNYVV is played by *Polymyxa betae*, a symbiont protist of beet which is the only known vector of this virus. The resting cysts of *P. betae* in the soil may retain the virus for years even after crop rotation, which makes the infection control particularly difficult. As other viruses, BNYVV can only be isolated and cultivated in laboratory environment using living host organism. *Polymyxa betae* as a vector is used to transmit the virus. In the present work, we have obtained isolates of BNYVV from two sugar beet fields from near Taldykorgan, Zhetysu region, using bait plant method. From each field, ten soil samples were collected in May 2026. The presence of *P. betae* in the samples was tested by real-time PCR using Luna® Universal Probe qPCR Master Mix and specific primers and probe. Both fields displayed positive results in all samples. For baiting, four planting pots with conventional peat soil substrate were prepared for each sample. In each pot five seeds of sugar beet hybrid “Aksu” were planted with the addition of 30 g of the infected soil. The plants were grown at temperature 25°C, relative humidity 65%, and light period 16 h for 60 days. After that, lateral rootlets were observed microscopically after preliminary treatment: fixation in standard FAA solution, clearing by 1M KOH, and staining with acidic fuchsine. For all samples a characteristic cluster of *P. betae* cysts were observed within rootlets. After that, a total RNA was extracted from rootlets using Monarch® Total RNA Miniprep Kit, then reverse transcription was performed using RevertAid H Minus Reverse Transcriptase (Thermo Fisher Scientific) kit. After that, conventional PCR with specific primers for segments 3,4, and 5 of BNYVV RNA genome was used to test the presence of the virus in the samples. As a result, at least two of four experimental replicates demonstrated confirmed the success of the inoculation by BNYVV using *P. betae* as a vector. The method provides means for maintaining persistent isolates of BNYVV in laboratory for further experimental work including genomic and population analysis and sugar beet testing. Moreover, this approach may be used to detected virus in the field even when no plants are available for analysis.

The work was supported by the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan within the framework of a targeted funding program BR22887230.

SSR-BASED GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF CUCUMBER (*CUCUMIS SATIVU*S L.) GERMPLASM

M. Yermagambetova[1], V. Kruglikova[1,2], Y. Genievskaya[1], S. Jantassov[3], A. Nussupova[3], S. Abugalieva[1], A. Zatybekov[1]
[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty 050040, Kazakhstan;
[2]Kazakh National Agrarian Research University, Almaty 050040, Kazakhstan;
[3]Regional Branch "Kainar" of the Kazakh Scientific Research Institute of Fruit and Vegetable Growing LLP, Kainar Village 040917, Kazakhstan;
e-mail: ermaganbetova.moldir@bk.ru

Genetic diversity is an important component of cucumber breeding programs, providing a basis for the selection of genetically divergent parental materials and the efficient management of germplasm collections. This study assessed the genetic diversity and population structure of 60 cucumber (*Cucumis sativus* L.) accessions representing breeding materials from Eastern Europe, Western Europe, East Asia, and Kazakhstan. Fifteen chromosome-specific simple sequence repeat (SSR) markers were initially screened, and ten polymorphic loci were selected for further analysis. The SSR loci detected an average of 2.9 alleles per locus, with expected heterozygosity (He) ranging from 0.358 to 0.685. The mean polymorphism information content (PIC) was 0.438, with CS-SSR05723 (PIC = 0.587) and CS-SSR23370 (PIC = 0.528) among the most informative markers. STRUCTURE analysis identified four genetic components (K = 4); however, these clusters did not correspond directly to breeding-origin groups. PCoA, DAPC, UPGMA, and network analyses also demonstrated substantial intermixing among accessions of different origins. Eastern European accessions exhibited the highest genetic diversity (Na = 2.9, Ne = 2.198, He = 0.516, I = 0.856) and contained three private alleles. AMOVA revealed that 96.30% of molecular variation occurred within breeding-origin groups and only 3.70% among groups (Fst = 0.037, p = 0.043). The results demonstrate weak genetic structuring by breeding origin and highlight the usefulness of SSR markers for molecular characterization, germplasm management, and selection of genetically complementary parental materials in cucumber breeding.

The research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Program No BR28712539).

Keywords: *Cucumis sativus* L.; genetic diversity; SSR markers; population structure; germplasm; breeding.

ОЦЕНКА УРОЖАЙНОСТИ И СТАБИЛЬНОСТИ ГЕНОТИПОВ ПШЕНИЦЫ ДЛЯ ЭФФЕКТИВНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В СЕЛЕКЦИИ

А.С. Абсаттарова[1], Р. Жылкыбаев[2], И.А. Жирнова[2], А.Е. Еримбетова[1]
[1]НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина», г. Астана, Казахстан
[2]ТОО «Научно-производственный центр зернового хозяйства им. А. Бараева», п. Научный, Казахстан
e-mail: aiman.absattarova@gmail.com

Выявление высокоурожайных и стабильных генотипов является важной задачей селекции пшеницы. Межгодовая изменчивость температурного режима и влагообеспеченности влияет на реализацию продуктивного потенциала генотипов. В связи с этим оценка средней урожайности и её вариабельности в контрастных гидротермических условиях позволяет выделить перспективный селекционный материал, сочетающий высокую продуктивность с относительной стабильностью. Цель исследования - оценить урожайность, вариабельность и стабильность генотипов пшеницы в годы, различающиеся по гидротермическим условиям, с использованием методов box plot и mean–variance (E – V) анализа и выделить перспективные генотипы для дальнейшего использования в селекции. Объектом исследования служили 33 генотипа твердой пшеницы различного происхождения, в том числе районированные сорта, селекционные линии и образцы из КАСИБ. Полевые испытания изучаемых генотипов проводили в 2021 – 2023 гг. на опытном участке НПЦЗХ им. А.И. Бараева, расположенном в степной агроклиматической зоне на южном чернозёме. Полевой опыт проводили по схеме RCBD с трехкратной повторностью. Размер учетной делянки - 5 м². Агротехнические мероприятия проводили в соответствии с рекомендациями, принятыми для данной зоны. Для оценки вариабельности урожайности использовали коробчатые диаграммы (box plot), а для оценки сочетания продуктивности и стабильности — mean–variance (E-V) анализ. Для выявления наиболее значимых признаков, определяющих формирование урожайности, проводили корреляционный и регрессионный анализ взаимосвязей урожайности с морфологическими, биометрическими и структурными показателями растений. Вегетационный период 2021 – 2023 гг. характеризовался выраженной межгодовой вариабельностью гидротермических условий: ГТК составил 0,38; 1,13 и 0,10 соответственно. Максимальная влагообеспеченность отмечена в 2022 г., тогда как 2023 г. характеризовался выраженным дефицитом влаги. Box plot и E–V анализы позволили дифференцировать генотипы по продуктивности и экологической стабильности и выделить формы, сочетающие высокую урожайность с низкой вариабельностью по годам. Результаты исследования показали, что средняя урожайность исследуемых генотипов варьировала от 1119 до 2036 кг/га при среднем значении 1616 кг/га, что свидетельствует о существенной генотипической дифференциации по продуктивности. С учётом величины и вариабельности признака наиболее перспективными признаны *Gordeiforme_00-96, Gordeiforme_616* и *Zhemchuzhina_Sibiri*, характеризующиеся сочетанием высокого уровня продуктивности и относительной стабильности её проявления в контрастных условиях среды. В условиях степной зоны урожайность в значительной степени зависела от массы 1000 зерен (r = *0,89-0,91*), массы зерна с колоса (r = *0,82-0,93*) и продуктивной кустистости растений (r = *0,83-0,91*). Выделенные генотипы могут быть рекомендованы для дальнейшего изучения и использования в селекционных программах как ценные генетические ресурсы.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СОВЕРШЕНСТВОВАНИЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР И СОВРЕМЕННЫЕ ГЕНОМНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

Ф. И. Бабаджанова
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан
e-mail: babajanovaf20@gmail.com

Современные геномные технологии играют важнейшую роль в обеспечении продовольственной безопасности, повышении урожайности сельскохозяйственных культур и создании сортов, устойчивых к биотическим и абиотическим стрессам. Молекулярно-генетические и геномные технологии открывают возможности для идентификации целевых генов и манипулирования ценными признаками растений. Технологии РНК-интерференции (RNAi) и CRISPR/Cas9 относятся к числу современных методов генной инженерии, широко используемых для улучшения генетических свойств сельскохозяйственных культур. В то время как RNAi позволяет контролировать важные признаки растений путем подавления экспрессии генов на посттранскрипционном уровне, CRISPR/Cas9 служит для изменения функции целевого гена посредством точного редактирования генома. В сельском хозяйстве экономически важными культурами являются картофель (*Solanum tuberosum* L.) и виноград (*Vitis vinifera* L.). Картофель – одна из основных продовольственных культур, отличающаяся высокой питательной ценностью. В плодоводстве и овощеводстве виноград имеет большое экономическое значение с точки зрения виноделия и экспортного потенциала. Оба вида культур чувствительны к абиотическим и биотическим стрессовым факторам, а их урожайность и качество тесно связаны с генетическими факторами. Поэтому улучшение этих культур с использованием современных молекулярно-биологических и биотехнологических методов является одним из актуальных направлений науки. Исследование проводилось в Центре геномики и биоинформатики Академии наук Узбекистана. В данной работе мы изучали значение гена *PHYB* для повышения урожайности картофеля и различные положительные аспекты. Гены фитохрома (*PHY*) – это гены, влияющие на процессы фотосинтеза картофеля и участвующие в контроле реакции растений на свет (Moglich A., и др. 2010; Fankhauser C., и др. 2008). На основе гена фитохрома B (*PHYB*) *S. tuberosum* была создана конструкция для РНК-интерференции. Выбранный фрагмент гена был клонирован в бинарный вектор и трансформирован в растительные экспланты с использованием *Agrobacterium tumefaciens*. Полученные трансформанты были подтверждены ПЦР-анализом. Их регенерировали с помощью соматического эмбриогенеза, микроклонировали и размножали *in vitro*, в результате чего были получены микроклубни. В результате у линий с РНК-интерференцией наблюдалось ускоренное вегетативное развитие, увеличение количества стеблей и улучшение корневой системы по сравнению с контрольной группой. На основе гена *Eskimo1*, связанного с холодоустойчивостью *V. vinifera*, была использована технология CRISPR/Cas9 для разработки конструкции для направленного редактирования генов, а трансформация в растительные ткани была выполнена с использованием *Agrobacterium tumefaciens*. В результате трансформации были получены каллусные ткани, и в настоящее время проводится молекулярный анализ полученных трансформантов. В результате применения технологии РНК-интерференции в *S. tuberosum* была подавлена экспрессия гена *PHYB*, оценено влияние на рост и развитие растений, и получены биотехнологические линии. В *V. vinifera* была создана конструкция CRISPR/Cas9 для редактирования гена *Eskimo1*, и проведена трансформация. Полученные результаты показывают, что технологии РНК-интерференции и CRISPR/Cas9 являются эффективными молекулярно-биологическими инструментами для улучшения генетических свойств сельскохозяйственных культур.

РАЗРАБОТКА МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СИСТЕМЫ ДИАГНОСТИКИ TOMATO RINGSPOT VIRUS МЕТОДОМ REAL-TIME RT-PCR

З.К. Даирбекова[1,2], Ә.Н. Махамбетов[1,2], Б. Дулат[1], Г.К. Низамдинова[1], Д.А. Гриценко [1,2]
[1]РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК
[2]НАО «Казахский национальный университет им. аль-Фараби»
e-mail: Nizamdin13@gmail.com

Tomato ringspot virus *(ToRSV; Nepovirus lycopersici)* — фитопатогенный РНК-содержащий вирус семейства Secoviridae, способный поражать сельскохозяйственные, плодовые и декоративные растения. ToRSV представляет значительную фитосанитарную опасность вследствие широкого круга растений-хозяев, возможности длительного сохранения инфекции в многолетних культурах и распространения с посадочным материалом. В Республике Казахстан вирус кольцевой пятнистости томата включен в официальный перечень карантинных объектов, в отношении которых устанавливаются и осуществляются мероприятия по карантину растений. В связи с этим разработка специфичных методов его выявления имеет непосредственное значение для фитосанитарного мониторинга и предупреждения распространения вируса на территории страны. Целью настоящей работы являлась разработка и экспериментальная апробация специфичного праймер-зондового набора для выявления ToRSV методом ПЦР в реальном времени. Для выбора диагностически перспективного участка был проведен сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей ToRSV, представленных в базе данных NCBI GenBank. В качестве референсной использовали последовательность NC_003840.1. Множественное выравнивание проводили с использованием алгоритма MAFFT с последующей оценкой нуклеотидной изменчивости и поиском наиболее консервативных участков. В качестве целевой области был выбран фрагмент RNA1, кодирующего неструктурный полипротеин, участвующий в репликации вирусной РНК. Дизайн специфичных праймеров и флуоресцентного зонда проводили с использованием программы Primer3, а их специфичность проверяли посредством Primer-BLAST. Подобранный набор обеспечивал амплификацию консервативного фрагмента RNA1 длиной 167 п.н. In silico-анализ показал соответствие выбранных олигонуклеотидов различным изолятам ToRSV, представленным в GenBank, и отсутствие значимой комплементарности между праймерами, способной препятствовать проведению реакции. Экспериментальную апробацию разработанного праймер-зондового набора проводили методом real-time RT-PCR на 103 образцах растений томата. В результате ToRSV был выявлен в 24% исследованных образцов, при этом вирус выявлялся не только в растениях с выраженными симптомами, но и в отдельных бессимптомных образцах. Для дополнительного подтверждения специфичности часть образцов была исследована методом целевого секвенирования на платформе Oxford Nanopore MinION. Полученные последовательности выравнивались на целевой участок RNA1 ToRSV в положительных образцах, подтверждая вирусную природу полученного продукта.Таким образом, на основе анализа генетической изменчивости ToRSV был определен консервативный участок сегмента RNA1 и разработан специфичный праймер-зондовый набор для его детекции. Апробация на 103 образцах растений томата продемонстрировала специфическую амплификацию и возможность выявления ToRSV как в растительном материале.

Исследование было профинансировано Министерством сельского хозяйства Республики Казахстан в рамках целевой программы финансирования BR22887230 «Создание эффективной системы управления численностью популяций карантинных вредных организмов, ограничено распространенных на территории Республики Казахстан».

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И СЕЛЕКЦИОННЫЕ СТРАТЕГИИ ПОВЫШЕНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ ПШЕНИЦЫ К ГРИБНЫМ ЗАБОЛЕВАНИЯМ В КАЗАХСТАНЕ

С.Б. Дубекова, Р.С. Ержебаева, А.Т. Сарбаев, М.А. Есимбекова, Ш.С. Рсалиев, А.К.Есеркенов
Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства, Алмалыбак, Казахстан
e-mail: dubekovasaltanat41@gmail.com

Ржавчинные заболевания и головня относятся к наиболее вредоносным грибным болезням пшеницы, способным существенно снижать урожайность и качество зерна. В условиях Казахстана интенсивность их развития значительно варьирует в зависимости от погодных условий и устойчивости возделываемых сортов. Особенно актуальна проблема для экологически устойчивого производства, где ограничено применение химических средств защиты растений. В связи с этим использование устойчивых генотипов является одним из наиболее эффективных направлений защиты сельскохозяйственных культур от грибных заболеваний. Целью исследования является выявление перспективных генотипов пшеницы, устойчивых к грибным заболеваниям, на основе сочетания фенотипического и молекулярного скрининга. В различных экспериментах проводился скрининг материала пшеницы отечественной и зарубежной селекции, включавшего селекционные и коллекционные линии. Изучалась устойчивость к жёлтой ржавчине (*Puccinia striiformis*), бурой ржавчине (*Puccinia triticina*), стеблевой ржавчине (*Puccinia graminis*) и твёрдой головне, вызываемой видами рода *Tilletia*. Фенотипическая оценка проведена по степени поражения, типу реакции и коэффициенту инфекции. Для определения генетической основы устойчивости применялись молекулярные маркеры, ассоциированные с генами устойчивости к ржавчинным заболеваниям (*Yr5, Yr10, Yr15, Lr9, Lr34/Yr18, Lr37/Yr17*) и твёрдой головне (*Bt8, Bt9, Bt10, Bt11, Bt12*), а также KASP-маркеры, ассоциированные с QTL устойчивости. Интеграция фенотипических и молекулярных данных позволила выявить линии, устойчивые к жёлтой ржавчине и твёрдой головне, и определить у них аллели, ассоциированные с устойчивостью. Особый интерес представляют генотипы, сочетающие высокую устойчивость одновременно к ржавчинным заболеваниям и твёрдой головне, что повышает их селекционную ценность. При изучении гибридных популяций пшеницы F2–F5 выявлено достоверное влияние генотипа на коэффициент инфекции ($p < 0{,}001$). Линии поколения F5 характеризовались более низким уровнем поражения, что свидетельствует о результативности направленного отбора на устойчивость. Ген *Yr5* выявлен у значительной части изученных генотипов и был связан с высоким уровнем устойчивости к жёлтой ржавчине; *Yr10* встречался реже, тогда как *Yr15* и *Yr18* были выявлены у отдельных линий. Были выделены высокоустойчивые формы с коэффициентом инфекции CI = 0 – 1. Полученные результаты свидетельствуют о наличии в изученном материале значительного генетического потенциала устойчивости к комплексу наиболее опасных грибных заболеваний пшеницы. Использование молекулярных маркеров в сочетании с фенотипической оценкой создаёт возможности для комбинирования различных генов устойчивости и формирования более длительной и эффективной защиты растений. Особое значение данный подход приобретает для органического производства, где устойчивость сортов является основой экологически безопасного контроля заболеваний. Таким образом, комплексное применение фенотипического скрининга, молекулярно-маркерного анализа и полевой валидации является эффективным подходом для выявления генотипов, устойчивых к грибным заболеваниям. Выделенные линии представляют ценный исходный материал для дальнейшей селекции устойчивых сортов пшеницы, адаптированных к условиям Казахстана и перспективных для устойчивого сельскохозяйственного производства.

RNP-ОПОСРЕДОВАННОЕ РЕДАКТИРОВАНИЕ ГЕНА DMR6 В ПРОТОПЛАСТАХ *BRASSICA NAPUS* L.

С.А. Дубовой[1,2], М.А. Евтеева[1], А.А. Кузьминкова[1]
[1]Национальный исследовательский центр "Курчатовский институт", Москва, Россия
[2]Московский физико-технический институт, Долгопрудный, Россия
e-mail: sdubovou@gmail.com

Геномное редактирование является эффективным подходом для получения растений с заданными свойствами. Доставка рибонуклеопротеиновых (RNP) комплексов SpCas9 в протопласты позволяет индуцировать двуцепочечные разрывы ДНК без введения ДНК-конструкций и тем самым избежать возможной интеграции в геном последовательностей, кодирующих компоненты системы редактирования. Салициловая кислота (SA) является одним из ключевых регуляторов иммунных реакций растений, включая системную приобретенную устойчивость. Гомеологи гена *DMR6* кодирует салицилат-5-гидроксилазу (S5H), участвующую в поддержании гомеостаза SA путем ее превращения в 2,5-дигидроксибензойную кислоту. Инактивация *DMR6* у ряда видов растений сопровождается повышением содержания SA и усилением устойчивости к отдельным патогенам, что позволяет рассматривать гомологи *DMR6* как потенциальные мишени для редактирования. Целью настоящей работы является оценка возможности осуществления RNP-опосредованного редактирования гена *DMR6* в протопластах *B. napus*, путем внесения инделов в третий экзон гена и/или делеции участка экзона длиной 167 н.п., содержащего нуклеотидную последовательность каталитического ядра S5H. Для трансформации использовался 1 мл суспензии, содержащей 1×10^6 протопластов *B. napus*, полученных ферментативным методом. Протопласты подвергали PEG-опосредованной трансформации с добавлением 100 мкг комплексов SpCas9-sgRNA. Через 24 ч из протопластов выделяли геномную ДНК с использованием набора D-Plant (Biolabmix). Методом ПЦР амплифицировали фрагмент третьего экзона гена *DMR6*, содержащий целевые сайты направляющих РНК. Из полученных ампликонов готовили библиотеки для высокопроизводительного секвенирования на платформе Illumina NovaSeq 6000.По результатам анализа данных секвенирования в области предполагаемого сайта расщепления, соответствующего второй направляющей РНК, выявлено менее 1% уникальных выравненных прочтений с MAPQ $\geq$ 30, содержащих короткие инсерции или делеции. Кроме того, обнаружены единичные выравнивания, структура которых согласуется с делецией участка между двумя целевыми сайтами. Полученные результаты свидетельствуют об RNP-опосредованном мутагенезе гомеологов *DMR6* в протопластах *B. napus* и подтверждают возможность применения данного подхода для дальнейшего получения редактированных форм рапса.

Работа проведена в рамках выполнения государственного задания НИЦ «Курчатовский институт».

РАЦИОНАЛЬНЫЙ ДИЗАЙН РЕДАКТОРА TNPB ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ ЭФФЕКТИВНОСТИ РЕДАКТИРОВАНИЯ РАСТЕНИЙ

Е.Д. Камараули[1*], А.В. Полховский[1], И.В. Киров[1,2]
[1]Московский физико-технический институт, Московская область, Россия
[2]Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия
e-mail: Kamarauli.ed@phystech.edu

Геномное редактирование произвело революцию в биологии эукариот, особенно в исследовании растений [1]. Быстрое развитие данного направления во многом связано с поиском и применением новых технологий доставки редакторов, что является довольно сложной задачей. Применение вирусных векторов для доставки помогло преодолеть значительное количество трудностей, однако ограничило размер доставляемого редактора [2]. В связи с этим в последнее время ведутся активные исследования в области поиска новых эффективных редакторов небольшого размера. Очень перспективными кандидатами являются редакторы на основе транспозонов, а именно TnpB-белки. TnpB – класс ультракомпактных РНК-направляемых эндонуклеаз размером примерно 400 аминокислот [3]. Несмотря на удобство размера, данные редакторы показали умеренную эффективность на растениях *Arabidopsis thaliana*, а также на других растительных объектах. В связи с этим исследования в области повышения активности редакторов являются особенно актуальными. Структурный анализ и методы компьютерного моделирования позволили предсказать мутации, влияющие на эффективность редактирования [4]. В данной работе с помощью сайт-направленного мутагенеза было получено несколько новых вариантов редактора класса TnpB, несущих различные мутации, которые позволили значительно повысить эффективность соматического редактирования гена CHLI1 растения *Arabidopsis thaliana*. С помощью нанопорового секвенирования удалось установить вариативность размеров делеций в зависимости от мутаций. На основании сравнительного анализа были отобраны наиболее эффективные варианты редактора, позволяющие получать редактированные модельные и сельскохозяйственные растения в короткие сроки.

1. Tuncel, A., Pan, C., Clem, J.S. et al. CRISPR–Cas applications in agriculture and plant research. Nat Rev Mol Cell Biol 26, 419–441 (2025). https://doi.org/10.1038/s41580-025-00834-3
2. Weiss, T., Kamalu, M., Shi, H. et al. Viral delivery of an RNA-guided genome editor for transgene-free germline editing in Arabidopsis. Nat. Plants 11, 967–976 (2025). https://doi.org/10.1038/s41477-025-01989-9
3. Karvelis, T., Druteika, G., Bigelyte, G. et al. Transposon-associated TnpB is a programmable RNA-guided DNA endonuclease. Nature 599, 692–696 (2021). https://doi.org/10.1038/s41586-021-04058-1
4. Thornton B. W. et al. Mutational scanning of TnpB reveals latent activity for genome editing //bioRxiv (2025). https://doi.org/10.1101/2025.02.11.637750

Исследование выполнено в рамках программы «Приоритет 2030» (Соглашение №. 075-15-2025-203 от 08.04.2025).

CRISPR/CAS9 РЕДАКТИРОВАНИЕ ГЕНА *OST2* ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ КАРТОФЕЛЯ

Б.Р. Қали, Ш.А. Манабаева
Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан
e-mail: manabayeva@biocenter.kz

Засуха является одной из наиболее серьезных угроз для сельского хозяйства, существенно снижая рост и продуктивность растений. Картофель (*Solanum tuberosum* L.), занимающий четвертое место в мировом производстве после пшеницы, риса и кукурузы, особенно чувствителен к водному дефициту. Ген *OST2* (Open Stomata 2) кодирует плазматическую H^+-АТФазу, участвующую в регуляции ионного гомеостаза, клеточного тургора и устьичных реакций. При водном дефиците повышение уровня абсцизовой кислоты сигнальные процессы, приводящие к снижению тургора замыкающих клеток и закрытию устьиц. Предполагается, что направленное изменение активности *OST2* с помощью технологии CRISPR/Cas9 может влиять на скорость закрытия устьиц, транспирационные потери воды и устойчивость растений к засухе. В связи с этим *OST2* представляет интерес как потенциальная молекулярная мишень для изучения механизмов адаптации картофеля к водному дефициту. Целью исследования являлись разработка CRISPR/Cas9-конструкции, направленной на редактирование гена *OST2* и сравнительная оценка способов ее доставки в клетки картофеля сортов Аксор и Тохтар. На первом этапе проведён биоинформатический анализ генома тетраплоидного картофеля, в результате которого в качестве мишени для геномного редактирования был выбран ген *OST2*. Последовательности, кодирующие направляющие РНК, клонировали в промежуточный вектор pEn-Chimera, после чего полученные гидРНК кассету клонировали переносили с использованием технологии Gateway в бинарный экспрессионный вектор pMR287, содержащий компоненты CRISPR/Cas9. Для доставки конструкций в клетки растений применяли два подхода: стандартную *Agrobacterium*-опосредованную трансформацию стеблевых эксплантов и метод Fast-treated *Agrobacterium* co-culture с использованием междоузлий картофеля. Частоту регенерации оценивали по доле эксплантов, сформировавших регенерантов, а наличие последовательности Cas9 в полученных растениях выявляли методом ПЦР. Частота регенерации трансформированных эксплантов сорта Аксор составила 31,34 % при *Agrobacterium*-опосредованной трансформации и 26,39 % при использовании Fast-метода. У сорта Тохтар соответствующие показатели составили 25,59 и 28,30 %. По результатам ПЦР-скрининг доля Cas9-положительных регенерантов, полученных методом при *Agrobacterium*-опосредованной трансформации, составила 3,6 % у сорта Аксор и 3,5 % у сорта Тохтар. При использовании Fast-treated *Agrobacterium* co-culture данный показатель увеличился до 23,5% и 21,7 % соответственно. Для характеристики полученных растений был проведён RT-qPCR-анализ экспрессии гена *OST2*, а также определены содержание хлорофилла, активность каталазы и уровень малонового диальдегида (МДА). В условиях PEG-индуцированного осмотического стресса содержание хлорофилла у линий 23F, 28F и O69 составляло 28,9, 27,8 и 40,0 мг/г сырой массы соответственно. Наибольшая активность каталазы была выявлена у линий 28F, 23F и O72 и составила соответственно 56,5, 45,6 и 42,2 мкмоль $H_2O_2 \cdot мин^{-1} \cdot г^{-1}$ сырой массы. Минимальный уровень МДА отмечен у линии 48F - 0,1, тогда как, а у линий 28F и O69 данный показатель составил 0,2 нмоль/г сырой массы. Относительный уровень экспрессии гена *OST2* варьировал от 0,12 до 0,86, при этом минимальные значения выявлены у линий 48F и O41.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ РАСЫ ВОЗБУДИТЕЛЯ ЛОЖНОЙ МУЧНИСТОЙ РОСЫ (*PLASMOPARA HALSTEDII)* И ОЦЕНКА УСТОЙЧИВОСТИ ГИБРИДОВ ПОДСОЛНЕЧНИКА

А.О. Рахимжанова[1], Т.С. Хоснутдинова[1], Ж.Р. Кали[2], Ш.А. Манабаева[1,2], М.Ю. Сутула[1]
[1]Лаборатория генетической инженерии растений, Национальный центр биотехнологии, г. Астана, Казахстан
[2]Евразийский Национальный университет им. Л.Н. Гумилева, г. Астана, Казахстан
e-mail: m.sutula@biocenter.kz

Подсолнечник (*Helianthus annuus* L.) – четвертая по значимости масличная культура в мире, преимущественно выращиваемая в умеренных и полусухих регионах. Подсолнечник является диплоидным видом (2n = 2x = 34), имеет средний размер генома около 3500 Мбп и среднее содержание ДНК (2C), равное 7,3 пг. Одним из основных факторов, ограничивающих продуктивность подсолнечника, являются инфекционные заболевания, среди которых особое значение имеет ложная мучнистая роса (ЛМР), вызываемая оомицетом *Plasmopara halstedii*. Заболевание характеризуется задержкой роста, сокращением междоузлий, обесцвечиванием листьев и формированием корзинок с недоразвитыми семенами, а при благоприятных условиях развития патогена потери урожая могут достигать 50–90%. Способность *P. halstedii* длительное время сохраняться в почве способствует распространению заболевания. В связи с этим одним из наиболее эффективных подходов к контролю заболевания является создание и внедрение устойчивых гибридов подсолнечника. Целью исследования были молекулярная идентификация изолята *P. halstedii* и оценка устойчивости гибридов подсолнечника к расе 330. В исследовании использовали изолят *P. halstedii*, выделенный из поражённых растений подсолнечника на территории Восточно-Казахстанской области, а также 70 гибридов казахстанской селекции. Первичная идентификация патогена проведена с использованием фитопатологического и микроскопического методов. Для молекулярной идентификации изолята выделяли геномную ДНК CTAB-методом, проводили ПЦР-амплификацию участка 28S рДНК и последующее секвенирование. Концентрацию и качество выделенной ДНК оценивали спектрофотометрически. Расовую принадлежность *P. halstedii* определяли методом искусственного заражения с использованием международного набора из 9 дифференциальных линий подсолнечника. Устойчивость гибридов оценивали по фенотипической реакции растений на заражение и наличию спороношения патогена. Из поражённых растений подсолнечника, отобранных в Восточно-Казахстанской области, выделен изолят *Plasmopara halstedii*. Видовая принадлежность изолята подтверждена ПЦР-амплификацией и секвенированием участка 28S рДНК. На основании фенотипических реакций девяти дифференциальных линий подсолнечника изолят идентифицирован как раса 330 *P. halstedii*. Проведён скрининг 70 гибридов подсолнечника казахстанской селекции на устойчивость к расе 330. Выявленные устойчивые и восприимчивые генотипы подсолнечника были генотипированы методом GBS и будут использованы для проведения GWAS с целью выявления SNP-маркеров, ассоциированных с устойчивостью к расе 330 *P. halstedii*.

Данное исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан в рамках грантового финансирования AP26198457.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА СОРТООБРАЗЦОВ РИСА С РАЗЛИЧНОЙ ОКРАСКОЙ ПЕРИКАРПА ПО ГЕНАМ КАЧЕСТВА ЗЕРНА *WX* И *SSIIA*

И.Э. Сартбаева[1], Б.Н. Усенбеков[1,2], А.К. Амирова[1,2], Д.О. Мынбаева[1], Т.А. Курбангалиева[1], Б.А. Нурлыбай[1], Н.Н. Усенбеков[1]
[1]Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан
[2]Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
e-mail: abibulla.innabat@gmail.com

Направленное создание сортов риса нового поколения с заданными технологическими и кулинарными свойствами является одним из приоритетных направлений современной маркер-ориентированной селекции. Ключевую роль в формировании качества зерна играют гены *Wx* (*Waxy*), контролирующий синтез амилозы, и *SSIIa* (*alk*), определяющий структуру амилопектина и температуру клейстеризации. Целью исследования было изучение полиморфизма генов качества зерна *Wx* и *SSIIa* в сочетании с оценкой содержания амилозы у перспективных линий риса казахстанской селекции. Объектом исследования служили 9 родительских сортов риса (Yir 5815, Bakanassky, Marjan, Yantar, Mavr, Kurchanka, Black Rice, Biola), 19 межсортовых гибридных линий поколений F_7-F_8 и две линии удвоенных гаплоидов (DH_2). Содержание амилозы определяли колориметрическим методом Джулиано. Генотипирование проводили методом ПЦР с использованием функционального маркера Glu23, SNP-маркеров локуса *Wx* (In1, Ex6, Ex10) и маркера локуса *SSIIa*. Биохимический анализ показал, что содержание амилозы в исследованном материале варьировало от 0,1 до 33,0%. Маркер Glu23 четко дифференцировал образцы на глютинозные (аллель *wx*, амилоза 0,1-2,6%) и амилозные (аллель *Wx*, амилоза 10,8-33,0%). Аллель *wx* выявлен у родительских сортов Black Rice, Biola, а также у большинства гибридных линий на основе Black Rice, включая линию DH_2 Black Rice/Bakanassky. Анализ SNP-маркеров локуса *Wx* выявил три основных гаплотипа: GAT, TCC и TAC. Уникальный гаплотип GAT установлен только у высокоамилозного сорта Mavr (33,0% амилозы). Гаплотип TCC идентифицирован у глютинозных сортов Black Rice и Biola, а также у отдельных гибридов с участием Black Rice. У большинства изученных сортов и гибридных линий со средним и низким уровнем амилозы (10,8-27,5%), включая гибриды на основе сорта Mavr, образцы с окрашенным перикарпом и линию DH_2 Yir 5815/Marjan, установлен гаплотип TAC. Изучение полиморфизма локуса *SSIIa* (*alk*) выявило два аллельных состояния – TT и GC, определяющих температуру клейстеризации крахмала. Аллель GC, ассоциированный с высокой и средней температурой клейстеризации, установлен у сортов Marjan, Biola и гибридных линий с их участием. Аллельный вариант TT, определяющий низкую температуру клейстеризации, выявлен у сортов Yir 5815, Bakanassky, Yantar, Mavr, Kurchanka, Black Rice и большинства гибридных линий независимо от уровня амилозы. Таким образом, комплексное генотипирование по генам *Wx* и *SSIIa* позволило дифференцировать селекционный материал на четкие генетические группы, ассоциированные с уровнем амилозы и типом клейстеризации крахмала. Функциональный маркер Glu23 подтвердил свою эффективность для отбора глютинозных линий (аллель *wx*), а выявление гаплотипов GAT, TCC и TAC по локусу *Wx* в комбинации с аллелями TT/GC гена *SSIIa* открывает возможности для направленного конструирования сортов риса с заданными технологическими и кулинарными свойствами зерна.

Исследование было профинансировано Министерством сельского хозяйства Республики Казахстан в рамках целевой программы финансирования BR22887230 «Изучение молекулярно-генетических основ повышения урожайности и улучшения качества зерна риса отечественной селекции».

CONTENT / СОДЕРЖАНИЕ

И.Рахимбаев. Биотехнология растений в Казахстане: зарождение, становление, развитие и перспективы…… 4

PLENARY SESSION

ПЛЕНАРНЫЕ ДОКЛАДЫ

F. Sh. Baloch, N. L. Yahaya, P. Mortazavi, M. A. Nadeem. From green revolution to gene revolution: a pathway towards agricultural sustainability…….. 7

A.M. Kokhmetova, Y.V. Zeleneva, M.T. Kumarbayeva, A.A. Bolatbekova, Z.S. Keishilov, M.N. Nurzhuma, As. M. Kokhmetova, K.S. Mukhametzhanov, K. Bakhytuly. Gwas-based identification of genetic factors for septoria blotch resistance in wheat……. 8

I.V. Mitrofanova. Modern biotechnological and genomic investigation of horticultural plants… 9

J. Sedlák, B. Krška, M. Marklová, R. Čmejla. Fruit genetic resources as living archives of Eurasian history: from domestication and human migration to molecular characterization and conservation……. 10

Sharad Tiwari. DNA barcoding: a molecular frontier for biodiversity conservation and trade regulation……. 11

Yerlan Turuspekov. Perspectives for genomic breeding of agricultural crops in Kazakhstan….. 12

Н.К. Бишимбаева. Цитофизиологические закономерности соматического эмбриогенеза в длительно культивируемых тканях зерновых – основа биотехнологии создания биопрепаратов…… 13

Т.А. Горшкова. Фундаментальные аспекты биологии растительной клеточной стенки как динамичной структуры с высоким потенциалом использования в биоэкономике……. 14

К.Ж. Жамбакин, А.К. Даурова. Гаплоидная биотехнология для создания селекционно-ценного исходного материала рапса…… 15

С.В. Кушнаренко, Н.К. Рымханова, У.А. Манапканова, Н.В. Ромаданова, Т.Т. Турдиев, И.Р. Рахимбаев. Криобиотехнология для сохранения биоразнообразия и рационального использования растительных ресурсов Казахстана……... 16

Ш.А. Манабаева. Интеграция клеточных, генетических и геномных технологий: достижения и перспективы биотехнологии растений……..... 17

А. Моргунов, Т. Шелаева, В. Чудинов, Е. Федоренко, М. Есимбекова, К. Ермекбаев, Б. Акин, В. Шаманин, Т. Савин. Генетические ресурсы озимой пшеницы для возделывания севернее 50° северной широты……..… 18

А.М. Носов. Специфика культур клеток высших растений как источника биологически-активных соединений – вторичных метаболитов……... 19

Е.А. Рогожин. Пептиды растительного иммунитета: фундаментальные и прикладные аспекты…… 20

Г.Т. Ситпаева. Растительный мир Казахстана в фокусе современной науки: от фундаментальных исследований к цифровым технологиям…….. 21

SECTION 1. GENETIC RESOURCES, BIODIVERSITY AND PLANT BREEDING

СЕКЦИЯ 1. ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ, БИОРАЗНООБРАЗИЕ И СЕЛЕКЦИЯ РАСТЕНИЙ

ORAL SESSION/УСТНЫЕ ДОКЛАДЫ

M. Ramazanova, A. Orken, N. Zhumabay, S. Makhmadjanov, Sh. Manabayeva, D. Tussipkan. Screening Kazakhstan cotton germplasm for salt and drought tolerance using key phenotypic traits…… 23

D. Tussipkan, N. Zhumabay, S. Makhmadjanov, M. Ramazanova, A. Orken, Sh. Manabayeva. Field screening of upland cotton germplasm for early maturity and yield in southern Kazakhstan……... 24

Yengkhom Tunginba Singh. Integrating *in vitro* and in silico studies to investigate the bioactive compounds of *Lobelia angulate* from northeast India against stomach cancer…… 25
Rashmi Yadav, Harinder Vishwakarma, Rakesh Bhardwaj, Jai Chand Rana. Scaling participatory varietal evaluation through tricot: crowdsourced multi-environment testing across diverse agro-ecologies in India…….. 26
Jinmei Zhang. Coordinated membrane lipid turnover accompanies successful cryopreservation of apple dormant buds at 30% moisture…… 27
Х.И. Бободжанова. Сохранение агробиоразнообразия в коллеции *in vitro*…….. 28
О.В. Ворошнина, **Ю.В. Ухатова.** Влияние криопротектора на уровень посткриогенной регенерации апексов картофеля…… 29
К.К. Дүйсенова, Т.Т. Турдиев, К.Ы. Шалабаев. Разработка протокола микроклонального размножения миндаля обыкновеннного (*Amygdalus Communis* L.) как перспективной орехоплодной культуры……...…….. 30
К.Б. Емешева, Т.Т. Турдиев. Разработка протокола введения в культуру *in vitro* и микроклонального размножения фисташки настоящей (*Pistacia vera* L.)……. 31
Ж.Т. Жаныбекова, А.П. Муранец, Ж.А. Токбергенова, Д. Шарипова, А.А. Какимжанова. Оценка устойчивости сортов картофеля к возбудителям сухой фузариозной гнили…….. 32
М.Ю. Ишмуратова, С.У. Тлеукенова, А.Г. Жумина. Оценка антиоксидантной и цитотоксической активности экстрактов на основе нетрадиционных лекарственных растений…… 33
А.М. Казамбаева, С.С. Есенгалиева, Г.А. Айешева, К.У. Гумарова. Оценка состояния пастбищной растительности в ареале Уральской популяции сайгака на основе NDVI... 34
А.А. Какимжанова, С.С. Исламова, Д.А. Дюсембекова, Б.Д. Садакова. Сохранение генетического разнообразия *Amygdalus ledebouriana* с использованием биотехнологических методов……. 35
О.Ю. Кремнева. Использование спороулавливающих устройств для оценки развития листовых болезней на разных по восприимчивости сортах пшеницы озимой……. 36
Е.Ю. Невоструева, О.А. Киселева, М.В. Модоров. Выявление источников устойчивости к RBDV в генетической коллекции малины на среднем Урале…….. 37
Н.В. Ромаданова, А.С. Земцова, Н.А. Алтаева, Н.А. Артимович, С.В. Кушнаренко. Редкие и исчезающие виды семейства *Rosaceae*: интегрированные подходы к сохранению *ex situ*, геоботанические и молекулярно-генетические исследования, гис-картирование ареалов и восстановление деградирующих популяций…… 38
Н.К. Рымханова, У.А. Манапканова, Jiří Sedlák, С.В. Кушнаренко. Дикорастущие и культурные образцы *Fragaria vesca* L. и *Rubus idaeus* L. Казахстана: фенотипическое разнообразие, вирусологическая диагностика и оздоровление растений в четырёх областях…….. 39
А.Б. Толеген, Н.А. Алтаева, А.С. Земцова, Н.А. Артимович, С.В. Кушнаренко, Н.В. Ромаданова. Оценка состояния природных популяций *Rosa* spp. и разработка эффективных методов стратификации и скарификации семян для инициации культуры *in vitro*……. 40
Т.Т. Турдиев, К.Б. Емешева, Н.В. Михайленко,З.Т. Туйгунов, К.К. Дүйсенова, И.Ю. Ковальчук, С.В. Кушнаренко. Сохранение и размножение реликтового туранга-тополя *Populus pruinosa* Schrenk для использования в научных целях и в практике лесоразведения…….. 41
POSTER SESSION/ПОСТЕРНЫЕ ДОКЛАДЫ
S.I. Abugalieva, S.S. Almerekova, M.M. Yermagambetova, Y.K. Turuspekov. Genetic diversity of selected genera of the Kazakhstan's flora…… 42

S. Almerekova, M. Yermagambetova, S. Abugalieva, Y. Turuspekov. Comparative chloroplast genomics, divergence-time estimation, and biogeography of *Iris* species from Kazakhstan…… 43
D.A. Issayeva. Bacterial microbiome responses in post-fire plant communities of the Amankaragai pine forest, Kazakhstan…….. 44
S.Kh. Turemuratova, M.M. Yermagambetova, A.I. Amalova, S.N. Anuarbek. Genetic diversity of *Aegilops tauschii* Coss. natural populations in Kazakhstan…….. 45
Н.А. Алтаева, А.С. Земцова, А.Б. Толеген, С.В. Кушнаренко, Н.В. Ромаданова. Создание *in vitro* и криогенных коллекций как биотехнологический подход к сохранению редкого и исчезающего вида *Sorbus persica* Hedl…….. 46
Н.А. Бахронов. Культура граната в условиях горного бадахшана Республики Таджикистан…… 47
М.А. Есимбекова, Б.Ш. Алимгазинова, К.Б. Мукин, К.Б. Джиенбаева, Т. Б. Таменов, Д.Г. Таджибаев, Б.М. Башабаева. Цифровые технологии в мониторинге генофонда озимой пшеницы на юго-востоке Казахстана…….. 48
А.С. Земцова, Н.А. Алтаева, Н.А. Артимович, С.В. Кушнаренко, Н.В. Ромаданова. Разработка методов долгосрочного сохранения *Crataegus ambigua* посредством криоконсервации изолированных зародышевых осей……. 49
И. Ковальчук, Б. Кабылбекова, Ж. Айтымбет, М. Аскарова, З. Юсупова, А.Сейсенова, Д. Калдыбаева, С. Солтанбеков, А. Маденова. Генетическая паспортизация клоновых подвоев яблони на основе SSR-генотипирования…… 50
А.К. Маденова, Д. Калдыбаева, Б. Кабылбекова, С. Солтанбеков, Ж. Айтымбет. Молекулярно-генетическая диагностика вирусных инфекций семечковых культур в Казахстане…… 51
А.С. Фелалиев, З.Д. Шомамадова, З.С. Холдорбеков. Редкие и исчезающие плодовые породы памира – Таджикистана…… 52
SECTION 2. PLANT PHYSIOLOGY, BIOCHEMISTRY AND BIOTECHNOLOGY
СЕКЦИЯ 2. ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, БИОХИМИЯ И БИОТЕХНОЛОГИЯ.
ORAL SESSION/УСТНЫЕ ДОКЛАДЫ
Bouchra Ikram Adja, E.G. Kovaleva, Kinan Darkazanli. From chili pepper to bioactive compound: green biotechnological approaches for capsaicin extraction and characterization 54
B.B. Anapiyayev, K.M. Iskakova, I.R. Rakhimbayev. Haploid biotechnology of cereal crops…… 55
Abdul Basit, Alia Gul, Ikramullah Khan. Phytochemical screening and bioactivities of *Dryopteris ramosa* (hope) c.chr…….. 56
S. Eliby, E. Maltseva, G. Iskakova, G. Ismagulova, N. Bishimbayeva, I. Rakhimbayev, G. Kylyshbaeva, N. Borisjuk, P. Langridge. Genetically modified plants: from cisgenesis to genome editing……... 57
T.A. Krasinskaya. Estimation of regenerative potential of hazelnut cultivars of Belarussian and European breeding at the initiation of *in vitro* culture……. 58
A. Orken, S.A. Manabaeva. Biologically active compounds in the needles and berry-like cones of *Juniperus seravschanica*…….. 59
Л.С. Абеуова, Ш.А. Манабаева. Геномное редактирование генов-регуляторов развития устьиц как подход к изучению засухоустойчивости картофеля……... 60
А.А. Боровик, К.Р. Кем, П.А. Небышинец. Влияние предпосевной инкрустации семян сахарной свеклы брассиностероидами на морфометрические показатели растений на начальных этапах онтогенеза…….. 61
А.Ю. Величко, Е.В. Амброс, В.В. Величко, Д.С. Круглов, О.Ю. Васильева. Современные подходы к интродукции и клональному микроразмножению *Lithospermum officinale* L. с оценкой гидроксикоричных кислот…… 62

И.М. Кайгородова, Е.Г. Козарь, В.Г. Грязнов, С.Ю. Хаширова, А.С. Шабаев. Протекторная функция эми «тор» в условиях засоления…… 63
Н.В. Купаева, М.Д. Нестерова. Альтернативные источники растительных антиоксидантов: от сырья к биотехнологическим пищевым модулям…….. 64
И.М. Михель, В.С. Агеева, Е.А. Рогожин. Криптические антимикробные пептиды из семян нигеллы посевной (*Nigella sativa* l.) Как результат ограниченного протеолиза функциональных белков……. 65
О.И. Молканова, Е.Н. Раева-Богословская, И.Л. Крахмалева, И.В. Митрофанова. Особенности культивирования *in vitro* представителей рода *Chaenomeles* Lindl……. 66
В.К. Мурсалиева, Н.Г. Гемеджиева, Т.М. Муханов, Г.Т. Джакибаева, Б.Т. Сәрсенбек, А.Т. Алғазы. Сапониносодержащие растения *Gypsophila* L. и *Acanthophyllum* C. A. Mey. (сем. *Caryophyllaceae*) юга Казахстана как перспективные источники сырья для получения биопрепаратов…….. 67
А.С. Муртазина, А.С. Тарабаева, H. Boulaiz, A. Valledor, G. McDougall, Т.А. Горшкова, П.В. Микшина, Н.Н. Ибрагимова, Н.К. Бишимбаева. Полисахариды культуры клеток пшеницы: противоопухолевый и иммуномодулирующий потенциал *in vitro* …….. 68
А.А. Нуржанова, А.С. Нурмагамбетова, Ж.Е. Жумашева, А.А. Мамирова. Влияние биочара на физиолого-биохимические показатели и фиторемедиационный потенциал *Miscanthus* × *giganteus* при загрязнении почвы тяжелыми металлами…….. 69
И.А. Овчиннико, Ж.Н. Калацкая, В.В. Николайчук. Влияние конъюгатов хитозана с кофейной и галловой кислотами на физиолого-биохимические показатели проростков огурца в оптимальных и стрессовых условиях выращивания…… 70
А.А. Рубаева, Е.Г. Шерудило, И.А. Лёвкин, Т.Г. Шибаева. Восстановление листьев после повреждений, вызванных круглосуточным освещением……. 71
А.А. Середа, Е.Р. Никонорова, С.А. Бондарев, Г.В. Адамов, Т.А. Кроль. Изучение закономерностей динамики активности ферментов шикиматного пути и продуктов его биосинтеза в листьях *Cornus sericea*……... 72
А.Ю. Степанова, А.И. Соловьева. Коллекция бородатых корней *Scutellaria* spp. – основа для метаболической инженерии флавонов……... 73
З.У. Усманова, С.А. Саидов. Перспективы практического применения *Lactuca serriola* L. как источника биологически активных соединений…….. 74
Т.Г. Шибаева, Е.Г. Шерудило, И.А. Нилова, А.А. Рубаева, И.А. Лёвкин, А.Ф. Титов. Фотопериодический стресс у растений и новые возможности для повышения энергоэффективности агротехнологий……. 75
POSTER SESSION/ПОСТЕРНЫЕ ДОКЛАДЫ
B.E. Ertaeva, A.K. Amirova, N.K. Bishimbayeva. Cytophysiological investigation of callus tissues in Kazakh cotton varieties…… 76
T. Kurbangaliyeva, B. Usenbekov, I. Sartbayeva, A. Amirova. Anther culture as a biotechnological platform for accelerated rice breeding…….. 77
A. Rizbekova, G.I. Aitugan, G. Yernazarova, S.K. Turasheva, A. Alibek, G. Zhumash, Nurlanova. Synbiotic feed composition based on the microalgae *Chlorella* sp., *Scenedesmus* sp. And *Lactobacillus* spp. as a promising additive for animal husbandry…... 78
N.V. Terletskaya, L.S. Samarina, N.K. Korbozova. Reprogramming metabolism in *Ginkgo biloba* microclones under cold and heat stress……. 79
B. Usenbekov, A. Amirova, I. Sartbayeva, D. Mynbayeva, T. Kurbangaliyeva. Obtaining doubled haploids of rice *in vitro* anther culture…… 80
A. Zatybekov, Y. Genievskaya, M. Almukhamed, P. Zhao, S. Abugalieva, Y. Turuspekov. Biochemical profiling of *Agriophyllum squarrosum* populations from Kazakhstan…… 81

А. Абдуллаев, Н.А. Маниязова. Морфофизиологические показатели и структура урожая *Phaseolus acutifolius* A. Gray (Украина) в условиях засухи…… 82
К.Б. Балгабай, Б.У. Ускенбаев. Бионанокомпозитная матрица на основе хитозана и прополиса как биоразлагаемая платформа для доставки фитоактивных компонентов: концепция экологичного медицинского пластыря…….. 83
А.А. Батукаев, Л.К. Адымханов, М.С. Батукаев. Оздоровление винограда в культуре *in vitro*…… 84
А.А. Батукаев, Б.Х. Асхабов. Совершенствование технологических приемов оздоровления земляники садовой на этапе введения *in vitro*……. 85
Н.К. Бишимбаева, А.К. Амирова, И.Х. Сартбаева, И.А. Нурпеисов, Г.А. Середа, Л.В. Бекенова, И.Р. Гусейнов, С.И. Умирзаков, А.Т. Сарбаев, М.К. Койшибаев, И.Р. Рахимбаев. Клеточная технология создания биопрепаратов нового поколения для повышения урожайности и устойчивости с/х культур……... 86
П.Б.Жылқышы, З.Ғ.Айташева, С.Б.Дәулетбаева. Қазақстанның Алматы облысында өсірілетін эспарцет (*Onobrychis viciifolia* Scop.) сорт үлгілерінің өнімділігін бағалау 87
Н.В. Михайленко, Т.Т. Турдиев, Н.Қ. Рымханова, Ұ.А. Манапканова, К.К. Дүйсенова, К.Б. Емешева, С.В. Кушнаренко. Регенерация сортов малины (*Rubus idaeus* L.) в культуре *in vitro* и адаптация к тепличным условиям……. 88
А.Б. Рахымгожина, С.Д. Атабаева, А.С. Нурмаханова, С.Ш. Асрандина, С. Асан, А. Рахаткызы. Эффективность коммерческих регуляторов роста растений в снижении стресса, вызванного кадмием, у проростков риса……... 89
К.Р. Сисемали, С.К. Турашева, А.И. Акильбекова, Ж.К. Жардемали, А.Е. Ережепов, Е.А. Киршибаев, С.К. Мухамеджанов, А.Б. Жардемалиева, К.К. Богуспаев. Микроклональное размножение редкого, каучуконосного эндемика тау-сагыз (*Scorzonera tau-saghyz* Lipsch. et Bosse) для восстановления популяции в природе…… 90
Б.К. Тезекбаева, А. Хасейн, Н.П. Малахова. Совершенствование технологии производства коммерчески ценных сортов ежевики (*Rubus* L.)……. 91
З.Т. Туйгунов, Т.Т. Турдиев, К.Б. Емешева, Н.В. Михайленко, К.К. Дуйсенова, И.Ю. Ковальчук, С.В. Кушнаренко. Биотехнологические подходы к размножению туранга-тополя *Populus pruinosa* Schrenk и *Populus euphratica* Oliv *in vitro*……... 92
А. Хасейн, Б. К. Тезекбаева, Н. П. Малахова, Г. А. Сулейманова. Биотехнологические подходы к оздоровлению и микроклональному размножению сортов винограда *Vitis vinifera* L……... 93
Ы.Ш. Шаяхметова, Э.С. Борибай. Анатомо-морфологическая изменчивость доминантных видов растений как индикатор их адаптации к техногенной нагрузке …. 94
SESSION 3. MOLECULAR BIOLOGY AND MODERN GENOMIC TECHNOLOGIES
СЕКЦИЯ 3. МОЛЕКУЛЯРНАЯ БИОЛОГИЯ И СОВРЕМЕННЫЕ ГЕНОМНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ
ORAL SESSION/УСТНЫЕ ДОКЛАДЫ
Zh. Keishilov, A. Kokhmetova, Y. Dutbayev, F. S. Baloch, M. Kumarbayeva, A. Kharipzhanova, A. Bolatbekova, M. Nurzhuma, K. Bakhytuly, As. Kokhmetova, K.Mukhametzhanov. Phytopathological evaluation and structural analysis of spring wheat genotypes for leaf rust (*Puccinia recondita*) resistance in the Kostanay region……... 96
M. Kumarbayeva, A. Kokhmetova, Zh. Keishilov A. Kharipzhanova, A. Bolatbekova, M. Nurzhuma, K. Bakhytuly. Evaluation of fungicide resistance of Pyrenophora tritici-repentis in Kazakhstan using phenotypic and molecular methods…… 97
E.V. Mikhaylova, E.A. Khusnutdinov, M.P. Terekhov, A.A. Galimova, Z.R. Sufyanova, L.R. Khakimova. Mobile sequences in delivery of Crispr/Cas system using BEYDV and TSWV vectors……... 98

M.N. Nurzhuma, A.M. Kokhmetova, M.T. Kumarbayeva, Zh.S. Keishilov, A.A. Bolatbekova, As. Kokhmetova, A. Kharipzhanova, K. Bakhytuly. Morphological diversity of *Juglans regia* l. populations in southern and southeastern Kazakhstan……. 99
Ye. Protsenko, V. Kostyukova, D. Gritsenko, S. Oleychenko. Genetic profiling of local and wild forms of apple (*Malus* spp.) from south-eastern Kazakhstan using SSR markers…… 100
A.V. Vlasova, M. Mardini, D.V. Perevozchikov, A.I. Prokofeva, I.V. Kirov. A simple and robust dual vige–vigs system for genome editing in a. *Thaliana* for functional genomics….. 101
А.Б. Бигалиев, К.З. Шалабаева, А.С. Кулимбетов, Л.М. Адилова, А.Н. Кожахметова. Эколого-генетическая оценка последствий воздействия загрязнения на биоразнообразие радиационно-загрязненных территорий региона западного Казахстана…… 102
Э.С. Борибай. Биохимические маркеры генетической неоднородности дикорастущих популяций конопли (*Cannabis ruderalis* L.) в Казахстане……... 103
Д.А. Гриценко, В.С. Костюкова. Транскриптомный анализ яблони в различных экологических условиях Казахстана……. 104
Н.Б. Жұмабай, М.Б. Рамазанова, А. Өркен, Ш. Хэ, С.П. Махмаджанов, Н.Ж. Жанаталапов, Ш.А. Манабаева, Д. Түсіпқан. Полногеномный поиск SNP-маркеров, ассоциированных с засухоустойчивостью хлопчатника казахстанского генофонда……. 105
У.А. Манапканова, Н.К. Рымханова, С.В. Кушнаренко. Генетический анализ хлоропластных маркеров для дифференциации дикорастущих видов *Prunus*, произрастающих в Казахстане и Узбекистане……. 106
Е. Никонорова, Д. Балеев. Идентификация и структурно-функциональная характеристика изоформ 3-дегидрохинатдегидратазы/шикиматдегидрогеназы *Cornus sericea* L…… 107
Т.В. Нужная, Л.Б. Высотская, Г.В. Шарипова, Т.Н. Архипова, М.Г. Дивашук, Г.Р. Кудоярова. Роль цитокининов в ответе на нитраты у сортов пшеницы, носителей аллельных вариантов гена NLP……. 108
Ю.А. Шаповалов. Управляемые квантово-энергетические процессы световой фазы фотосинтеза……. 109
POSTER SESSION/ПОСТЕРНЫЕ ДОКЛАДЫ
A.Y. Amalova, A. Tanigbergenova. Spring wheat genetic resources combining pre-harvest sprouting resistance with high productivity……. 110
K. Bakhytuly, A.M. Kokhmetova, M.T. Kumarbayeva, Zh.S. Keishilov, N.M. Kovalenko. Field monitoring of wheat tan spot caused by *Pyrenophora tritici-repentis* in northern Kazakhstan……... 111
A. Bolatbekova, A. Kokhmetova, Y. Dutbayev, G. Özer, M. Kumarbayeva, A.Kharipzhanova, M. Nurzhuma, Z. Keishilov, K. Bakhytuly, As. Kokhmetova, K. Mukhametzhanov. Dynamics of common root rot development and its impact on agronomic traits and yield of spring wheat under different cultivation conditions in Kazakhstan…… 112
Y. Genievskaya, A. Maulenbay, A. Zatybekov, S. Abugalieva, A. Gulin, Y. Turuspekov. SSR-based identification of barley scald and net blotch resistance-associated alleles in Kazakh barley germplasm……. 113
A. Kharipzhanova, A. Kokhmetova, M. Kumarbayeva, A. Bolatbekova, M. Nurzhuma, Zh. Keishilov, K. Bakhytuly,As. Kokhmetova, K. Mukhametzhanov. Screening of wheat genotypes for resistance to *Bipolaris sorokiniana* using inocula differing in aggressiveness 114
M. Khusnitdinova, A. Taskuzhina, N. Kerimbek, A. Pozharskiy, G. Nizamdinova, D. Gritsenko. Spatial mapping and retrospective remote sensing analysis to guide sampling for functional genomic studies of apple…… 115

R.M. Moisseyev, A.S. Pozharskiy, D.A. Gritsenko. Isolation of beet necrotic yellow vein virus (BYVV) from sugar beet using bait plant method…….. 116
M. Yermagambetova, V. Kruglikova, Y. Genievskaya, S. Jantassov, A. Nussupova, S. Abugalieva, A. Zatybekov. SSR-based genetic diversity analysis of cucumber (*Cucumis sativus* L.) germplasm…….. 117
А.С. Абсаттарова, Р. Жылкыбаев, И.А. Жирнова, А.Е. Еримбетова. Оценка урожайности и стабильности генотипов пшеницы для эффективного использования в селекции…….. 118
Ф.И. Бабаджанова. Молекулярно-генетические основы совершенствования сельскохозяйственных культур и современные геномные технологии…….. 119
З.К. Даирбекова, Ә.Н. Махамбетов, Б. Дулат, Г.К. Низамдинова, Д.А. Гриценко. Разработка молекулярно-генетической системы диагностики tomato ringspot virus методом real-time RT-PCR…….. 120
С.Б. Дубекова, Р.С. Ержебаева, А.Т. Сарбаев, М.А. Есимбекова, Ш.С. Рсалиев, А.К.Есеркенов. Генетическое разнообразие и селекционные стратегии повышения устойчивости пшеницы к грибным заболеваниям в Казахстане…….. 121
С.А. Дубовой, М.А. Евтеева, А.А. Кузьминкова. RNP-опосредованное редактирование гена *DMR6* в протопластах *Brassica napus* L…… 122
Е.Д. Камараули, А.В. Полховский, И.В. Киров. Рациональный дизайн редактора TNPB для повышения эффективности редактирования растений……. 123
Б.Р. Қали, Ш.А. Манабаева. CRISPR/Cas9 редактирование гена *OST2* для изучения засухоустойчивости картофеля…….. 124
А.О. Рахимжанова, Т.С. Хоснутдинова, Ж.Р. Кали, Ш.А. Манабаева, М.Ю. Сутула. Определение расы возбудителя ложной мучнистой росы (*Plasmopara halstedii*) и оценка устойчивости гибридов подсолнечника…….. 125
И.Ә. Сартбаева, Б.Н. Усенбеков, А.К. Амирова, Д.О. Мынбаева, Т.А. Курбангалиева, Б.А. Нурлыбай, Н.Н. Усенбеков. Молекулярно-генетическая характеристика сортообразцов риса с различной окраской перикарпа по генам качества зерна WX и SSIIA……. 126

A	Abugalieva S.	42, 43, 81, 113, 117
	Bouchra Ikram Adja	54
	Aitugan G.I.	78
	Alibek A.	78
	Almerekova S.	42, 43
	Almukhamed M.	81
	Amalova A.I.	45, 110
	Amirova A.K. (Амирова А.К.)	76, 77, 80, 86, 126
	Anapiyayev B.B.	55
	Anuarbek S.N.	45
B	Baloch F.Sh.	7, 96
	Bakhytuly K.	8, 96, 97, 99, 111, 112, 114,
	Abdul Basit	56
	Rakesh Bhardwaj	26
	Bishimbayeva N.K. (Бишимбаева Н.К.)	13, 57, 68, 76, 86
	Bolatbekova A.A.	8, 96, 97, 99, 112, 114
	Borisjuk N.	57
	Boulaiz H.	68
	C	
	Čmejla R.	10
D	Kinan Darkazanli	54
	Dutbayev Y.	96, 112
E	Eliby S.	57
	Ertaeva B.E.	76
G	Galimova A.A.	98
	Genievskaya Y.	81, 113, 117
	Gritsenko D. (Гриценко Д.А.)	100, 104, 115, 120
	Alia Gul	56
	Gulin A.	113
I	Iskakova G.	57
	Iskakova K.M.	55
	Ismagulova G.	57
	Issayeva D.A.	44
J	Jantassov S.	117
K	Keishilov Zh.S.	8, 96, 97, 99, 111, 112, 114
	Kerimbek N.	115
	Kharipzhanova A.	96, 97, 99, 112, 114
	Khusnutdinov E.A.	98
	Khusnitdinova M.	115
	Kirov I.V. (Киров И.В.)	101, 123
	Kokhmetova A.M.	8, 96, 97, 99, 111, 112, 114
	Kokhmetova As.M.	8, 96, 99, 112, 114
	Kostyukova V. (Костюкова В.С.)	100, 104
	Korbozova N.K.	79
	Kharipzhanova A.	96, 97, 99, 112, 114
	Khusnutdinov E.A.	98
	Kovalenko N.M.	111
	Kovaleva E.G.	54
	Krasinskaya T.A.	58
	Krška B.	10
	Kruglikova V.	117
	Kylyshbaeva G.	57
	Kumarbayeva M.T.	8, 96, 97, 99, 111, 112, 114
	Kurbangaliyeva T. (Курбангалиева Т.А.)	77, 80, 126
L	Langridge P.	57
M	Makhmadjanov S. (Махмаджанов С.П.)	23, 24, 105
	Maltseva E.	57
	Manabayeva Sh. (Манабаева Ш.А.)	17, 23, 24, 59, 60, 105, 124, 125
	Mardini M.	101
	Marklova M.	10
	Maulenbay A.	113
	McDougall G.	68

M	Mikhaylova E.V.	98
	Mitrofanova I.V. (Митрофанова И.В.)	9, 66
	Moisseyev R.M.	116
	Mortazavi P.	7
	Mukhametzhanov K.	8, 96, 112, 114
	Mynbayeva D. (Мынбаева Д.О.)	80, 126
N	Nizamdinova G. (Низамдинова Г.К.)	115, 120
	Nurlanova	78
	Nurzhuma M.	8, 96, 97, 99, 112, 114
	Nussupova A.	117
O	Oleychenko S.	100
	Orken A. (Өркен А.)	23, 24, 59, 105
	Özer G.	112
P	Perevozchikov D.V.	101
	Pozharskiy A.	115, 116
	Prokofeva A.I.	101
	Protsenko Ye.	100
R	Rakhimbayev I.R. (Рахимбаев И.Р.)	4, 16, 55, 57, 86
	Jai Chand Rana	26
	Ramazanova M. (Рамазанова М.Б.)	23, 24, 105,
	Rizbekova A.	78
S	Samarina L.S.	79
	Sartbayeva I. (Сартбаева И.Ә.)	77, 80
	Sedlák J.	10, 39
	Yengkhom Tunginba Singh	25
	Sufyanova Z.R.	98
T	Tanirbergenova A.	110
	Taskuzhina A.	115
	Terekhov M.P.	98
	Terletskaya N.V.	79
	Sharad Tiwari	11
	Turasheva S.K. (Турашева С.К.)	78, 90
	Turemuratova S. Kh.	45
	Turuspekov Y.	12, 42, 43, 81, 113,
	Tussipkan D. (Түсіпқан Д.)	23, 24, 105,
U	Usenbekov B. (Усенбеков Б.Н.)	77, 80, 126,
V	Valledor A.	68
	Harinder Vishwakarma	26
	Vlasova A.V.	101
Y	Rashmi Yadav	26
	Yahaya N. L.	7
	Yermagambetova M. M.	42, 43, 45, 117
	Yernazarova G.	78
Z	Zatybekov A.	81, 113, 117,
	Zeleneva Y.V.	8
	Jinmei Zhang	27
	Zhao P.	81
	Zhumabay N. (Жұмабай Н.Б.)	23, 24, 105
	Zhumash G.	78

А	Абдуллаев А.	82
	Абеуова Л.С.	60
	Абсаттарова А.С.	118
	Агеева В.С.	65
	Адамов Г.В.	72
	Адилова Л.М.	102
	Адымханов Л.К.	84
	Айешева Г.А.	34
	Айташева З.Ғ.	87
	Айтымбет Ж.	50, 51
	Акильбекова А.И.	90
	Акин Б.	18
	Алғазы А.Т.	67
	Алимгазинова Б.Ш.	48
	Алтаева Н.А.	38, 40, 46, 49
	Амброс Е.В.	62
	Амирова А.К.	76, 77, 80, 86, 126
	Артимович Н.А.	38, 40, 49
	Архипова Т.Н.	105
	Асан С.	89
	Аскарова М.	50
	Асрандина С.Ш.	89
	Асхабов Б.Х.	85
	Атабаева С.Д.	89
Б	Бабаджанова Ф.И.	119
	Балгабай К.Б.	83
	Балеев Д.	107
	Батукаев А.А.	84, 85
	Батукаев М.С.	84
	Бахронов Н.А.	47
	Башабаева Б.М.	48
	Бекенова Л.В.	86
	Бигалиев А.Б.	102
	Бишимбаева Н.К.	13, 57, 68, 76, 86
	Бободжанова Х.И.	28
	Богуспаев К.К.	90
	Бондарев С.А.	72
	Борибай Э.С.	94, 103
	Боровик А.А.	61
В	Васильева О.Ю.	62
	Величко А.Ю.	62
	Величко В.В.	62
	Ворошнина О.В.	29
	Высотская Л.Б.	108
Г	Гемеджиева Н.Г.	67
	Горшкова Т.А.	14, 68
	Гриценко Д.А.	100, 104, 115, 120
	Грязнов В.Г.	63
	Гумарова К.У.	34
	Гусейнов И.Р.	86
Д	Даирбекова З.К.	120
	Даурова А.К.	15
	Дәулетбаева С.Б.	87
	Дивашук М.Г.	108
	Джакибаева Г.Т.	67
	Джиенбаева К.Б.	48
	Дубекова С.Б.	121
	Дубовой С.А.	122
	Дүйсенова К.К.	30, 41, 88
	Дулат Б.	120
	Дюсембекова Д.А.	35
Е	Евтеева М.А.	122
	Емешева К.Б.	31, 41, 88, 92
	Ережепов А.Е.	90
	Ержебаева Р.С.	121
	Еримбетова А.Е.	118
	Ермекбаев К.	18
	Есенгалиева С.С.	34
	Есеркенов А.К.	121
	Есимбекова М.А.	18, 48, 121
Ж	Жанаталапов Н.Ж.	105
	Жамбакин К.Ж.	15
	Жаныбекова Ж.Т.	32
	Жардемали Ж.К.	90
	Жардемалиева А.Б.	90
	Жирнова И.А.	118
	Жұмабай Н.Б.	23, 24, 105
	Жумашева Ж.Е.	69
	Жумина А.Г.	33
	Жылкыбаев Р.	118
	Жылқышы П.Б.	87
З	Земцова А.С.	38, 40, 46, 49
И	Ибрагимова Н.Н.	68
	Исламова С.С.	35
	Ишмуратова М.Ю.	33

К	Кабылбекова Б.	50, 51
	Казамбаева А.М.	34
	Кайгородова И.М.	63
	Какимжанова А.А.	32, 35
	Калацкая Ж.Н.	70
	Калдыбаева Д.	50, 51
	Қали Б.Р.	124
	Кали Ж.Р.	125
	Камараули Е.Д.	123
К	Кем К.Р.	61
	Киров И.В.	101, 123
	Киршибаев Е.А.	90
	Киселева О.А.	37
	Ковальчук И.Ю.	41, 50, 92
	Кожахметова А.Н.	102
	Козарь Е.Г.	63
	Койшибаев М.К.	86
	Костюкова В.С.	100, 104
	Крахмалева И.Л.	66
	Кремнева О.Ю.	36
	Кроль Т.А.	72
	Круглов Д.С.	62
	Кудоярова Г.Р.	108
	Кузьминкова А.А.	122
	Кулимбетов А.С.	102
	Купаева Н.В.	64
	Курбангалиева Т.А.	77, 80, 126
	Кушнаренко С.В.	16, 38, 39, 40, 41, 46, 49, 88, 92, 106
Л	Лёвкин И.А.	71, 75
М	Маденова А.К.	50, 51
	Малахова Н.П.	91, 93
	Мамирова А.А.	69
	Манабаева Ш.А.	17, 23, 24, 59, 60, 105, 124, 125
	Манапканова У.А.	16, 39, 88, 106
	Маниязова Н.А.	82
	Махамбетов Ә.Н.	120
	Махмаджанов С.П.	23, 24, 105
	Микшина П.В.	68
	Митрофанова И.В.	9, 66
	Михайленко Н.В.	41, 88, 92
	Михель И.М.	65
	Модоров М.В.	37
	Молканова О.И.	66
	Моргунов А.	18
	Мукин К.Б.	48
	Муранец А.П.	32
	Мурсалиева В.К.	67
	Муртазина А.С.	68
	Муханов Т.М.	67
	Мухамеджанов С.К.	90
	Mynbayeva D. (Мынбаева Д.О.)	80, 126
Н	Небышинец П.А.	61
	Невоструева Е.Ю.	37
	Нестерова М.Д.	64
	Низамдинова Г.К.	115, 120
	Николайчук В.В.	70
	Никонорова Е.	72, 102
	Нилова И.А.	75
	Нужная Т.В.	108
	Нуржанова А.А.	69
	Нурлыбай Б.А.	126
	Нурпеисов И.А.	86
	Нурмагамбетова А.С.	69
	Нурмаханова А.С.	89
	Носов А.М.	19
О	Овчиннико И.А.	70
П	Полховский А.В.	123
Р	Раева-Богословская Е.Н.	66
	Рамазанова М.Б.	23, 24, 105
	Рахаткызы А.	89
	Рахимбаев И.Р.	4, 16, 55, 57, 86
	Рахимжанова А.О.	125
	Рахымгожина А.Б.	89
	Рогожин Е.А.	20, 65
	Ромаданова Н.В.	16, 38, 40, 46, 49
	Рсалиев Ш.С.	121
	Рубаева А.А.	71, 75
	Рахимбаев И.Р.	4, 16, 55, 57, 86
	Рымханова Н.К.	16, 39, 88, 106

С	Савин Т.	18
	Садакова Б.Д.	35
	Саидов С.А.	74
	Сарбаев А.Т.	86, 121
	Сартбаева И.Ә.	77, 80
	Сәрсенбек Б.Т.	67
	Сейсенова А.	50
	Середа А.А.	72
	Середа Г.А.	86
	Сисемали К.Р.	90
	Ситпаева Г.Т.	21
	Степанова А.Ю.	73
	Соловьева А.И.	73
	Солтанбеков С.	50, 51
	Сулейманова Г.А.	93
	Сутула М.Ю.	125
Т	Таджибаев Д.Г.	48
	Таменов Т.Б.	48
	Тарабаева А.С.	68
	Тезекбаева Б.К.	91, 93
	Титов А.Ф.	75
	Тлеукенова С.У.	33
	Токбергенова Ж.А.	32
	Толеген А.Б.	40, 46
	Туйгунов З.Т.	41, 92
	Турашева С.К.	78, 90
	Турдиев Т.Т.	16, 30, 31, 41, 88, 92
	Түсіпқан Д.	23, 24, 105,
У	Усенбеков Б.Н.	77, 80, 126
	Усенбеков Н.Н.	126
	Ускенбаев Б.У.	83
	Усманова З.У.	74
	Ухатова Ю.Х.	29
Ф	Федоренко Е.	18
	Фелалиев А.С.	52
Х	Хасейн А.	91, 93
	Хаширова С.Ю.	63
	Холдорбеков З.С.	52
	Хоснутдинова Т.С.	125
	Хэ Ш.	105
Ч	Чудинов В.	18
Ш	Шабаев А.С.	63
	Шалабаева К.З.	102
	Шалабаев К.Ы.	30
	Шаманин В.	18
	Шаповалов Ю.А.	109
	Шарипова Г.В.	108
	Шарипова Д.	32
	Шаяхметова Ы.Ш.	94
	Шелаева Т.	18
	Шерудило Е.Г.	71,75
	Шибаева Т.Г.	71,75
	Шомамадова З.Д.	52
Ю	Юсупова З.	50