ҒТАМР 34.15.59 https://doi.org/10.26577/EJE208831126

Б. Дулат[1, 2], Р.Т. Кенжебекова[1], З.К. Даирбекова[1],
А.Н. Махамбетов[1], А.О. Сағитов[1,2], Д.А. Гриценко[1,2*]

[1] Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты, Алматы, Қазақстан
[2]«AgriBioTech» зерттеу орталығы, Алматы, Қазақстан
*e-mail: d.kopytina@gmail.com

ҚАЗАҚСТАННЫҢ ОҢТҮСТІГІНДЕГІ ИНВАЗИЯЛЫҚ ЗИЯНКЕС *TUTA ABSOLUTA*-НЫҢ ЭКОЛОГИЯСЫ ЖӘНЕ МОЛЕКУЛАЛЫҚ ИДЕНТИФИКАЦИЯСЫ

Tuta absoluta (Meyrick, 1917) – алқа тұқымдас дақылдардың, әсіресе қызанақтың, ең қауіпті инвазиялық зиянкестерінің бірі болып табылады және ауыл шаруашылығы өндірісіне әлемдік деңгейде елеулі қауіп төндіреді. Соңғы жылдары бұл түрдің Орталық Азия аумағында жылдам таралуы байқалуда, алайда Қазақстандағы оның экологиясы мен молекулалық идентификациясына қатысты деректер әлі де шектеулі. Осы зерттеуде ДНҚ-баркодинг әдістерін пайдалана отырып, Қазақстанның оңтүстігіндегі *T. absoluta* түрінің таралуы мен экологиялық үлестірілуі зерттелді. Имаго және дернәсіл сынамалары бірнеше оңтүстік өңірлердегі қызанақ агроэкожүйелерінен жиналды. Молекулалық идентификация жәндіктерді баркодтауда стандартты маркер болып саналатын митохондриялық цитохром-с-оксидаза I субъбірлігінің (COI) гені негізінде жүргізілді. Алынған тізбектер халықаралық дерекқорлардағы *T. absoluta* референстік тізбектерімен жоғары деңгейде ұқсастық көрсетті, бұл жиналған сынамалардың түрлік тиесілігін растады. Зерттеу нәтижелері Қазақстанның оңтүстігінде *T. absoluta* популяцияларының тұрақты қалыптасқанын көрсетеді және тұрақты мониторинг пен тиімді фитосанитарлық басқару стратегияларын әзірлеудің маңыздылығын айқындайды. ДНҚ-баркодинг инвазиялық жәндік-зиянкестерді дәл анықтауға мүмкіндік беретін сенімді құрал болып табылады және оларды ерте анықтау мен мониторинг жүйелерін жетілдіруге ықпал ете алады.

Түйін сөздер: *Tuta absoluta*, ДНҚ-баркодинг, COI гені, инвазиялық зиянкес, фитосанитарлық мониторинг.

B. Dulat[1, 2], R.T. Kenzhebekova[1], Z.K. Dairbekova[1],
A.N. Makhambetov[1], A.O. Sagitov[1,2], D.A. Gritsenko[1,2*]

[1]Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
[2]«AgriBioTech» Research Center, Almaty, Kazakhstan
*e-mail: d.kopytina@gmail.com

Ecology and molecular identification of the invasive pest *Tuta absoluta* in southern Kazakhstan

Tuta absoluta (Meyrick, 1917) is one of the most destructive invasive pests of solanaceous crops, particularly tomato, posing a serious threat to agricultural production worldwide. In recent years, the rapid expansion of this species has been reported in Central Asia; however, data on its ecology and molecular identification in Kazakhstan remain limited. In this study, we investigated the occurrence and ecological distribution of *T. absoluta* in southern Kazakhstan using DNA barcoding approaches. Adult moths and larvae were collected from tomato agroecosystems across several southern regions. Molecular identification was performed using the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, a standard marker for insect barcoding. The obtained sequences showed high similarity to reference *T. absoluta* sequences available in international databases, confirming the species identity of the collected specimens. Our results indicate the establishment of stable *T. absoluta* populations in southern Kazakhstan and highlight the urgent need for continuous monitoring and the development of effective phytosanitary management strategies. The application of DNA barcoding provides a reliable tool for accurate pest identification and can support early detection and surveillance systems for invasive insect species.

Key words: *Tuta absoluta*, DNA barcoding, COI gene, invasive pest, phytosanitary monitoring.

 © 2026 Al-Farabi Kazakh National University

Б. Дулат[1, 2], Р.Т. Кенжебекова[1], З.К. Даирбекова[1],
А.Н. Махамбетов[1], А.О. Сагитов[1, 2], Д.А. Гриценко[1, 2*]
[1]Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан
[2]Научно-исследовательский центр «AgriBioTech», Алматы, Казахстан
*e-mail: d.kopytina@gmail.com

Экология и молекулярная идентификация инвазивного вредителя *Tuta absoluta* на юге Казахстана

Tuta absoluta (Meyrick, 1917) – один из наиболее разрушительных инвазивных вредителей паслёновых культур, особенно томатов, представляющий серьёзную угрозу для сельскохозяйственного производства во всём мире. В последние годы отмечается быстрое распространение этого вида в Центральной Азии; однако данные о его экологии и молекулярной идентификации в Казахстане остаются ограниченными. В данном исследовании мы изучили распространение и экологическое распределение *T. absoluta* в южном Казахстане с использованием методов ДНК-баркодинга. Взрослые бабочки и личинки были собраны в томатных агроэкосистемах нескольких южных регионов. Молекулярная идентификация проводилась с использованием митохондриального гена субъединицы I цитохром-с-оксидазы (COI), стандартного маркера для энтомологического баркодинга. Полученные последовательности показали высокое сходство с эталонными последовательностями *T. absoluta*, доступными в международных базах данных, что подтверждает видовую принадлежность собранных образцов. Наши результаты указывают на формирование стабильных популяций *T. absoluta* в южном Казахстане и подчеркивают острую необходимость непрерывного мониторинга и разработки эффективных стратегий фитосанитарного контроля. Применение ДНК-баркодинга представляет собой надежный инструмент для точной идентификации вредителей и может способствовать системам раннего обнаружения и мониторинга инвазивных видов насекомых.

Ключевые слова: *Tuta absoluta*, ДНК-баркодинг, ген COI, инвазивный вредитель, фитосанитарный мониторинг.

Кіріспе

Инвазиялық жәндік түрлерінің қарқынды таралуы жаһандық ауыл шаруашылығы жүйелеріне елеулі қауіп төндіріп, экономикалық шығындарға әкеледі және азық-түлік қауіпсіздігіне қатер төндіреді (Reddy et al., 2025). Ауыл шаруашылығының инвазиялық зиянкестерінің ішінде қызанақ күйесі *Tuta absoluta* (Meyrick, 1917) ерекше орын алады. Қазіргі уақытта бұл түр алқа тұқымдас дақылдардың, ең алдымен қызанақтың (*Solanum lycopersicum*), аса қауіпті зиянкестерінің бірі болып саналады (Desneux et al., 2010). Бұл түрдің дернәсілдері жапырақтардың, сабақтардың және жемістердің үлпаларымен қоректеніп, өсімдіктердің фотосинтездік белсенділігін едәуір төмендететін өзіне тән зақымданған қуыс жолдар түзеді. Соның салдарынан өнім сапасы нашарлап, түсімнің айтарлықтай төмендеуіне әкеледі. Тиімді күресу шаралары қолданылмаған жағдайда экономикалық шығын 80–100%-ға дейін жетуі мүмкін (Biondi et al., 2018; Machekano et al., 2018).

Tuta absoluta бастапқыда Оңтүстік Америкада таралған эндемик түр болып саналған, алайда 2000-жылдардың басынан бастап ол өзінің табиғи таралу аймағынан тыс жерлерге қарқынды түрде тарала бастады (Desneux et al., 2010). Еуропадағы инвазияның алғашқы жағдайлары 2006 жылы Испанияда тіркелді, содан кейін зиянкес Жерорта теңізі аймағына, Солтүстік Африка мен Таяу Шығысқа жылдам таралды. Кейінгі жылдары *T. absoluta* Африка мен Азияның көптеген аймақтарына, соның ішінде Орталық Азия өңірлеріне таралып, жоғары экологиялық икемділігін және әртүрлі агроклиматтық жағдайларға бейімделу қабілетін көрсетті. Зиянкестің таралуына ауыл шаруашылығы өнімдерінің қарқынды халықаралық саудасы, оның жоғары көбею қабілеті (жылына 10–12 ұрпаққа дейін) және қысқа тіршілік циклі ықпал етеді (Biondi et al., 2018; Machekano et al., 2018).

T. absoluta-мен күресуді қиындататын қосымша факторлардың бірі – оның әртүрлі химиялық кластарға жататын инсектицидтерге, соның ішінде пиретроидтарға, фосфорорганикалық қосылыстарға және неоникотиноидтарға төзімділікті жылдам қалыптастыру қабілеті. Бұл дәстүрлі өсімдіктерді қорғау әдістерінің тиімділігін едәуір шектейді және мониторингті, биологиялық күрес шараларын, сондай-ақ ерте диагностикалауға арналған молекулалық әдістерді қамтитын кешенді тәсілдерді енгізуді та-

лап етеді (Biondi et al., 2018; Guedes et al., 2019; Roditakis et al., 2018).

Ерте анықтау және дәл сәйкестендіру тиімді фитосанитариялық бақылау мен зиянкестермен интеграцияланған күрес стратегияларының маңызды құрамдас бөліктері болып табылады. Соңғы жылдары *Tuta absoluta* түрінің Орталық Азияда, соның ішінде Өзбекстан мен Түрікменстан сияқты Қазақстанмен көршілес елдерде таралғаны туралы мәліметтер жарияланды. Алайда оның Қазақстан аумағындағы таралуы, экологиялық таралу ерекшеліктері және молекулалық деңгейде расталуы жөніндегі деректер әлі де шектеулі. Қолда бар мәліметтердің басым бөлігі морфологиялық сәйкестендіруге негізделген, алайда *T. absoluta*-ның Gelechiidae тұқымдасының басқа өкілдеріне, әсіресе дернәсілдік кезеңде, ұқсастығына байланысты бұл әдіс жеткіліксіз болуы мүмкін (Behera et al., 2024; Biondi et al., 2018).

Митохондриялық цитохром с оксидазасының I суббірлігі (COI) генін анықтауға негізделген ДНҚ-баркодтау жәндік түрлерін сәйкестендіруге арналған ең кең таралған әрі сенімді молекулалық әдістердің біріне айналды. COI маркері түрішілік дивергенцияның төмен деңгейімен қатар, тұраралық өзгергіштіктің салыстырмалы түрде жоғары болуымен сипатталады, сондықтан ол филогенетикалық жағынан жақын таксондарды ажыратуға ерекше қолайлы. Әмбебаптығы, нәтижелердің қайталанымдылығы және GenBank пен BOLD Systems сияқты ауқымды референттік дерекқорлардың қолжетімділігі арқасында COI негізіндегі ДНҚ-баркодтау қазіргі кезде молекулалық таксономияда, биоалуантүрлілікті бағалауда және биологиялық қауіпсіздік саласындағы зерттеулерде стандартты әдістердің бірі ретінде қарастырылады (Hebert et al., 2003; Kress & Erickson, 2012; Ratnasingham & Hebert, 2007).

Бұл әдіс жәндік түрлерін олардың әртүрлі даму сатыларында, соның ішінде жұмыртқа, дернәсіл, қуыршақ және имаго кезеңдерінде, тіпті морфологиялық сәйкестендіру қиын немесе сенімсіз болған жағдайларда да жылдам әрі дәл анықтауға мүмкіндік береді. *T. absoluta* сияқты инвазиялық зиянкестер үшін молекулалық сәйкестендірудің маңызы ерекше, өйткені олардың ерте даму сатылары Gelechiidae тұқымдасының басқа өкілдерімен жоғары морфологиялық ұқсастыққа ие болуы мүмкін. Түрді дәл растау фитосанитариялық шараларды уақтылы жүзеге асыруды қамтамасыз ету үшін де аса маңызды (Hebert et al., 2003; Kress & Erickson, 2012; Pandey et al., 2023).

Соңғы жылдары ДНҚ-баркодтау бүкіл әлемде инвазиялық ауыл шаруашылығы зиянкестерін анықтау, мониторинг жүргізу және бақылау мақсатында кеңінен қолданылып келеді. Молекулалық әдістер жаңа популяциялардың пайда болуын жедел растауға, зиянкестердің таралу динамикасын бақылауға, сондай-ақ карантиндік және зиянкестермен күресу бағдарламаларын қолдауға мүмкіндік береді. Молекулалық диагностиканы далалық экологиялық бақылаулармен үштастыру зиянкестер мониторингі жүйелерінің дәлдігі мен тиімділігін айтарлықтай арттырып, зиянкестермен интеграцияланған күрес стратегияларын әзірлеуге ықпал етеді (Arimoto et al., 2025; Hebert et al., 2003; Janssen et al., 2023; Kress & Erickson, 2012). Осылайша, COI геніне негізделген ДНҚ-баркодтау жақында инвазияға ұшыраған аймақтарда инвазиялық жәндік түрлерін, соның ішінде *T. absoluta*-ны ерте анықтау және молекулалық деңгейде растау үшін құнды құрал болып табылады (Ashfaq & Hebert, 2016; Cao et al., 2024; Hebert et al., 2003).

Осы зерттеудің мақсаты Қазақстанның оңтүстік өңірлерінде *T. absoluta*-ның таралуын зерттеу және COI геніне негізделген ДНҚ-баркодтау әдісі арқылы оның түрлік тиесілігін растау болды. Талданған сынамалар саны шектеулі болғанына қарамастан, бұл зерттеу аталған инвазиялық зиянкестің өңірде бар екендігін растайтын алғашқы молекулалық дәлелдерді ұсынады және тұрақты мониторинг жүргізу мен әрі қарай зерттеулерді жалғастыру қажеттігін көрсетеді. Алынған нәтижелер Қазақстан аумағында *T. absoluta*-ның кездесуі жөніндегі қазіргі таңда шектеулі деректерді толықтырып, оның Орталық Азиядағы өңірлік таралу ерекшеліктерін түсінуге үлес қосады. Зерттеу сондай-ақ жергілікті зертханалық жағдайларда инвазиялық жәндік зиянкестерін жедел молекулалық диагностикалау үшін нанопоралық секвенирлеу технологияларын қолдану мүмкіндігін көрсетті. Сонымен қатар алынған молекулалық деректер болашақта *T. absoluta* популяцияларының инвазиялық таралу жолдарын анықтауға және өңірдегі генетикалық әртүрлілігін бағалауға бағытталған филогенетикалық және популяциялық-генетикалық зерттеулер үшін негіз бола алады. Экологиялық бақылауларды молекулалық тәсілдермен біріктіру өңірлік фитосанитариялық қадағалау бағдарламаларының тиімділігін арттыруы мүмкін. Жалпы алғанда, алынған нәтижелер Қазақс-

тандағы инвазиялық ауыл шаруашылығы зиянкестеріне қатысты үйлестірілген мониторинг стратегияларын әзірлеудің маңыздылығын көрсетеді.

Материалдар мен әдістер

Tuta absoluta сынамаларын жинау және морфологиялық сәйкестендіру

Оңтүстік американдық қызанақ күйесі *T. absoluta* сынамалары Қазақстанның оңтүстік өңірлерінде орналасқан қызанақ (*Solanum lycopersicum* L.) агроценоздарынан жиналды. Түзақтардың жабысқақ төсемдеріне түскен ересек жәндіктер абайлап алынып, таңбаланған пробиркаларға салынды және әрбір сынама үшін жиналған орны, жинау күні және түзақ нөмірі тіркелді. Жиналған материал кейіннен морфологиялық және молекулалық талдаулар жүргізу үшін пайдаланылды. Феромонды түзақтар қызанақ алқаптарындағы ересек көбелектердің белсенділігін үздіксіз анықтау мақсатында мониторинг жүргізілген кезең бойы жүйелі түрде тексерілді. Түзақтардың орналасуы зерттелген агроэкожүйелерде зиянкестің таралуын және салыстырмалы санын тиімді бақылауға мүмкіндік берді.ДНҚ бөліп алу алдында зақымданған дараларды және нысаналы емес жәндік түрлерімен ластанған сынамарды алып тастау мақсатында жиналған сынамалар визуалды түрде тексерілді. Барлық жиналған сынамалар әрі қарай талдау жүргізілгенге дейін бақыланатын зертханалық жағдайларда сақталды.

Морфологиялық сәйкестендіру Leica IVESTA3 стереомикроскопының көмегімен жүргізілді. Түрді анықтау мамандандырылған таксономиялық анықтағыштар мен жарияланған сипаттамаларға сәйкес диагностикалық және морфологиялық белгілер жиынтығына негізделді (Hadapad & Hire, 2019). Ересек даралардың сыртқы морфологиялық белгілеріне, соның ішінде қанаттарының түсіне, алдыңғы қанаттарындағы өзіне тән қара дақтарға, дене мөлшеріне және мұртшаларының морфологиясына ерекше назар аударылды. Сонымен қатар, *T. absoluta*-ны Gelechiidae тұқымдасының филогенетикалық жағынан жақын басқа өкілдерінен ажырату үшін бас капсуласының диагностикалық белгілері мен қанат өрнегінің құрылымы зерттелді.

Молекулалық-генетикалық сәйкестендіру

Геномдық ДНҚ өндірушінің нұсқаулығына сәйкес Monarch® Spin gDNA Extraction Kit (New England Biolabs, АҚШ) жиынтығының көмегімен бөлініп алынды. Бөлініп алынған ДНҚ-ның сандық және сапалық талдауы NanoDrop One спектрофотометрі (Thermo Fisher Scientific, АҚШ) және Qubit 4.0 флуориметрі (Invitrogen, АҚШ) арқылы жүргізілді. Полимеразды тізбекті реакцияны жүргізер алдында ДНҚ концентрациясы 50 нг/мкл деңгейіне дейін стандартталды.

ДНҚ-баркодтау үшін митохондриялық COI маркері пайдаланылды. ПТР-амплификация көлемі 25 мкл болатын реакциялық қоспада жүргізілді, оның құрамына 1 мкл матрицалық ДНҚ, әр праймерден 400 нМ және 2,5 мкл 1X Standard Taq Reaction Buffer (New England Biolabs) кірді. Алынған ампликондар күтілетін фрагмент мөлшерін растау және олардың тазалығын бағалау мақсатында көлденең ТАЕ-агарозды гель-электрофорез әдісімен талданды. Қос тізбекті ДНҚ концентрациясы Qubit Flex Fluorometer (Thermo Fisher Scientific, АҚШ) көмегімен де анықталды.

Кітапханалар Rapid Barcoding Kit 96 (SQK-RBK110.96, Oxford Nanopore Technologies, Ұлыбритания) жиынтығының көмегімен дайындалды. Баркодтарды лигирлеуден кейін сынамалар AMPure XP магниттік моншақтарының көмегімен тазартылып, 70% этанолмен жуылды және 15 мкл буферде элюцияланды. Содан кейін барлық сынамалар көлемі 1,5 мл Eppendorf DNA LoBind түтігіне біріктірілді.

Ампликондарды секвенирлеу MinKNOW v25.05.14 бағдарламалық жасақтамасын пайдалана отырып, MinION Mk1B платформасында (Oxford Nanopore Technologies) жүргізілді. FASTQ файлдарының бейсколлингі Dorado v7.9.8 бағдарламасының көмегімен орындалды. Ридтердің сапасын бақылау NanoFilt бағдарламасы (De Coster et al., 2018) арқылы жүргізіліп, сапа көрсеткіші q > 12 және ұзындығы 280 ж.н.-ден асатын тізбектер іріктелді.

Алынған ридтер minimap2 бағдарламасының көмегімен PV765795.1 референттік тізбегіне карталанды (Li, 2018). Сонымен қатар алынған нуклеотидтік тізбектер BLAST талдауының көмегімен GenBank дерекқорында ұсынылған референттік тізбектермен салыстырылды. Секвенирлеу сапасы тізбектердің сәйкестік деңгейі негізінде бағаланып, содан кейін ридтер жоғары сапалы және төмен сапалы топтарға бөлінді. Сәйкестік деңгейі ≥97% болған ридтер жоғары сапалы деп есептелді. Бұдан бөлек, референттік тізбектің бүкіл ұзындығы бойынша қамту профилі талданды. Деректерді статистикалық өңдеу және нәтижелерді визуализациялау R ортасын-

да ggplot2 пакетін пайдалану арқылы жүргізілді (Gómez-Rubio, 2017).

Нәтижелер және талқылау

Түрлік сәйкестендіру ересек даралар бойынша қанат өрнегі, қанат жиектеріндегі шашақтардың ұзындығы, дене түсі және алдыңғы қанаттардағы өзіне тән қара дақтар сияқты түрге тән айқын морфологиялық белгілер негізінде жүргізілді. Сонымен қатар *T. absoluta*-ны Gelechiidae тұқымдасының филогенетикалық жағынан жақын басқа өкілдерінен ажырату үшін диагностикалық хаттамаларда көрсетілген мұртшалардың қосымша диагностикалық белгілері мен дененің жалпы морфологиясы зерттелді (1-сурет). Сәйкестендіруді растау үшін митохондриялық цитохром с оксидазасының I суббірлігі (COI) геніне негізделген ДНҚ-баркодтау әдісі қолданылды.

Алынған нуклеотидтік тізбектер GenBank және BOLD Systems сияқты халықаралық дерекқорларда қолжетімді референттік тізбектермен салыстырылды. ДНҚ-баркодтау талдауы алынған тізбектер мен *T. absoluta*-ның референттік тізбектері арасында жоғары дәрежедегі ұқсастық бар екенін көрсетті. Тізбектердің орташа сәйкестік деңгейі 98,9%-ға жетіп, талданған сынамалардың *T. absoluta* түріне жататынын растады. Алынған нәтижелер микроскопиялық зерттеу барысында анықталған морфологиялық белгілермен сәйкес келді (1-сурет).

Сонымен қатар секвенирлеу сапасын бағалау нәтижесінде карталанған 3 000-нан астам ридтің (68,6%) тізбектердің сәйкестік деңгейі 97%-дан жоғары болатын жоғары сапалы ридтерге жататыны анықталды, бұл алынған молекулалық деректердің жоғары сенімділігін көрсетеді. Қамту профилін талдау ридтердің референттік тізбек бойымен тұрақты таралғанын көрсетті, бұл алынған ДНҚ-баркодтау нәтижелерінің дәлдігі мен сенімділігін растайды (2-сурет).

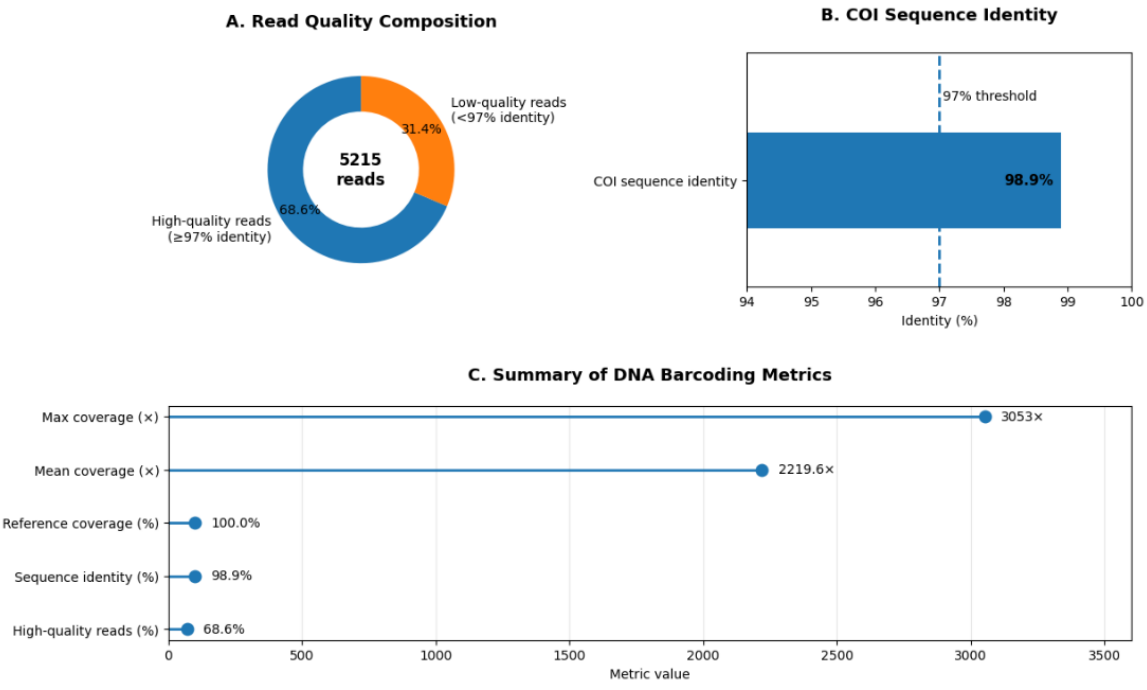
1-сурет

Морфологиялық сәйкестендіру үшін пайдаланылған Tuta absoluta ересек дарасы



2-сурет

Tuta absoluta-ны сәйкестендіруге арналған ДНҚ-баркодтау сапасының негізгі көрсеткіштері



(A) Тізбектік сәйкестік деңгейіне сәйкес секвенирлеу ридтерінің таралуы, мұнда жоғары сапалы (сәйкестік ≥97%) және төмен сапалы (сәйкестік <97%) ридтердің үлестері көрсетілген. (B) Сенімді түрлік сәйкестендіру үшін кеңінен қолданылатын 97% шекті мәнмен салыстырғандағы талданған сынамалардың COI тізбектерінің орташа сәйкестік деңгейі. (C) *Tuta absoluta*-ға COI негізіндегі ДНҚ-баркодтау талдауы барысында алынған негізгі секвенирлеу сапасы көрсеткіштерінің жиынтық сипаттамасы, соның ішінде жоғары сапалы ридтердің пайызы, тізбектік сәйкестік деңгейі, референттік тізбектің қамтылуы, қамтудың орташа тереңдігі және қамтудың ең жоғары тереңдігі.

Бұл зерттеу Қазақстанның оңтүстігіндегі қызанақ агроэкожүйелерінде *T. absoluta*-ның бар екендігін алдын ала молекулалық деңгейде растауға мүмкіндік берді. Алынған нәтижелер соңғы екі онжылдықта өзінің табиғи таралу аймағы болып саналатын Оңтүстік Америкадан Еуропаға, Африкаға және Азияға жылдам таралған осы инвазиялық зиянкестің жаһандық таралу заңдылықтарына сәйкес келеді. Қазақстанның оңтүстігінде *T. absoluta*-ның анықталуы бұл түрдің шығыс бағытта таралуының жалғасып жатқанын растайды және Орталық Азиядағы қызанақ өндірісі жүйелеріне төнетін фитосанитариялық қауіптің артып келе жатқанын көрсетеді.

T. absoluta-ны морфологиялық түрғыдан сәйкестендіру оның ерте даму сатыларының Gelechiidae тұқымдасының басқа өкілдеріне ұқсастығына байланысты қиындық тудыруы мүмкін (Wang et al., 2022). Сондықтан ДНҚ-баркодтауды дәстүрлі морфологиялық зерттеулермен үйлестіру түрді сәйкестендірудің сенімділігін едәуір арттырады (Chan et al., 2014; Madden et al., 2019; Marullo et al., 2020). Осы зерттеуде COI геніне негізделген ДНҚ-баркодтау референттік тізбектермен жоғары деңгейдегі сәйкестікті (98,9%) көрсетті, бұл талданған сынамалардың таксономиялық тиесілігін растады. Үқсас нәтижелер алдыңғы зерттеулерде де алынған, онда митохондриялық COI маркерлері Еуропа, Африка және Азиядағы *T. absoluta*-ның инвазиялық популяцияларын сәйкестендіру және мониторинг жүргізу үшін сәтті қолданылған (Kinyanjui et al., 2019; Shashank et al., 2018).

Осы зерттеуде алынған секвенирлеу сапасының көрсеткіштері молекулалық деректердің сенімділігін қосымша растайды. Тізбектік сәйкестік деңгейі ≥97% болатын ридтердің жоғары үлесі, референттік тізбектің толық қамтылуы және секвенирлеу тереңдігінің жоғары болуы ДНҚ-баркодтау тәсілінің дәлдігі мен сенімділігін көрсетеді. Бұл нәтижелер Oxford Nanopore MinION технологиясына негізделген секвенирлеу платформалары инвазиялық ауыл шаруашылығы зиянкестерін жедел молекулалық диагностикалау үшін тиімді құрал ретінде қолданылуы мүмкін екенін көрсетеді.

Қазақстанның оңтүстігінде *T. absoluta* түрақты популяцияларының қалыптасуы қоршаған орта факторлары мен антропогендік факторлардың үйлесімді әсеріне байланысты болуы мүмкін. Негізгі факторлардың бірі — үзаққа созылатын жылы кезеңмен және жазғы жоғары температуралармен сипатталатын өңірдің қолайлы климаттық жағдайлары. Мұндай жағдайлар зиянкестің жедел дамуына және бір вегетациялық кезең ішінде бірнеше үрпақтың қалыптасуына ықпал етеді. Алдыңғы зерттеулерге сәйкес, *Tuta absoluta* жоғары экологиялық икемділікке ие және температуралық жағдайлардың кең ауқымына сәтті бейімделе алады, бұл оның инвазиялық әлеуетін едәуір арттырады (Biondi et al., 2018; Han et al., 2019; Vivekanandhan et al., 2024).

Жылыжай жағдайында қызанақ өсіру жүйелері зиянкес популяцияларының сақталуы мен таралуында қосымша рөл атқаруы мүмкін. Қорғалған топырақ жағдайлары түрақты микроклиматты, қоректік өсімдіктердің ұзақ уақыт бойы қолжетімді болуын және қолайсыз қоршаған орта факторлары әсерінің төмендеуін қамтамасыз етеді, бұл *T. absoluta*-ның жыл бойы дамуына қолайлы орта қалыптастырады. Еуропаның, Таяу Шығыстың және Азияның бірқатар елдерінде жылыжайлар осы зиянкестің инвазиялық популяциялары үшін негізгі көбею ошақтарының бірі ретінде қарастырылады (Gao et al., 2025; Guillemaud et al., 2015; Guimapi et al., 2016; Han et al., 2019).

Ауыл шаруашылығы өнімдерінің, соның ішінде қызанақ көшеттерінің, жемістерінің және қаптама материалдарының халықаралық деңгейде белсенді тасымалдануы да *T. absoluta*-ның таралуында маңызды рөл атқарады. Өңірлік және халықаралық сауда көлемінің жоғары болуы зиянкестің әртүрлі даму сатыларының елдер мен өңірлер арасында кездейсоқ тасымалдануына ықпал етеді. Бұған дейін *T. absoluta*-ның Жерорта теңізі аймағында, Таяу Шығыста және Орталық Азия елдерінде жылдам таралуы көбінесе сауда ағындары мен карантиндік бақылаудың жеткіліксіз тиімділігіне байланысты екені

көрсетілген (Gao et al., 2025; Guillemaud et al., 2015; Guimapi et al., 2020; Kirschner et al., 1974).

Сонымен қатар зиянкестің жоғары көбею қабілеті, қысқа тіршілік циклі және әртүрлі кластарға жататын инсектицидтерге төзімділік қалыптастыру қабілеті оның жаңа аймақтарда популяцияларының жылдам орнығуына ықпал етуі мүмкін. Осы факторлардың жиынтығы *T. absoluta*-ның Қазақстанда және Орталық Азияның басқа елдерінде одан әрі таралуына алғышарттар қалыптастырады, бұл фитосанитариялық мониторингті күшейту және инвазиялық зиянкестерді ерте анықтаудың тиімді жүйелерін әзірлеу қажеттігін көрсетеді.

Қорытынды

Талданған сынамалар саны салыстырмалы түрде шектеулі болғанына қарамастан, бұл зерттеу Қазақстандағы қызанақ агроэкожүйелерінде *T. absoluta*-ның бар екендігін молекулалық деңгейде растаған алғашқы зерттеулердің бірі болып табылады. Алынған нәтижелер митохондриялық COI геніне негізделген ДНҚ-баркодтаудың инвазиялық ауыл шаруашылығы зиянкестерін дәл сәйкестендіру үшін тиімді, сезімтал және сенімді құрал екенін және дәстүрлі морфологиялық диагностикалау әдістерін сәтті толықтыра алатынын растайды. Халықаралық дерекқорлардағы референттік деректермен тізбектердің жоғары деңгейдегі ұқсастығы зерттелген сынамалардың *T. absoluta* түріне таксономиялық тиесілігін растады және қолданылған молекулалық сәйкестендіру тәсілінің жоғары сенімділігін көрсетті.

Талдау морфологиялық және молекулалық әдістерді біріктіру инвазиялық түрлерді диагностикалаудың дәлдігін айтарлықтай арттыратынын көрсетті, әсіресе ерте даму сатыларының Gelechiidae тұқымдасының басқа өкілдеріне ұқсастығына байланысты морфологиялық сәйкестендіру қиын болған жағдайларда. COI маркерін пайдалану қайталанымды нәтижелер алуға және ДНҚ-баркодтауды Қазақстандағы фитосанитариялық мониторингтің тиімді құралы ретінде қолдану мүмкіндігін растауға мүмкіндік берді.

Алынған деректер Қазақстанның оңтүстігінде *T. absoluta*-ның тұрақты популяциялары қалыптасуы мүмкін екенін көрсетеді. Бұл жағдай өңірдің қолайлы климаттық жағдайлары, жылыжай шаруашылығының кең таралуы және ауыл шаруашылығы өнімдерінің өңірлер мен елдер арасында қарқынды тасымалдануы сияқты факторлардың жиынтық әсерімен байланысты болуы мүмкін. Жоғары экологиялық икемділігі, қысқа тіршілік циклі, бір маусым ішінде бірнеше үрпақ қалыптастыру қабілеті және әртүрлі кластарға жататын инсектицидтерге төзімділіктің дамуы осы зиянкестің инвазиялық әлеуетін едәуір арттырып, оның Орталық Азия аумағында одан әрі таралу қаупін туғызады.

Зерттеу нәтижелері ауыл шаруашылығының биологиялық қауіпсіздігін қамтамасыз ету және қызанақ өнімділігін сақтау түрғысынан ерекше маңызға ие. *T. absoluta*-ның елеулі экономикалық шығын келтіру әлеуетін ескере отырып, зиянкесті ерте анықтау және уақтылы сәйкестендіру оның кең ауқымда таралуының алдын алу және ауыл шаруашылығы саласына келтірілетін залалды барынша азайту үшін аса маңызды. Молекулалық диагностикалау әдістерін ұлттық фитосанитариялық бақылау жүйелеріне енгізу мониторингтің тиімділігін айтарлықтай арттыруға, карантиндік шараларды жеделдетуге және инвазиялық зиянкестердің таралуы жөніндегі ерте ескерту жүйелерін жетілдіруге мүмкіндік береді.

Бұл зерттеудің алдын ала сипатта екенін және Қазақстандағы, сондай-ақ Орталық Азияның басқа елдеріндегі *T. absoluta* популяцияларының құрылымы мен таралу жолдарын одан әрі зерттеуге негіз болатынын атап өткен жөн. Болашақ зерттеулердің перспективалы бағыттарына сынамалар жинаудың географиялық ауқымын кеңейту, зерттелетін популяциялар санын арттыру, қосымша молекулалық маркерлерді пайдалану, сондай-ақ филогенетикалық және популяциялық-генетикалық талдаулар жүргізу жатады. Бұл инвазиялық популяциялардың шығу тегін, олардың таралу механизмдерін және өңірдегі зиянкестің генетикалық әртүрлілік деңгейін неғұрлым егжей-тегжейлі зерттеуге мүмкіндік береді.

Жалпы алғанда, осы зерттеудің нәтижелері фитосанитариялық мониторинг жүйелерін жетілдіру мақсатында экологиялық мониторингті, молекулалық диагностиканы және заманауи секвенирлеу әдістерін біріктірудің жоғары әлеуетін көрсетеді. COI геніне негізделген ДНҚ-баркодтауды қолдану инвазиялық зиянкестермен интеграцияланған күрес бағдарламаларының маңызды құрамдас бөлігіне айналып, экономикалық шығындарды азайтуға және ауыл шаруашылығы өндірісінің тұрақтылығын қамтамасыз етуге бағытталған *T. absoluta* популяцияларын басқарудың неғұрлым тиімді стратегияларын әзірлеуге ықпал етуі мүмкін.

Қаржыландыру

Бұл зерттеу Қазақстан Республикасы Ауыл шаруашылығы министрлігі тарапынан BR22887230 нысаналы қаржыландыру бағдарламасы аясында қаржыландырылды.

Мүдделер қақтығысы

Барлық авторлар мақаланың мазмұнымен танысып, оны оқып шыққан және олардың арасында мүдделер қақтығысы жоқ.

Әдебиеттер

Arimoto, M., Higo, Y., Kitajima, Y., & Iwaizumi, R. (2025). Molecular phylogeny and identification of Tuta absoluta (Lepidoptera: Gelechiidae) based on mitochondrial DNA. *Applied Entomology and Zoology, 60*, 1–16. https://doi.org/10.1007/s13355-024-00886-5

Ashfaq, M., & Hebert, P. D. N. (2016). DNA barcodes for bio-surveillance: Regulated and economically important arthropod plant pests. *Genome, 59*(11), 933–945. https://doi.org/10.1139/gen-2016-0024

Behera, S. R., Pandey, R., Mohapatra, A., & Abhinav. (2024). Tuta absoluta: The invasive South American tomato pinworm. *Just Agriculture, 4*(8), 334–342.

Biondi, A., Guedes, R. N. C., Wan, F.-H., & Desneux, N. (2018). Ecology, worldwide spread, and management of the invasive South American tomato pinworm, Tuta absoluta: Past, present, and future. *Annual Review of Entomology, 63*, 239–258. https://doi.org/10.1146/annurev-ento-031616-034933

Cao, Y., Yao, R., Wang, Y., Huang, C., Zhang, Y., Liu, W., Li, J., Lin, L., Tan, L., Yan, F., Zhang, G., & Song, X. (2024). Unlocking precision: Advancing rapid field molecular identification of Tuta absoluta across its life cycle using locked nucleic acid strategies. *Sensors and Actuators B: Chemical, 416*, Article 136059. https://doi.org/10.1016/j.snb.2024.136059

Chan, A., Chiang, L. P., Hapuarachchi, H. C., Tan, C. H., Pang, S. C., Lee, R., Lee, K. S., Ng, L. C., & Lam-Phua, S. G. (2014). DNA barcoding: Complementing morphological identification of mosquito species in Singapore. *Parasites & Vectors, 7*, Article 569. https://doi.org/10.1186/s13071-014-0569-4

De Coster, W., D'Hert, S., Schultz, D. T., Cruts, M., & Van Broeckhoven, C. (2018). NanoPack: Visualizing and processing long-read sequencing data. *Bioinformatics, 34*(15), 2666–2669. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty149

Desneux, N., Wajnberg, E., Wyckhuys, K. A. G., Burgio, G., Arpaia, S., Narváez-Vasquez, C. A., González-Cabrera, J., Catalán Ruescas, D., Tabone, E., Frandon, J., Pizzol, J., Poncet, C., Cabello, T., & Urbaneja, A. (2010). Biological invasion of European tomato crops by Tuta absoluta: Ecology, geographic expansion and prospects for biological control. *Journal of Pest Science, 83*, 197–215. https://doi.org/10.1007/s10340-010-0321-6

Gao, T., Feng, R., Liu, Z., & Zhu, Z. (2025). Modeling the potential climatic suitability and expansion risk of Tuta absoluta (Meyrick, 1917) (Lepidoptera: Gelechiidae) under future climate scenarios. *Insects, 16*(2), Article 185. https://doi.org/10.3390/insects16020185

Gómez-Rubio, V. (2017). ggplot2: Elegant graphics for data analysis (2nd edition) [Book review]. *Journal of Statistical Software, 77*(Book Review 2), 1–3. https://doi.org/10.18637/jss.v077.b02

Guedes, R. N. C., Roditakis, E., Campos, M. R., Haddi, K., Bielza, P., Siqueira, H. A. A., Tsagkarakou, A., Vontas, J., & Nauen, R. (2019). Insecticide resistance in the tomato pinworm Tuta absoluta: Patterns, spread, mechanisms, management and outlook. *Journal of Pest Science, 92*, 1329–1342. https://doi.org/10.1007/s10340-019-01086-9

Guillemaud, T., Blin, A., Le Goff, I., Desneux, N., Reyes, M., Tabone, E., Tsagkarakou, A., Niño, L., & Lombaert, E. (2015). The tomato borer, Tuta absoluta, invading the Mediterranean Basin, originates from a single introduction from Central Chile. *Scientific Reports, 5*, Article 8371. https://doi.org/10.1038/srep08371

Guimapi, R. Y. A., Mohamed, S., Okeyo, G., Ndjomatchoua, F., Ekesi, S., & Tonnang, H. (2016). Modeling the risk of invasion and spread of Tuta absoluta in Africa. *Ecological Complexity, 28*, 77–93.

Guimapi, R. A., Srinivasan, R., Tonnang, H. E., Sotelo-Cardona, P., & Mohamed, S. A. (2020). Exploring the mechanisms of the spatiotemporal invasion of Tuta absoluta in Asia. *Agriculture, 10*(4), Article 124. https://doi.org/10.3390/agriculture10040124

Hadapad, A., & Hire, R. (2019). Molecular characterisation of tomato leaf miner Tuta absoluta populations obtained from different geographical locations of India. *Journal of Biological Control, 33*, 147–154. https://doi.org/10.18311/jbc/2019/23115

Han, P., Bayram, Y., Shaltiel-Harpaz, L., Sohrabi, F., Saji, A., Esenali, U. T., Jalilov, A., Ali, A., Shashank, P. R., Ismoilov, K., Lu, Z., Wang, S., Zhang, G., Wan, F., Biondi, A., & Desneux, N. (2019). Tuta absoluta continues to disperse in Asia: Damage, ongoing management and future challenges. *Journal of Pest Science, 92*, 1317–1327. https://doi.org/10.1007/s10340-018-1062-1

Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 270*(1512), 313–321. https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218

Janssen, D., González-Miras, E., & Rodríguez, E. (2023). Tuta absoluta-specific DNA in domestic and synanthropic vertebrate insectivore feces. *Insects, 14*(8), Article 673. https://doi.org/10.3390/insects14080673

Kinyanjui, G., Khamis, F. M., Ombura, F. L. O., Kenya, E. U., Ekesi, S., & Mohamed, S. A. (2019). Infestation levels and molecular identification based on mitochondrial COI barcode region of five invasive Gelechiidae pest species in Kenya. *Journal of Economic Entomology, 112*(2), 872–882. https://doi.org/10.1093/jee/toy357

Kirschner, H., Hentzschel, A., & Kraus, U. (1974). Implantation of methylmethacrylate and TGG catalyst (Palakav) and ceramic substance in animal experiments. *Deutsche Zahnärztliche Zeitschrift, 29*(9), 750–753.

Kress, W. J., & Erickson, D. L. (2012). DNA barcodes: Methods and protocols. *Methods in Molecular Biology, 858*, 3–8. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-591-6_1

Li, H. (2018). Minimap2: Pairwise alignment for nucleotide sequences. *Bioinformatics, 34*(18), 3094–3100. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty191

Machekano, H., Mutamiswa, R., & Nyamukondiwa, C. (2018). Evidence of rapid spread and establishment of Tuta absoluta (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) in semi-arid Botswana. *Agriculture & Food Security, 7*, Article 48. https://doi.org/10.1186/s40066-018-0201-5

Madden, M. J. L., Young, R. G., Brown, J. W., Miller, S. E., Frewin, A. J., & Hanner, R. H. (2019). Using DNA barcoding to improve invasive pest identification at U.S. ports-of-entry. *PLOS ONE, 14*(9), Article e0222291. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0222291

Marullo, R., Mercati, F., & Vono, G. (2020). DNA barcoding: A reliable method for the identification of thrips species (Thysanoptera, Thripidae) collected on sticky traps in onion fields. *Insects, 11*(8), Article 489. https://doi.org/10.3390/insects11080489

Pandey, M., Bhattarai, N., Pandey, P., Chaudhary, P., Katuwal, D. R., & Khanal, D. (2023). A review on biology and possible management strategies of tomato leaf miner, Tuta absoluta (Meyrick), Lepidoptera: Gelechiidae in Nepal. *Heliyon, 9*(6), Article e16474. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e16474

Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (http://www.barcodinglife.org). *Molecular Ecology Notes, 7*(3), 355–364. https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x

Reddy, A. A., Minz, K. A., Meena, P., Sharma, K. C., & Rai, P. K. (2025). *Atlas of invasive insect species: Status of geographical distribution and economic losses in India*. ICAR-National Institute of Biotic Stress Management.

Roditakis, E., Vasakis, E., García-Vidal, L., Martínez-Aguirre, M. del R., Rison, J. L., Haxaire-Lutun, M. O., Nauen, R., Tsagkarakou, A., & Bielza, P. (2018). A four-year survey on insecticide resistance and likelihood of chemical control failure for tomato leaf miner Tuta absoluta in the European/Asian region. *Journal of Pest Science, 91*, 421–435. https://doi.org/10.1007/s10340-017-0900-x

Shashank, P. R., Twinkle, S., Chandrashekar, K., Meshram, N. M., Suroshe, S. S., & Bajracharya, A. S. R. (2018). Genetic homogeneity in South American tomato pinworm, Tuta absoluta: A new invasive pest to oriental region. *3 Biotech, 8*(8), Article 350. https://doi.org/10.1007/s13205-018-1374-0

Vivekanandhan, P., Swathy, K., Sarayut, P., & Patcharin, K. (2024). Biology, classification, and entomopathogen-based management and their mode of action on Tuta absoluta (Meyrick) in Asia. *Frontiers in Microbiology, 15*, Article 1429690. https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1429690

Wang, W., Xiao, G., Yang, B., Ye, J., Zhang, X., Zheng, Y., & Chen, B. (2022). Instar determination for the tomato leafminer Tuta absoluta (Lepidoptera: Gelechiidae) using the density-based OPTICS clustering algorithm. *Environmental Entomology, 51*(5), 940–947. https://doi.org/10.1093/ee/nvac065

Авторлар туралы мәлімет:

Дулат Бақыт – ауыл шаруашылығы ғылымдарының магистрі, ҚР ҒЖБМ ҒК «Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты» ШЖҚ РМК кіші ғылыми қызметкері, «AgriBioTech ғылыми-зерттеу орталығы» ЖШС (Алматы, Қазақстан, e-mail: bahytalt99@gmail.com).

Кенжебекова Роза Талғатовна – биотехнология саласындағы техника және технология магистрі, ҚР ҒЖБМ ҒК «Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты» ШЖҚ РМК ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, e-mail: rozakenzhebekova344@gmail.com).

Даирбекова Зарина Кайратовна – жаратылыстану ғылымдарының магистрі, ҚР ҒЖБМ ҒК «Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты» ШЖҚ РМК зертханашысы (Алматы, Қазақстан, e-mail: dairbekovaz2001@gmail.com).

Махамбетов Әлібек Нұрланұлы – жаратылыстану ғылымдарының магистрі, ҚР ҒЖБМ ҒК «Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты» ШЖҚ РМК зертханашысы (Алматы, Қазақстан, e-mail: alibekmahambetov@gmail.com).

Сағитов Абай Оразұлы – биология ғылымдарының докторы, профессор, ҚР Ұлттық ғылым академиясының академигі, ҚР ҒЖБМ ҒК «Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты» ШЖҚ РМК бас ғылыми қызметкері (Алматы, Қазақстан, e-mail: a_sagitov@mail.ru).

Грищенко Диляра Александровна – PhD, қауымдастырылған профессор, ҚР ҒЖБМ ҒК «Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты» ШЖҚ РМК зертхана меңгерушісі, «AgriBioTech ғылыми-зерттеу орталығы» ЖШС (Алматы, Қазақстан, e-mail: d.kopytina@gmail.com).

Information about the authors:

Dulat Bakyt – Master of Agricultural Sciences, Junior Researcher at the Institute of Plant Biology and Biotechnology, Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan; AgriBioTech Research Center LLP (Almaty, Kazakhstan, e-mail: bahytalt99@gmail.com).

Kenzhebekova Roza Talgatovna – Master of Engineering and Technology in Biotechnology, Researcher at the Institute of Plant Biology and Biotechnology, Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: rozakenzhebekova344@gmail.com).

Dairbekova Zarina Kairatovna – Master of Natural Sciences, Laboratory Assistant at the Institute of Plant Biology and Biotechnology, Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: dairbekovaz2001@gmail.com).

Makhambetov Alibek Nurlanuly – Master of Natural Sciences, Laboratory Assistant at the Institute of Plant Biology and Biotechnology, Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: alibekmahambetov@gmail.com).

Sagitov Abai Orazuly – Doctor of Biological Sciences, Professor, Academician of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan, Chief Researcher at the Institute of Plant Biology and Biotechnology, Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Almaty, Kazakhstan, e-mail: a_sagitov@mail.ru).

Gritsenko Dilyara Alexandrovna – PhD, Associate Professor, Head of Laboratory at the Institute of Plant Biology and Biotechnology, Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan; AgriBioTech Research Center LLP (Almaty, Kazakhstan, e-mail: d.kopytina@gmail.com).

Сведения об авторах:

Дулат Бакыт – магистр сельскохозяйственных наук, младший научный сотрудник РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК, ТОО «Научно-исследовательский центр AgriBioTech» (Алматы, Казахстан, e-mail: bahytalt99@gmail.com).

Кенжебекова Роза Талгатовна – магистр техники и технологии в области биотехнологии, научный сотрудник РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: rozakenzhebekova344@gmail.com).

Даирбекова Зарина Кайратовна – магистр естественных наук, лаборант РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: dairbekovaz2001@gmail.com).

Махамбетов Алибек Нурланович – магистр естественных наук, лаборант РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: alibekmahambetov@gmail.com).

Сагитов Абай Оразулы – доктор биологических наук, профессор, академик НАН РК, главный научный сотрудник РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: a_sagitov@mail.ru).

Гриценко Диляра Александровна – PhD, ассоциированный профессор, заведующая лабораторией РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК, ТОО «Научно-исследовательский центр AgriBioTech» (Алматы, Казахстан, e-mail: d.kopytina@gmail.com).

Келіп түсті: 04 ақпан 2026 жыл
Қабылданды: 20 қыркүйек 2026 жыл