НАУЧНОЕ ОБОЗРЕНИЕ • БИОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ

SCIENTIFIC REVIEW • BIOLOGICAL SCIENCES

№ 5 2026

Журнал «Научное обозрение. Биологические науки» зарегистрирован Федеральной службой по надзору в сфере связи, информационных технологий и массовых коммуникаций. Свидетельство ПИ № ФС77-57454 выдано 27.03.2014
ISSN 2500-3399

Двухлетний импакт-фактор РИНЦ – 0,670
Пятилетний импакт-фактор РИНЦ – 0,351

Учредитель, издатель и редакция: ООО НИЦ «Академия Естествознания»

Почтовый адрес: 101000, г. Москва, а/я 47
Адрес учредителя, издателя: 410056, г. Саратов, ул. им. Чапаева В.И., д. 56
Адрес редакции: 410035, г. Саратов, ул. Мамонтовой, д. 5

Founder, publisher and edition: LLC SPC Academy of Natural History

Post address: 101000, Moscow, p.o. box 47
Founder's, publisher's address: 410056, Saratov, 56 Chapaev V.I. str.
Editorial address: 410035, Saratov, 5 Mamontovoi str.

Подписано в печать 30.10.2026
Дата выхода номера 30.11.2026
Формат 60×90 1/8

Типография ООО НИЦ «Академия Естествознания», 410035, г. Саратов, ул. Мамонтовой, д. 5

Signed in print 30.10.2026
Release date 30.11.2026
Format 60×90 8.1

Typography LLC SPC «Academy Of Natural History» 410035, Saratov, 5 Mamontovoi str.

Технический редактор Доронкина Е. Н.
Корректор Галенкина Е. С., Дудкина Н. А.

Распространяется по свободной цене
Тираж 1000 экз. Заказ НО 2026/5

© ООО НИЦ «Академия Естествознания»

Журнал «НАУЧНОЕ ОБОЗРЕНИЕ» выходил с 1894 по 1903 год в издательстве П. П. Сойкина. Главным редактором журнала был Михаил Михайлович Филиппов. В журнале публиковались работы Ленина, Плеханова, Циолковского, Менделеева, Бехтерева, Лесгафта и др.

Journal «Scientific Review» published from 1894 to 1903. P. P. Soykin was the publisher. Mikhail Filippov was the Editor in Chief. The journal published works of Lenin, Plekhanov, Tsiolkovsky, Mendeleev, Bekhterev, Lesgaft etc.



М. М. Филиппов (M. M. Philippov)

С 2014 года издание журнала возобновлено Академией Естествознания

From 2014 edition of the journal resumed by Academy of Natural History

Главный редактор: Н. Ю. Стукова

Editor in Chief: N. Yu. Stukova

НАУЧНОЕ ОБОЗРЕНИЕ • БИОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ

SCIENTIFIC REVIEW • BIOLOGICAL SCIENCES

https://science-biology.ru

2026 г.

В журнале представлены научные обзоры, статьи проблемного и научно-практического характера

The issue contains scientific reviews, problem and practical scientific articles

РЕДАКЦИОННАЯ КОЛЛЕГИЯ

д.б.н., проф. Абдуллаев Абдуманон (Душамбе), д.т.н., к.ф.-м.н., проф. Айдосов Аллаярбек (Алматы), д.м.н., проф. Аллахвердиев А. Р. (Баку), д.б.н., проф. Аллахвердиев С. Р. (Москва), д.м.н., проф. Ананьев В. Н. (Москва), д.т.н., проф. Артюхова С. И. (Пущино), д.м.н., доцент Барышева Е. С. (Оренбург), д.б.н., к.с.-х.н., доцент Белоус О. Г. (Сочи), д.б.н., проф. Белых О. А. (Иркутск), д.м.н., проф. Брилль Г. Е. (Саратов), д.б.н., проф. Буданцев А. Ю. (Пущино), д.б.н., проф. Ворсанова С. Г. (Москва), д.м.н. Гансбургский А. Н. (Ярославль), д.б.н. Гемеджиева Н. Г. (Алматы), д.м.н., проф. Герасимова Л. И. (Чебоксары), д.б.н., доцент Годин В. Н. (Москва), д.б.н., проф. Гречитаева М. В. (Белгород), д.с.-х.н., к.б.н., проф. Дементьев М. С. (Ставрополь), д.м.н., доцент Евстропов В. М. (Ростов-на-Дону), д.м.н. Извин А. И. (Тюмень), д.б.н. Кавцевич Н. Н. (Мурманск), д.б.н., проф. Калаев В. Н. (Воронеж), д.б.н., доцент Князева О. А. (Уфа), д.м.н. Косарева П. В. (Пермь), д.б.н. Ларионов М. В. (Балашов), д.б.н. Лебедева С. Н. (Улан-Удэ), д.б.н., д.м.н. Медведев И. Н. (Москва), д.б.н. Мосягин В. В. (Курск), д.б.н. Околелова А. А. (Волгоград), д.с.-х.н., проф. Партоев Курбонали (Душамбе), д.б.н. Петраш В. В. (Санкт-Петербург), д.т.н. Похиленко В. Д. (Оболенск), д.м.н., проф. Пучиньян Д. М. (Саратов), д.б.н. Романова Е. Б. (Нижний Новгород), д.м.н. Самигуллина А. Э. (Бишкек), д.б.н., проф. Сафонов М. А. (Оренбург), д.м.н., проф. Сентюрова Л. Г. (Астрахань), д.б.н. Симонович Е. И. (Ростов-на-Дону), д.б.н. Смирнов А. А. (Магадан), д.б.н., проф. Соловых Г. Н. (Оренбург), д.м.н., проф. Сомова Л. М. (Владивосток), д.б.н., проф. Тамбовцева Р. В. (Москва), д.б.н., доцент Хацаева Р. М. (Москва), д.м.н., доцент Хворостухина Н. Ф. (Саратов), д.б.н. Хованский И. Е. (Хабаровск), д.б.н. Шабдарбаева Г. С. (Алматы), д.б.н., проф. Юров И. Ю. (Москва)

СОДЕРЖАНИЕ

Биологические науки

СТАТЬИ

СЕЗОННАЯ И ВОЗРАСТНАЯ ДИНАМИКА НЕМАТОД ЖЕЛУДОЧНО-КИШЕЧНОГО ТРАКТА ЛОШАДЕЙ И ОСЛОВ БУХАРСКОЙ ОБЛАСТИ УЗБЕКИСТАНА

Акрамова Ф. Д., Саидова Ш. О., Уралова Ф. С., Мирзаева А. У., Эгамберганова А. Ш., Эсонбоев Ж. Р., Азимов Д. А. 5

РОЛЬ ИММУНОГЕНЕТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ В РАЗВИТИИ БОЛЕЗНИ ГРЕЙВСА

Душанова Г. А., Зиядуллаев Ш. Х., Камалов З. С., Рузибакиева М. Р., Райимова Ф. С. 18

К БИОИНДИКАЦИОННОЙ ОЦЕНКЕ СОСТОЯНИЯ ПРОМЫШЛЕННЫХ УРБОЦЕНОЗОВ ВОСТОЧНОГО ПОДМОСКОВЬЯ

Зыков И. Е., Ежкова В. Г. 32

ФИТОНЕМАТОДЫ ХЛОПКОВЫХ АГРОЦЕНОЗОВ И ОКРУЖАЮЩИХ ИХ ЭКОСИСТЕМ

Камилова М. Д., Абдурахманова Г. А. 39

БИОТОПИЧЕСКОЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЕ И ЧАСТОТА ВСТРЕЧАЕМОСТИ ЯЩЕРИЦ ЮЖНОГО КЫЗЫЛКУМА

Нормуродов М. Д., Азимов Н. Н. 46

ФАКТОРЫ МИКРОЭВОЛЮЦИИ В КОРЕННЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ ЧЕЛОВЕКА (НА ПРИМЕРЕ БАРАБИНСКИХ СИБИРСКИХ ТАТАР)

Ульянова М. В., Имекина Д. О. 54

СВЯЗЬ УПИТАННОСТИ, ЗРЕЛОСТИ ГОНАД И МАССЫ ТЕЛА С РЕПРОДУКТИВНЫМИ ПОКАЗАТЕЛЯМИ САМОК БЕЛОГО АМУРА ПРИ ГОРМОНАЛЬНОЙ СТИМУЛЯЦИИ

Худайберганова Х. Б. 60

НАУЧНЫЙ ОБЗОР

СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ ИЗУЧЕННОСТИ ФАУНЫ СКОРПИОНОВ (ARACHNIDA: SCORPIONES) УЗБЕКИСТАНА: СИСТЕМАТИКА, РАСПРОСТРАНЕНИЕ И ЭКОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ

Муртозаева Ф. Б. 67

CONTENTS

Biological sciences

ARTICLES

SEASONAL AND AGE-RELATED DYNAMICS OF GASTROINTESTINAL TRACT NEMATODES IN HORSES AND DONKEYS IN THE BUKHARA REGION OF UZBEKISTAN

Akramova F. D., Saidova Sh. O., Uralova F. S., Mirzaeva A. U., Egamberganova A. Sh., Esonboyev Zh. R., Azimov D. A. 5

THE ROLE OF IMMUNOGENETIC FACTORS IN THE DEVELOPMENT OF GRAVES' DISEASE

Dushanova G. A., Ziyadullaev Sh. Kh., Kamalov Z. S., Ruzibakieva M. R., Rayimova F. S. 18

TO THE BIOINDICATIVE ASSESSMENT OF THE STATE OF INDUSTRIAL URBOCENOSES IN THE EASTERN MOSCOW REGION

Zykov I. E., Ezhkova V. G. 32

PHYTONEMATODES OF COTTON AGROCENOSES AND ADJACENT ECOSYSTEMS

Kamilova M. D., Abdurakhmanova G. A. 39

BIOTOPIC DISTRIBUTION AND OCCURRENCE FREQUENCY OF LIZARDS IN THE SOUTHERN KYZYLKUM

Normurodov M D., Azimov N. N. 46

FACTORS OF MICROEVOLUTION IN INDIGENOUS HUMAN POPULATIONS (ON THE EXAMPLE OF THE BARABINSK SIBERIAN TATARS)

Ulyanova M. V., Imekina D. O. 54

ASSOCIATIONS OF CONDITION FACTOR, GONADAL MATURITY AND BODY MASS WITH REPRODUCTIVE PERFORMANCE OF HORMONALLY INDUCED GRASS CARP FEMALES

Khudayberganova Kh. B. 60

REVIEW

CURRENT STATE OF KNOWLEDGE OF THE SCORPION FAUNA (ARACHNIDA: SCORPIONES) OF UZBEKISTAN: SYSTEMATICS, DISTRIBUTION AND ECOLOGICAL FEATURES

Murtozayeva F. B. 67

СТАТЬИ

УДК 576.895.7.636.22/.28

CC BY 4.0

СЕЗОННАЯ И ВОЗРАСТНАЯ ДИНАМИКА НЕМАТОД ЖЕЛУДОЧНО-КИШЕЧНОГО ТРАКТА ЛОШАДЕЙ И ОСЛОВ БУХАРСКОЙ ОБЛАСТИ УЗБЕКИСТАНА

[1]Акрамова Ф. Д. ORCID ID 0000-0002-4603-3698,
[1]Саидова Ш. О. ORCID ID 0000-0002-9512-7463,
[1]Уралова Ф. С. ORCID ID 0009-0009-1949-0699,
[1]Мирзаева А. У. ORCID ID 0000-0002-9212-1648,
[1]Эгамберганова А. Ш. ORCID ID 0009-0006-9226-7395,
[2]Эсонбоев Ж. Р. ORCID ID 0000-0003-0258-9309,
[1]Азимов Д. А. ORCID ID 0000-0002-2674-9242

[1]Институт зоологии Академии наук Республики Узбекистан, Ташкент, Республика Узбекистан, e-mail: saidova.shoira@gmail.com;
[2]Европейский медицинский университет, Ташкент, Республика Узбекистан

Цель настоящей работы – изучить сезонную и возрастную динамику нематод желудочно-кишечного тракта лошадей и ослов Бухарской области Узбекистана. Основным материалом послужили сборы гельминтов лошадей и ослов, разводимых в животноводческих хозяйствах Алатского, Караулбазарского, Рамитанского, Бухарского, Гиждуванского, Шафирканского, Пешкунского и Каракулского районов Бухарской области во все сезоны 2025–2026 гг. Исследования проводили на лошадях (n = 40) и ослах (n = 40) методом диагностической дегельминтизации, кроме того, исследовано 425 проб фекалий. У непарнокопытных выявлено 10 видов гельминтов: *Cyathostomum catinatum, Cylicocyclus auriculatus, C. nassatus, C. insigne, Habronema muscae, Triodontophorus serratus, Oxyuris equi, Strongylus equinus, S. edentatus, Parascaris equorum*. Общими для двух хозяев оказались 6 видов паразитов: *Cyathostomum catinatum, Cylicocyclus auriculatus, C. nassatus, Triodontophorus serratus, Oxyuris equi, Parascaris equorum*. Сравнительный анализ показал, что ослы характеризуются более высокой общей зараженностью и интенсивностью инвазии, особенно по малым стронгилидам. У них отмечается более равномерное распределение паразитов по возрастным группам и более высокая паразитарная нагрузка. У лошадей, напротив, для ряда видов характерны возрастные пики зараженности, особенно для крупных стронгилид. По сезонной же динамике количество паразитов меняется в течение года по-разному. У биогельминтов зависит от развития промежуточных хозяев и их приуроченности к фото-, гео- и термотаксисам. В свою очередь, у геогельминтов пики зараженности приходятся на теплые и влажные месяцы. Таким образом, возраст и вид хозяина являются ключевыми факторами, определяющими структуру и уровень гельминтной инвазии у непарнокопытных, что необходимо учитывать при разработке профилактических и лечебных мероприятий.

Ключевые слова: гельминты, непарнокопытные, лошади, ослы, стронгилиды, сезонная динамика, возрастная динамика, Бухарская область Узбекистана

SEASONAL AND AGE-RELATED DYNAMICS OF GASTROINTESTINAL TRACT NEMATODES IN HORSES AND DONKEYS IN THE BUKHARA REGION OF UZBEKISTAN

[1]Akramova F. D. ORCID ID 0000-0002-4603-3698,
[1]Saidova Sh. O. ORCID ID 0000-0002-9512-7463,
[1]Uralova F. S. ORCID ID 0009-0009-1949-0699,
[1]Mirzaeva A. U. ORCID ID 0000-0002-9212-1648,
[1]Egamberganova A. Sh. ORCID ID 0009-0006-9226-7395,
[2]Esonboyev Zh. R. ORCID ID 0000-0003-0258-9309,
[1]Azimov D. A. ORCID ID 0000-0002-2674-9242

[1]Institute of Zoology of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, Tashkent, Republic of Uzbekistan, e-mail: saidova.shoira@gmail.com;
[2]European Medical University, Tashkent, Republic of Uzbekistan

This study examined how infection by gastrointestinal tract nematodes varied seasonally and among different age groups of horses and donkeys in the Bukhara Region of Uzbekistan. The main material consisted of helminth collections from horses and donkeys raised on livestock farms in the Alat, Kagan, Romitan, Bukhara, Gijduvan, Shofirkon, Peshku and Karakul districts of the Bukhara Region during all seasons of 2025–2026. The study was conducted on horses (n = 40) and donkeys (n = 40) using the diagnostic deworming method; in addition, 425 fecal samples were examined. Ten helminth species were identified in equids: *Cyathostomum catinatum, Cylicocyclus auriculatus, C. nassatus, C. insigne, Habronema muscae, Triodontophorus serratus, Oxyuris equi, Strongylus equinus, S. edentatus* and *Parascaris equorum*. Six parasite species were common to both hosts: *Cyathostomum*

catinatum, Cylicocyclus auriculatus, C. nassatus, Triodontophorus serratus, Oxyuris equi and *Parascaris equorum*. Comparative analysis showed that donkeys had a higher overall prevalence and intensity of infection, particularly with small strongyles. They also exhibited a more uniform distribution of parasites across age groups and a higher parasite burden. In horses, by contrast, age-related peaks of infection were characteristic of several species, particularly large strongyles. Seasonal dynamics also varied among parasite species throughout the year: in biohelminths, parasite occurrence depended on the development of intermediate hosts and their association with photo-, geo-, and thermotactic responses. In geohelminths, peaks of infection occurred during warm and humid months. Thus, the age and host species are key factors determining the structure and level of helminth infection in equids, which should be taken into account when developing preventive and therapeutic measures.

Keywords: helminths, cestodes, horse, donkey, trematodes, nematodes, parasites of land birds, Uzbekistan

Введение

Животноводство является одной из основных отраслей сельского хозяйства Узбекистана. Одной из экономически значимых групп являются непарнокопытные животные. В Бухарской области у домашних жвачных животных и диких копытных выявлено разнообразие гельминтов, включая зоонозные виды, что свидетельствует о циркуляции паразитов среди различных видов животных региона [1]. Взаимодействие паразитов с хозяевами определяется комплексом экологических связей, в результате чего формируются системы «паразит – хозяин». Их изучение позволяет выявлять закономерности формирования видового состава и структуры гельминтофауны. Исследование таких взаимосвязей имеет значение для понимания особенностей формирования и функционирования эпизоотического и эпидемического процессов в конкретных природно-территориальных условиях.

До настоящего времени гельминтофауна лошадей и ослов Бухарской области оставалась изученной недостаточно. Для данного региона отсутствуют полные сведения о видовом составе гельминтов, включая цестодозы, трематодозы и нематодозы, а также о количественных и качественных характеристиках инвазии. Недостаточно изучены сезонные и возрастные изменения зараженности животных, особенности развития эпизоотического процесса, а также вопросы эффективного контроля гельминтозов. В связи с этим изучение видового состава, распространенности и обилия гельминтов у лошадей и ослов разных возрастных групп Бухарской области представляет научный и практический интерес.

Особую научную значимость имеет изучение путей циркуляции гельминтов в системе «паразит – хозяин», поскольку механизмы передачи инвазий определяются взаимодействием биологических особенностей паразита, физиологического состояния хозяина и факторов внешней среды. Изменение климатических параметров, деградация естественных местообитаний, а также широкое применение антигельминтных средств приводят к трансформации традиционных путей циркуляции, смещению сезонной динамики инвазий и изменению структуры гельминтофауны. В этих условиях возрастает роль совместного обитания диких и домашних непарнокопытных.

Не менее важным аспектом является возрастная динамика гельминтофауны. Установлено, что молодые животные (жеребята) более восприимчивы к паразитарным инвазиям вследствие слабой иммунной системы. С возрастом формируется частичный иммунитет, что приводит к снижению интенсивности заражения и изменению видового состава гельминтов. Исследования показывают, что динамическое наблюдение за жеребятами позволяет выявить закономерности формирования паразитоценозов и определить наиболее уязвимые периоды их развития. Следует отметить, что сезонная и возрастная динамика гельминтозов тесно взаимосвязаны и определяют особенности функционирования паразитарных систем. Учет этих факторов является необходимым условием для разработки эффективных профилактических мероприятий. Таким образом, исследование гельминтофауны непарнокопытных животных Центрального Узбекистана с учетом сезонной и возрастной динамики является актуальным и востребованным направлением современной науки.

Цель исследования – изучить сезонную и возрастную динамику нематод желудочно-кишечного тракта лошадей и ослов Бухарской области Узбекистана.

Материалы и методы исследования

Исследования проводили на основе материалов, полученных от лошадей и ослов, содержащихся в животноводческих хозяйствах Алатского, Караулбазарского, Рамитанского, Бухарского, Гиждуванского, Шафирканского, Пешкунского и Каракулского районов Бухарской области во все сезоны 2025–2026 гг. (рис. 1). Для изучения гельминтофауны непарнокопытных применяли комплекс паразитологических методов, включающий диагностическую дегельминтизацию и копрологические исследования. Гельминтологический материал от лошадей и ослов собирался во все сезоны года.

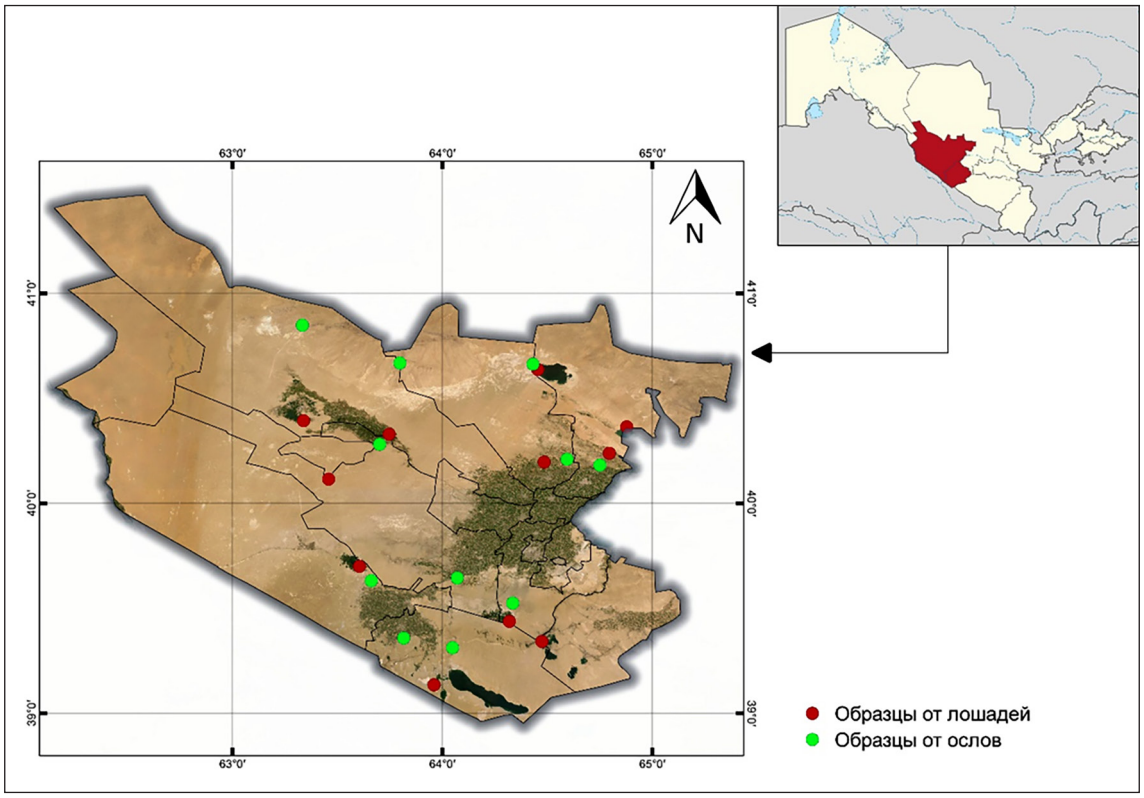


Рис. 1. Координаты точек сбора материалов
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

Исследования проводили на лошадях (n = 40) и ослах (n = 40) методом диагностической дегельминтизации. В каждый сезон обследовали по 10 лошадей и 10 ослов. У лошадей возрастную динамику зараженности изучали в трех группах: до 1 года (n = 13), от 1 до 3 лет (n = 13) и старше 3–4 лет (n = 14). У ослов возрастные группы были следующими: до 6 месяцев (n = 13), от 6 месяцев до 2 лет (n = 13) и старше 2 лет (n = 14).

Для выявления гельминтозов у лошадей и ослов применяли методы паразитологической диагностики. При выборе диагностических подходов учитывали опубликованные данные о чувствительности и диагностической эффективности методов обнаружения яиц гельминтов в фекалиях непарнокопытных [2].

Метод диагностической дегельминтизации заключался в однократном пероральном введении ивермектина в дозе 0,2 мг/кг массы тела с последующим сбором выделившихся гельминтов в течение 24–72 ч, что соответствует современным рекомендациям по контролю гельминтозов у непарнокопытных [3]. Полученный материал промывали, фиксировали в 70 %-м этаноле и идентифицировали по морфологическим признакам.

Для идентификации гельминтов использовались определители и монографии [4]. Изучение морфологии и определение видов гельминтов проводилось на временных и постоянных препаратах с использованием современных приборов: LOMO C-10 стереоскопического микроскопа (Digital Microscope, China, 2022), инвентированного CK-2TR (Olympus, Germany, 2005) и бинокулярного микроскопа NLCD-307 B (Motic, Japan, 2020).

Статистическую обработку полученных данных проводили с использованием методов вариационной статистики и эпидемиологического анализа, общепринятых в паразитологии. Экстенсивность инвазии – ЭИ, % (95 % доверительный интервал – ДИ) рассчитывали как долю зараженных животных от общего числа исследованных. Интенсивность инвазии (ИИ) выражали как среднее значение с указанием стандартного отклонения и диапазона (M ± SD; min–max), что является стандартным методом анализа долевых показателей в паразитологических исследованиях [5] ИИ, экз. (M ± SD; min–max). Сравнение средних значений интенсивности инвазии проводили с использованием t-критерия Стьюдента при нормальном распределении данных. Все расчеты

выполняли с использованием стандартных статистических методов.

Для сравнения средних значений интенсивности инвазии у лошадей и ослов применяли t-критерий для независимых выборок, не предполагающий равенства дисперсий между группами. Статистическую значимость различий оценивали по двустороннему p-value. Различия считали статистически значимыми при $p < 0,05$. Результаты статистического анализа представляли в виде значений t-критерия и p-value.

Результаты исследования и их обсуждение

У непарнокопытных путем диагностической дегельминтизации и копрологических исследований выявлено 10 видов гельминтов: *Cyathostomum catinatum, Cylicocyclus auriculatus, C. nassatus, C. insigne, Habronema muscae, Triodontophorus serratus, Oxyuris equi, Strongylus equinus, S. edentatus, Parascaris equorum*. Общими для двух хозяев оказались 6 видов паразитов: *Cyathostomum catinatum, Cylicocyclus auriculatus, C. nassatus, Triodontophorus serratus, Oxyuris equi, Parascaris equorum* (таблица).

При анализе полученных данных было выявлены доминирующие виды гельминтов среди лошадей: *Habronema muscae* (ЭИ:72,5 %; ИИ:1–96), *Triodontophorus serratus* (62,5 %; 2–100), *Strongylus equinus* (50,0 %; 3–100), *Parascaris equorum* (67,5 %; 1–83). Анализ полученных данных по гельминтозам ослов выявил три доминирующих вида нематод – *Parascaris equorum* (65,0 %; 15–128), *Cyathostomum catinatum* (67,5; 5–170) и *Cylicocyclus nassatus* (67,5 %; 11–250).

Анализ *сезонной динамики* гельминтозов у лошадей и ослов показал, что изменения экстенсивности и интенсивности инвазии напрямую связаны с особенностями жизненного цикла паразитов, характером их миграции в организме хозяев, что наглядно подтверждается графическими данными (рис. 2, 4).

Habronema muscae является гетероксенным видом, промежуточным хозяином которого являются мухи *Musca domestica.* Обращает на себя внимание существенное расхождение между осенней экстенсивностью (50,0 %) и осенней интенсивностью (27,5 ± 3,3 экз., диапазон 21–34): при сохраняющейся высокой зараженности животных средняя нагрузка на одну особь снижается более чем втрое относительно летних значений и оказывается ниже даже весенней (33,5 ± 5,8 экз.).

Степень зараженности гельминтами домашних непарнокопытных Бухарской области

№	Виды гельминтов	Лошадь		Осел		t-критерий	p-value
		ЭИ% (95 % ДИ)	M ± SD (min-max)	ЭИ% (95 % ДИ)	M ± SD (min-max)		
1	*Cyathostomum catinatum*	25,0 (14,2–40,2)	28,5 ± 2,8 (23–34)	67,5 (52,0–80,01)	87,5 ± 41,3 (5–170)	-7,377	$6,72\times10^{-8}$
2	*Cylicocyclus auriculatus*	17,5 (8,7–31,9)	12,5 ± 7,02 (2–23)	25,0 (14–40,2)	19,5 ± 9,3 (1–38)	-1,767	$9,77\times10^{-2}$
3	*Cylicocyclus nassatus*	12,5 (5,5–26,1)	20,0 ± 11,05 (5–35)	67,5 (52,0–80,01)	130,5 ± 59,8 (11–250)	-8,823	$8,07\times10^{-10}$
4	*Cylicocyclus insigne*	15 (7,1–29,1)	28,5 ± 15,01 (5–52)	–			
5	*Triodontophorus serratus*	62,5 (37,5–67,1)	51,0 ± 24,5 (2–100)	25,0 (14,2–40,2)	31,0 ± 6,0 (19–43)	3,806	$6,50\times10^{-4}$
6	*Oxyuris equi*	12,5 (5,5–26,1)	3,5 ± 1,6 (2–5)	20,0 (10,5–34,8)	1,5 ± 0,3 (1–2)	2,765	$4,82\times10^{-2}$
7	*Strongylus equinus*	50,0 (35,5–64,8)	51,5 ± 24,3 (3–100)	–	–		
8	*Strongylus edentatus*	27,5 (16,1–42,8)	40,5 ± 20,0 (1–80)	–	–		
9	*Parascaris equorum*	67,5 (52,0–80,01)	42,0 ± 20,8 (1–83)	65,0 (49,5–77,5)	64,5 ± 28,3 (15–128)	-3,288	$1,94\times10^{-3}$
10	*Habronema muscae*	72,5 (57,2–83,5)	48,5 ± 23,8 (1–96)	–	–		
Всего видов:		10		6			

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования.

Это указывает на то, что осенью сохраняются преимущественно остаточные популяции возбудителя без активного пополнения свежими когортами. Такая динамика напрямую отражает сезонную активность промежуточных хозяев – синантропных мух *Musca domestica*, обеспечивающих передачу возбудителя дефинитивному хозяину. Полное отсутствие *H. muscae* в зимний период соответствует прекращению развития мух при низких температурах, а летний пик экстенсивности (70,0%) и интенсивности (88,0 экз.) – максимальной численности мух в жаркий сезон.

Среди выявленных видов *Triodontophorus serratus* регистрируется во всех четырех сезонах, включая зимний период с экстенсивностью инвазии 20,0 ± 5,7% и интенсивностью 7,0 ± 2,5 экз. Экстенсивность нарастает от зимы к лету, достигая летнего максимума 60 ± 15,5%, и снижается к осени до 30 ± 14,5%. Интенсивность инвазии демонстрирует несколько иной профиль: летний пик 72,5 ± 13,8 экз. сопровождается близким к нему осенним значением 60,0 ± 5,0 экз., то есть при снижении числа зараженных животных осенью средняя нагрузка на одну особь остается высокой. Минимальная зимняя интенсивность (7,0 экз.) подтверждает статус вида как постоянного компонента гельминтоценоза лошадей исследуемого региона.

В отличие от круглогодично присутствующего *T. serratus*, *Strongylus equinus* характеризуется наиболее низкими значениями экстенсивности и интенсивности среди четырех видов на большей части года. Зимой возбудитель не регистрируется, весной экстенсивность составляет 10 ± 9,5% при интенсивности 8,0 ± 2,5 экз., что является минимальным значением из зарегистрированных. Летом показатель повышается до 30 ± 14,5%, однако выраженный подъем наступает только осенью: экстенсивность достигает 50 ± 15,8%, интенсивность – 75,0 ± 12,5 экз. с диапазоном 50–100. Таким образом, для *S. equinus* характерна выраженная концентрация инвазии в осенний период при относительно низком уровне во все остальные сезоны.

Показатели *Parascaris equorum* последовательно нарастают от зимы к осени по обоим параметрам. Зимняя экстенсивность (10 ± 9,5%) и интенсивность (2,8 ± 1,0 экз., диапазон 1–5) – минимальные значения для вида. Весной показатели остаются низкими (ЭИ 10,0%, ИИ 3,0 экз.), однако летом происходит скачкообразный подъем – до 40,0% и 49,0 ± 14,5 экз. соответственно. Осенью регистрируется максимум: экстенсивность 60 ± 15,5% и интенсивность 80,0 ± 21,0 экз. с диапазоном 38–122. Осенние значения *P. equorum* превосходят соответствующие показатели всех остальных видов в этом сезоне, что делает вид доминирующим осенним компонентом гельминтоценоза по данным таблицы.

Parascaris equorum у ослов демонстрирует последовательно нарастающий тренд от зимы к осени по обоим показателям зараженности. Зимняя экстенсивность составляет 10 ± 9,5% при интенсивности 16,0 ± 4,0 экз. с диапазоном 8–24, весной оба показателя удваиваются (20,0% и 30,0 ± 7,5 экз.). Летом наблюдается резкий подъем экстенсивности до 40 ± 15,5%, однако средняя интенсивность инвазии в этот период неожиданно снижается до 18,5 ± 3,3 экз. – то есть вирулентное распространение вида по популяции сопровождается уменьшением индивидуальной нагрузки. Осенью регистрируется максимум по обоим показателям одновременно: экстенсивность достигает 50 ± 15,8%, интенсивность – 47,0 ± 13,0 экз. с диапазоном 21–73.

Выраженный весенне-летний подъем показывает *Cyathostomum catinatum* с летним максимумом. Зимняя экстенсивность (20 ± 12,6%) и интенсивность (13,0 ± 4,0 экз.) – минимальные значения для вида, весной оба показателя увеличиваются более чем вдвое (40,0% и 39,0 ± 12,0 экз.), а летом достигают максимума – экстенсивность 60 ± 15,5% и интенсивность 110,0 ± 30,0 экз. с диапазоном 50–170. Осенью экстенсивность несколько снижается до 50 ± 15,8%, интенсивность – до 68,0 ± 15,5 экз., оставаясь при этом на уровне, значительно превышающем зимне-весенние значения. Такой профиль с четко выраженным летним пиком свидетельствует о существенной роли *C. catinatum* как летнего доминирующего компонента гельминтоценоза ослов исследуемого региона.

Cylicocyclus nassatus демонстрирует наиболее высокие абсолютные значения интенсивности инвазии среди всех трех видов и обеих исследованных групп животных (ослы). Даже зимняя интенсивность 45,0 ± 17,0 экз. с диапазоном 11–79 превышает зимние показатели остальных видов, что указывает на постоянное присутствие вида в организме дефинитивного хозяина с высокой индивидуальной нагрузкой. Весной экстенсивность возрастает до 50 ± 15,8%, а интенсивность инвазии – до 82,5 ± 18,8 экз. с диапазоном 45–120. Летний пик составляет 60 ± 15,5% по экстенсивности и 150,0 ± 50,0 экз. по интенсивности с исключительно широким диапазоном 50–250 экз., что является максимальным значением средней интенсивности во всей таблице.

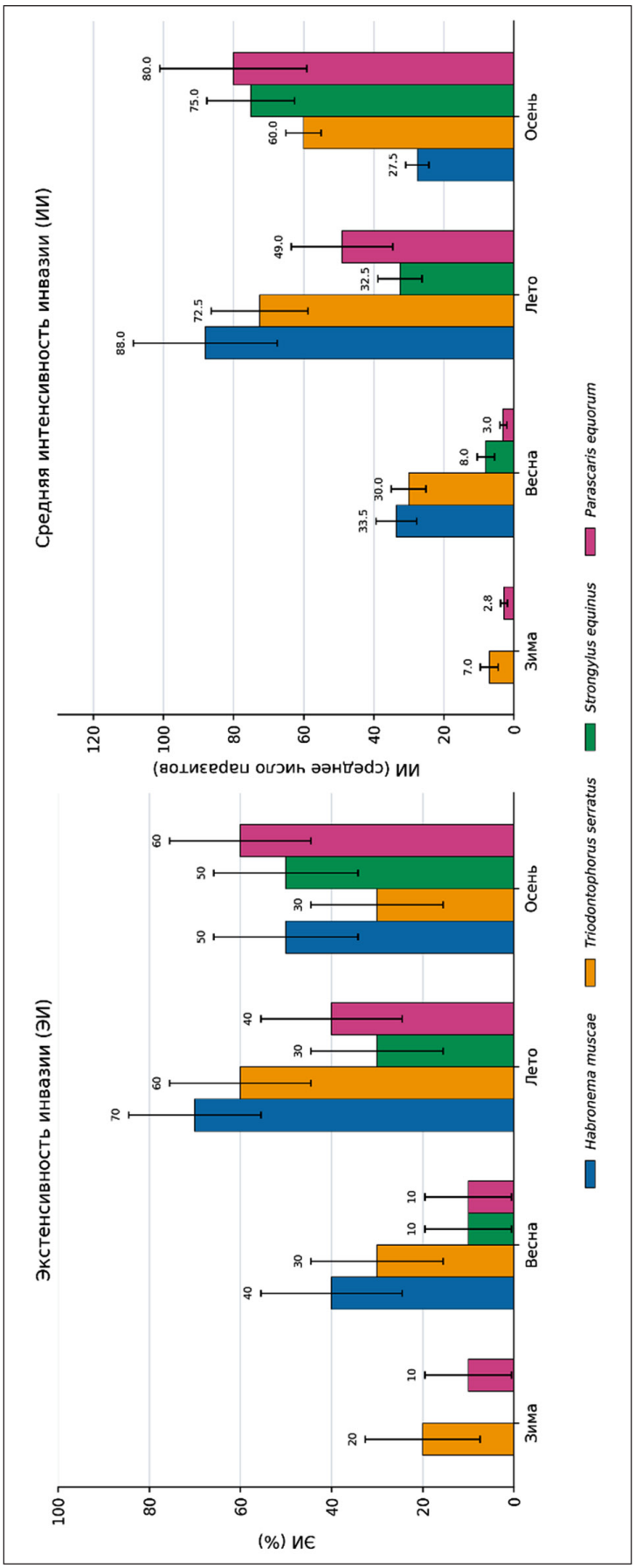


Рис. 2. Сезонная динамика зараженности гельминтами лошадей
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

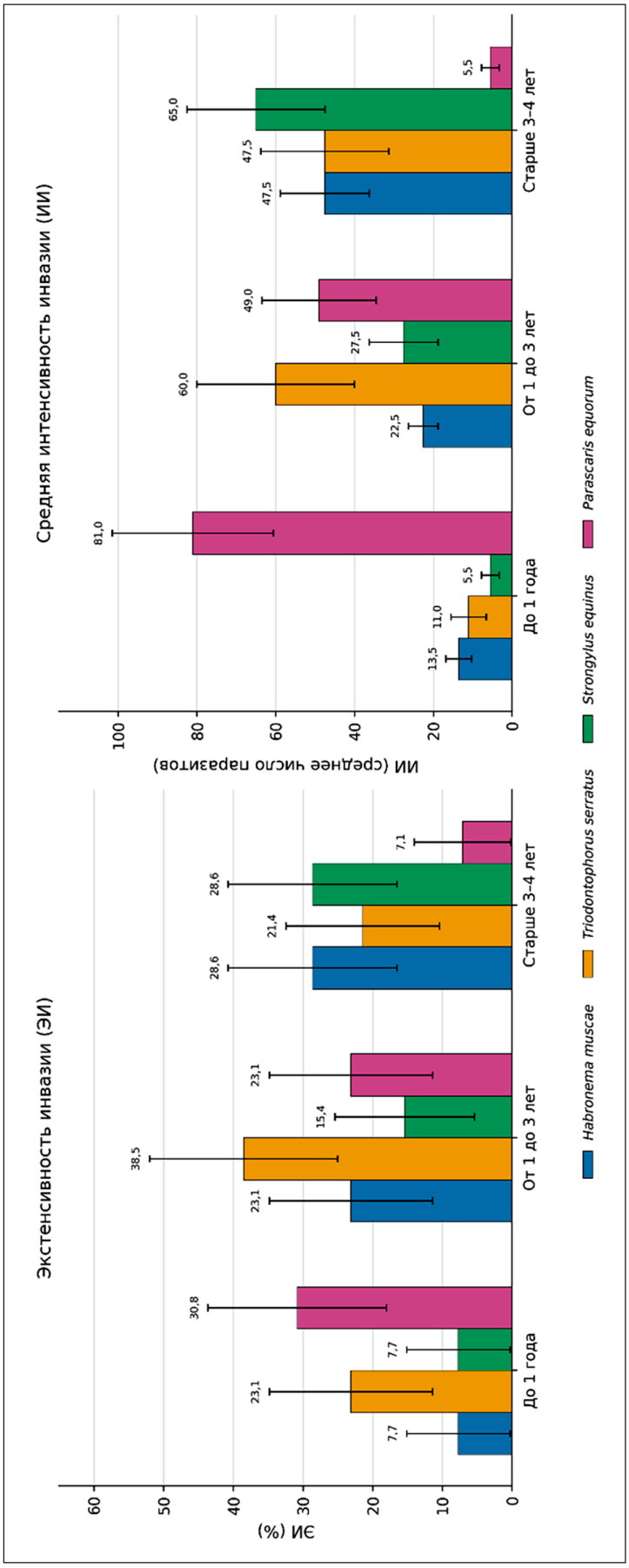


Рис. 3. Возрастная динамика зараженности гельминтами лошадей
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

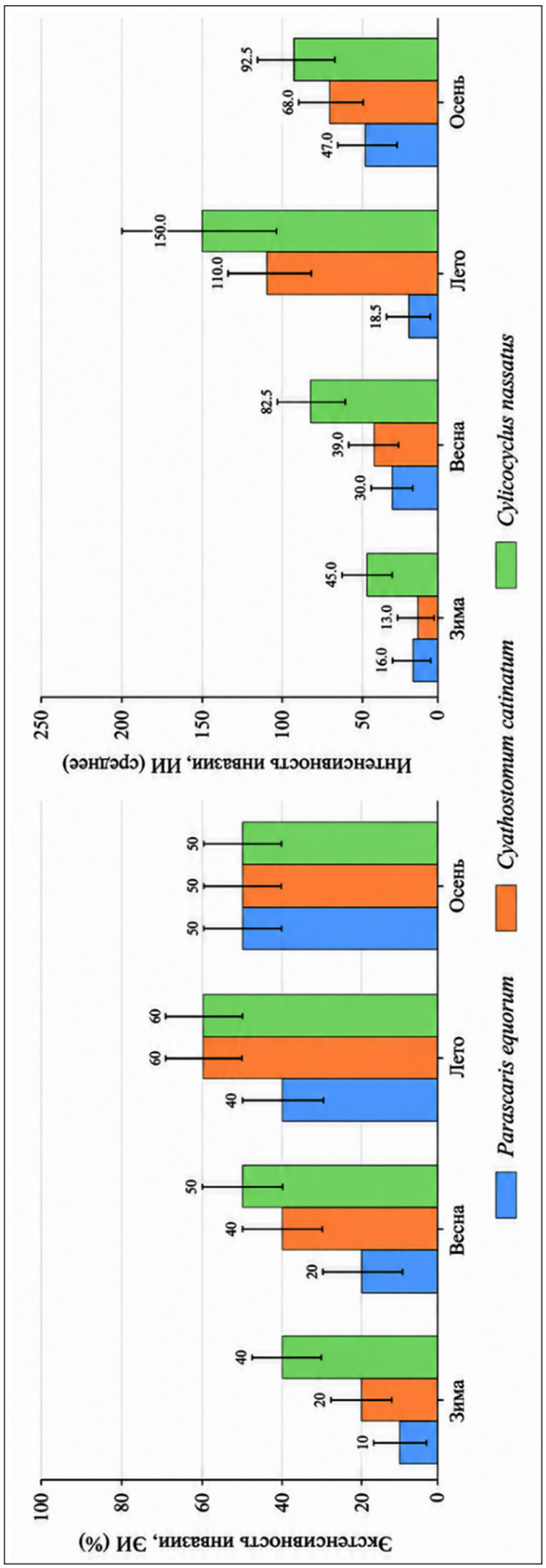


Рис. 4. Сезонная динамика зараженности гельминтами ослов
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

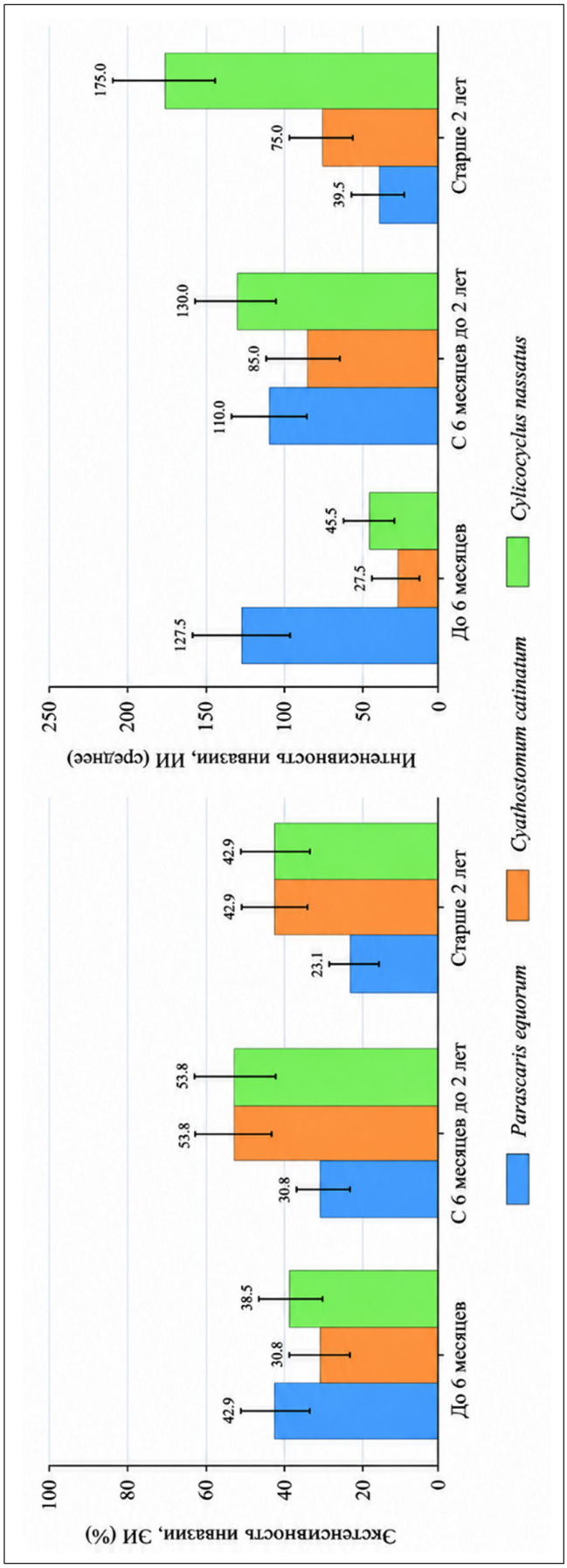


Рис. 5. Возрастная динамика зараженности гельминтами ослов
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

Осенние значения (50,0 % и 92,5 ± 30,3 экз.) остаются существенно выше зимних, подтверждая доминирующее положение *C. nassatus* в структуре гельминтоценоза ослов на протяжении всего теплого сезона.

Также были проведены исследования по *возрастной динамике* зараженности гельминтами. Анализ возрастной динамики зараженности гельминтами у лошадей и ослов показал, что уровень инвазии существенно варьирует в зависимости от вида паразита и возраста животных. Установлено, что для большинства гельминтов характерна тенденция к увеличению экстенсивности и интенсивности инвазии с возрастом, однако выраженность этой закономерности различается между лошадьми и ослами (рис. 3, 5).

Parascaris equorum – единственный вид, у которого пик зараженности приходится на самых молодых животных. У жеребят до года экстенсивность составляет 30,8 ± 12,8 % при средней интенсивности 81,0 ± 20,5 экз., причем максимальные находки в отдельных особях доходят до 122 экз. – это самая высокая индивидуальная нагрузка во всей таблице. К возрасту 1–3 лет показатели резко падают: экстенсивность снижается до 23,1 %, интенсивность – до 49,0 экз. У животных старше 3–4 лет зараженность составляет 7,1 ± 6,9 %, интенсивность 5,5 экз. Молодые особи заражаются массово и с высокой инвазионной нагрузкой.

Совершенно противоположную картину дает *Habronema muscae*. У молодняка до года зараженность минимальна – 7,7 ± 7,4 % при интенсивности 13,5 экз., затем удваивается в возрасте 1–3 лет (23,1 %, 22,5 экз.) и достигает максимума у взрослых животных: 28,6 ± 12,1 % и 47,5 ± 11,25 экз. с диапазоном 25–70. Интенсивность инвазии между младшей и старшей группами вырастает в 3,5 раза – рост очень заметный.

Strongylus equinus следует тому же нарастанию, что и *H. muscae*, но в еще более выраженной форме. У молодняка до года экстенсивность всего 7,7 ± 7,4 % – самое низкое значение во всей таблице, интенсивность 5,5 экз. К возрасту 1–3 лет показатели утраиваются (15,4 % и 27,5 экз.), а у взрослых достигают максимума – 28,6 % и 65,0 ± 17,5 экз. с диапазоном 30–100.

Triodontophorus serratus показывает наиболее необычную из четырех видов возрастную динамику – с пиком в средней возрастной группе. У молодняка до года экстенсивность 23,1 %, у животных 1–3 лет она удваивается до 38,5 ± 13,5 % – это максимум для вида, а у взрослых снова падает до 21,4 %. Интенсивность инвазии проявляет ту же динамику: 11,0 → 60,0 → 47,5 экз.

Если свести все это в единую картину, три из четырех видов подчиняются одному общему правилу: зараженность нарастает от молодняка к взрослым (*H. muscae*, *S. equinus*, отчасти *T. serratus* – но с явным изменением вниз в старшей группе), а *P. equorum* единственный движется в противоположном направлении – от максимума у жеребят к почти нулевой зараженности у взрослых.

Возрастное распределение зараженности у ослов дает картину, заметно отличающуюся от лошадиной. Здесь мы имеем дело с тремя видами, *Cyathostomum catinatum*, *Cylicocyclus nassatus* и *Parascaris equorum*, и что сразу бросается в глаза: все три вида регистрируются во всех трех возрастных группах, включая ослят до 6 месяцев.

Cyathostomum catinatum демонстрирует куполообразный возрастной профиль с пиком в средней группе. У ослят до 6 месяцев экстенсивность составляет 30,8 ± 12,8 % при интенсивности 27,5 экз., у молодняка 6 месяцев – 2 года оба показателя резко возрастают: до 53,8 ± 13,8 % и 85,0 ± 17,5 экз. соответственно. К возрасту старше 2 лет зараженность несколько снижается – до 42,9 % и 75,0 экз. Такая динамика согласуется с известной биологией циатостом: молодые особи заражаются активно с первого выхода на пастбище, к возрасту 1–2 лет накапливается наибольшая паразитарная нагрузка.

Cylicocyclus nassatus следует похожей возрастной траектории, но с двумя принципиальными отличиями. Во-первых, все абсолютные значения интенсивности инвазии у этого вида существенно выше: 45,5 экз. у ослят, 130,0 экз. у молодняка, 175,0 экз. у взрослых с максимумом до 250 экз. Во-вторых, у *C. nassatus* нет характерного для *C. catinatum* снижения интенсивности в старшей группе – наоборот, средняя интенсивность у взрослых животных максимальна (175,0 против 130,0 у молодняка), хотя экстенсивность несколько снижается (42,9 % против 53,8 %). Это означает, что часть взрослых ослов несет исключительно высокую индивидуальную паразитарную нагрузку – до 250 экз. – при том, что доля зараженных животных в популяции стабилизируется.

Parascaris equorum у ослов экстенсивность инвазии до 6 месяцев составляет 53,8 ± 13,8 % при интенсивности 127,5 экз., у молодняка 6 месяцев – 2 года экстенсивность снижается (30,8 %), интенсивность соответственно до 110 экз. У взрослых экстенсивность достигает минимума (23,1 %), интенсивность втрое снижается (39,5 экз., диапазон 9–70).

Возрастные изменения интенсивности инвазии: у *C. catinatum* после повышения в промежуточной возрастной группе наблюдается снижение, у *C. nassatus* – последовательное увеличение, а *у P. equorum* – тенденция к снижению после относительно высоких значений в младших возрастных группах.

Проведенное исследование нематод лошадей и ослов Бухарской области выявило 10 видов нематод у лошадей и 6 – у ослов, из которых 6 видов оказались общими для обоих хозяев, 4 зарегистрированы только у лошадей. Последние виды, зарегистрированы только у лошадей – *Cylicocyclus insigne, Strongylus equinus, Strongylus edentatus* и *Habronema muscae*. Это не случайно: *Strongylus equinus* и *S. edentatus* – крупные стронгилиды с миграцией 8–11 месяцев, что связано со стойловым.

Обратная картина выявлена по общим шести видам, у пяти показатели зараженности ослов превышают таковые у лошадей: *Cylicocyclus nassatus* дает наиболее резкий контраст (67,5 % у ослов, 12,5 % у лошадей), *Cyathostomum catinatum* – 67,5 %, у лошадей 25 %; *Cylicocyclus auriculatus* – 25 %, у лошадей 17,5 %; *Oxyuris equi* – 20 %, у лошадей 12,5 %. Только *Triodontophorus serratus* и *Parascaris equorum* демонстрируют более высокую зараженность у лошадей. Полученная картина в целом соответствует данным исследований других регионов Узбекистана, где мелкие стронгилиды рассматриваются как важнейшая составляющая паразитарных сообществ домашних непарнокопытных. В Каракалпакстане у лошадей было зарегистрировано 53 вида нематод [6]. А также в Иране были зарегистрированы 37 видов нематод пищеварительной системы, что также свидетельствует о значительном разнообразии нематодофауны лошадей, ослов и мулов [7]. При более широком систематическом анализе инвазионных заболеваний непарнокопытных Ирана также среди отдельных групп животных наиболее высокая зараженность была отмечена именно у ослов [8]. Таким образом, в условиях Бухарской области ослы характеризовались более высокой зараженностью рядом мелких стронгилид, особенно *C. nassatus* и *C. catinatum*. Вместе с тем полученные данные позволяют говорить о значимой роли ослов в поддержании циркуляции этих паразитов в исследуемой экосистеме [9].

Parascaris equorum заслуживает отдельного разбора, потому что именно по нему сравнение хозяев дает самый интересный биологический результат. Общая зараженность у лошадей выше (67,5 %, а у ослов 65 %). Полученные результаты по сезонной и возрастной динамике лошадей *P. equorum* касаются исследований, проведенных в северо-западном Узбекистане [10]. Исследование, проведенное в Египте, показало, что зараженность ослов *Parascaris equorum* снижалась с возрастом животных: от 100 % у ослов в возрасте 1–2 лет до 14,28 % в возрасте 3–5 лет, тогда как у животных в возрасте 6–8 лет данный паразит не выявлялся [11].

Возрастная структура других нематод у лошадей имела иной характер. У нематод *Habronema muscae* и *Strongylus equinus* наблюдалось постепенное увеличение экстенсивности и интенсивности инвазии с возрастом хозяина. У *H. muscae* экстенсивность возрастала от 7,7 % у молодых животных до 28,6 % у взрослых, а интенсивность – с 13,5 до 47,5 экз.; аналогичная тенденция была характерна для *S. equinus*, где интенсивность увеличивалась с 5,5 экз. у молодых животных до 65,0 экз. у взрослых. Такая возрастная зависимость может отражать различия в биологии паразитов и характере накопления инвазионного материала при многократных заражениях в течение жизни. Для стронгилид подобная зависимость особенно характерна, поскольку взрослые животные имеют более длительную историю контакта с инвазионными стадиями паразитов.

Triodontophorus serratus занимал промежуточное положение: максимальная экстенсивность инвазии отмечена у животных в возрасте 1–3 лет (38,5 %), после чего у взрослых снижалась до 21,4 %, однако интенсивность оставалась относительно высокой (47,5 экз.). Возрастная динамика нематод у лошадей в нашем исследовании была выраженно видоспецифичной: *P. equorum* характеризовался преимущественным поражением молодых животных, *H. muscae* и *S. equinus* – постепенным увеличением инвазии с возрастом, тогда как *T. serratus* демонстрировал максимальные показатели в средней возрастной группе. Подобная неоднородность возрастных профилей согласуется с данными исследований эквид в других регионах Азии, где влияние возраста на паразитарное сообщество зависит от конкретной группы нематод и условий содержания животных [12, 13].

По сезонной динамике общий – летне-осенний максимум зараженности у большинства видов, обусловливается сочетанием весенне-летнего пика пастбищной передачи, реализующего заражения через 8–15 недель. В свою очередь, различия – в структуре пиков у лошадей четыре вида четко разделяются на две группы: летний пик (*Habronema muscae*, *Triodontophorus*

serratus) и осенний пик (*Strongylus equinus, Parascaris equorum*), с полным отсутствием *Habronema* и *S. equinus* зимой. У ослов же все три исследованных вида регистрируются круглогодично, включая зимний период, и все три достигают летнего максимума. Сезонные изменения зараженности гельминтами у ослов отмечены также в Эфиопии, где максимальные показатели стронгилезной инвазии регистрировались в основной сезон дождей, тогда как в последующие сухой и короткий дождливый сезоны интенсивность заражения была существенно ниже [14]. Ключевую роль играют поведенческие различия – ослы менее подвижны, реже мигрируют между пастбищами, чаще концентрируются вблизи мест водопоя и человеческого жилья независимо от сезона.

Возрастная структура зараженности у обоих хозяев подчиняется общему принципу – паразиты специализированы по возрастным нишам. Но реализуется этот принцип по-разному. У лошадей четыре вида четко распределены между тремя возрастными группами: *Parascaris* доминирует у молодняка до года, *Triodontophorus* – в средней возрастной группе с частичной встречаемостью у взрослых, *Habronema* и *Strongylus equinus* нарастают с возрастом. Такое распределение отражает разные механизмы: возрастного иммунитета для *P. equorum*, накопление для мигрирующих стронгилид и промежуточный сценарий с частичным иммунным контролем для *T. serratus*. У ослов же возрастное распределение более сжатое: все три вида регистрируются во всех группах, накопление происходит быстро – уже к 6 месяцам – 2 годам пиковые значения присутствуют. Для *C. catinatum* свойственен куполообразный профиль у взрослых; у *C. nassatus* – непрерывное накопление с возрастом, вплоть до 250 экз. в отдельных особях старшей группы. У лошадей также выявлена возрастная динамика паразитарной инвазии: в исследовании показатели зараженности *Parascaris spp.* и *Strongylus spp.* изменялись в зависимости от возраста жеребят [15].

В целом полученные данные впервые дают развернутую картину зараженности нематодами желудочно-кишечного тракта лошадей и ослов аридной зоны Бухарской области с одновременным учетом видового состава, сезонной динамики и возрастной структуры инвазии. Наиболее значимые биологические результаты – контраст видового богатства (10/6 видов), доминирование ослов как резервуара мелких стронгилид (в первую очередь *C. nassatus*), и отсутствие возрастного иммунитета к *P. equorum* у ослов на фоне классического его проявления у лошадей – представляют интерес как для региональной паразитологии, так и для более широкой сравнительной биологии гельминтозов.

Заключение

Сравнительный анализ показал, что ослы характеризуются более высокой общей зараженностью и интенсивностью инвазии, особенно по малым стронгилидам. У них отмечается более равномерное распределение паразитов по возрастным группам и более высокая паразитарная нагрузка. У лошадей, напротив, для ряда видов характерны возрастные пики зараженности, особенно для крупных стронгилид. По сезонной же динамике количество паразитов меняется в течение года по-разному: у биогельминтов зависит от развития промежуточных хозяев и их приуроченности к фото-, гео- и термотаксисам. В свою очередь, у геогельминтов пики зараженности приходятся на теплые и влажные месяцы. Таким образом, возраст и вид хозяина являются ключевыми факторами, определяющими структуру и уровень гельминтной инвазии у непарнокопытных, что необходимо учитывать при разработке профилактических и лечебных мероприятий.

Все процедуры с животными проводились в соответствии с одобрением Комитета по этике (2010/63/EU) и с соблюдением международных рекомендаций по защите и благополучию животных. До проведения отбора любых образцов было получено письменное информированное согласие владельцев животных.

Список литературы

1. Akramova F. D., Mirzaeva A. U., Saidova S. O., Uralova F. S., Toshev P. Y., Shakarbaev U. A., Azimov D. A., Said M. B., Belkahia H. // Helminth diversity, prevalence, and host-specific patterns in wild and domestic ruminants of the Bukhara region // Uzbekistan. Journal of advanced veterinary and animal research. 2026. Vol. 13 (1). P. 274–283. URL: https://www.bibliomed.org/?mno=292796 (дата обращения: 10.11.2026). DOI: 10.5455/javar.2026.m1031.

2. Ghafar A., Abbas G., King J., Jacobson C. Comparative studies on faecal egg counting techniques in equines // International journal for parasitology: parasites and wildlife. 2021. Vol. 15. P. 104–110. URL: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8906068/ (дата обращения: 10.11.2026). DOI: 10.1016/j.crpvbd.2021.100046.

3. Rendle D., Austin C., Bowen M., Cameron I., Furtado T., Hodgkinson J., McGorum B., Matthews J. Equine deworming: a consensus on current best practice // UK-Vet Equine. 2019. Vol. 3 (Suppl. 1). P. 1–14. URL: https://www.magonlinelibrary.com/doi/abs/10.12968/ukve.2019.3.S.3 (дата обращения: 10.11.2026). DOI: 10.12968/ukve.2019.3.S.3.

4. Anderson R. C. Nematode parasites of vertebrates: their development and transmission. CABI Publishing: Wallingford, 2000. 672 p. ISBN 978-0-85199-421-5.

5. Tedla M., Abichu B. Cross-sectional study on gastrointestinal parasites of equids in Ethiopia // Parasite Epidemiology and Control. 2018. Vol. 3 (4). P. 48–57. URL: https://www.sci-

encedirect.com/science/article/pii/S2405673118300060?utm_source = chatgpt.com#article (дата обращения: 10.11.2026). DOI: 10.1016/j.parepi.2018.e00076.

6. Kaniyazov A. J., Shakarboev E. B. Helminths of horses in Karakalpakstan: seasonal, spatial and age dynamics // Acta Biologica Sibirica. 2023. Vol. 9. P. 539–548. URL: https://zenodo.org/records/8317592 (дата обращения: 10.11.2026). DOI: 10.5281/zenodo.8317592.

7. Sazmand A., Bahari A., Papi S., Otranto D. Parasitic diseases of equids in Iran (1931–2020): a literature review // Parasites & Vectors, 2020. Vol. 13. P. 586. DOI: 10.1186/s13071-020-04472-w.

8. Khamesipour F., Taktaz-Hafshejani T., Tebit K. E., Razavi S. M., Hosseini S. R. Prevalence of endo- and ecto-parasites of equines in Iran: a systematic review // Veterinary Medicine and Science. 2021. Vol. 7 (1). P. 25–34. URL: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/vms3.321 (дата обращения: 10.11.2026). DOI: 10.1002/vms3.321.

9. Buono F., Veneziano V., Veronesi F., Molento M. B. Horse and donkey parasitology: differences and analogies for a correct diagnostic and management of major helminth infections // Parasitology. Cambridge Core. 2023. Vol. 150 (12). P. 1119–1138. DOI: 10.1017/S0031182023000525.

10. Каниязов А. Ж. Гельминты непарнокопытных животных (Perissodactyla) Каракалпакстана: автореф. дис. … докт. фил. по биол. наук. Ташкент, 2020. 46 с. [Электронный ресурс]. URL: https://library.ziyonet.uz/book/113569 (дата обращения: 06.11.2026).

11. Attia M. M., Khalifa M. M., Atwa M. T. The prevalence and intensity of external and internal parasites in working donkeys (Equus asinus) in Egypt // Veterinary World. 2018. Vol. 11(9). P. 1298–1306. DOI: 10.14202/vetworld.2018.1298-1306.

12. Zhanabaev A. A., Ibraev B. K., Lider L. A., Ussenbaev A. E., Bissengaliev R. M. Epizootic situation on horse helminthiases in the northern region of Kazakhstan // Veterinaria Italiana. 2023. Vol. 59 (1). P. 11–22. URL: https://veterinariaitaliana.izs.it/index.php/VetIt/article/view/2740 (дата обращения: 06.11.2026). DOI: 10.12834/VetIt.2740.17604.3.

13. Mohtasebi S., Ahn S., Karimi M., Saberi M., Gilleard J. S., Poissant J. Enhanced detection of equine strongyles: Insights from morphological and nemabiome metabarcoding approaches in northern Iran // Equine Veterinary Journal. 2026. Vol. 58 (2). P. 508–522. URL: https://beva.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/evj.70120 (дата обращения: 10.11.2026). DOI: 10.1111/evj.70120.

14. Dibaba M. D., Getachew A. M., Assefa Z., Fanta A., Etana M., Firew S., Goshu L., Burden F. Seasonal variation of strongylosis in working donkeys of Ethiopia: a cross-sectional and longitudinal studies // Parasitology Research. 2017. Vol. 116 (7). P. 2009–2015. URL: https://link.springer.com/article/10.1007/s00436-017-5485-z (дата обращения: 10.11.2026). DOI: 10.1007/s00436-017-5485-z.

15. Fabiani J. V., Lyons E. T., Nielsen M. K. Dynamics of Parascaris and Strongylus spp. parasites in untreated juvenile horses // Veterinary Parasitology. 2016. Vol. 230. P. 62–66. DOI: 10.1016/j.vetpar.2016.11.002.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest.

Финансирование: Данная научно-исследовательская работа выполнена в рамках научной программы Института зоологии Академии наук Республики Узбекистан на 2025–2029 гг. «Создание цифровой информационной системы животного мира Бухарской и Навоийской областей», финансируемой из средств государственного бюджета.

Financing: This research work was carried out within the framework of the research pro-gram of the Institute of Zoology of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan for 2025–2029 “Creation of a digital information system of the animal world of the Bukhara and Navoi regions”, financed from the state budget.

УДК 616.441-008.64:616-097:575.174.015.3

CC BY 4.0

РОЛЬ ИММУНОГЕНЕТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ В РАЗВИТИИ БОЛЕЗНИ ГРЕЙВСА

[1]Душанова Г. А. ORCID ID 0000-0003-0971-5160,
[2]Зиядуллаев Ш. Х. ORCID ID 0000-0002-9309-3933,
[2]Камалов З. С. ORCID ID 0000-0001-6551-3155,
[2]Рузибакиева М. Р. ORCID ID 0000-0002-5982-945X,
[1]Райимова Ф. С. ORCID ID 0000-0003-3843-5352

[1]Самаркандский государственный университет имени Шарафа Рашидова, Самарканд, Республика Узбекистан, e-mail: dushanovagavhar456@gmail.com;
[2]Институт иммунологии и геномики человека Академии наук Республики Узбекистан, Ташкент, Республика Узбекистан

Болезнь Грейвса – аутоиммунное заболевание щитовидной железы, развитие которого определяется взаимодействием генетических факторов и нарушений иммунной регуляции. Цель исследования – изучить ассоциации полиморфизмов JAK2 rs1887428, STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561 с БГ и оценить их взаимосвязь с сывороточными уровнями IFN-γ и IL-10. В исследование включены 87 пациентов с БГ и 65 практически здоровых лиц контрольной группы. Генотипирование проводили методом mismatch PCR-RFLP с использованием эндонуклеазы MspI, концентрации IFN-γ и IL-10 определяли методом иммуноферментного анализа. Для JAK2 rs1887428 статистически значимой ассоциации с БГ не выявлено, при аллельном анализе отмечена пограничная тенденция для аллеля C (OR = 1,71; 95 % ДИ: 0,99–2,94; p = 0,0509). Для STAT1 rs1547550 выявлена ассоциация аллеля G с БГ (OR = 2,60; 95 % ДИ: 1,37–4,92; p = 0,0033). Для IFNG rs2430561 установлена ассоциация аллеля A с БГ (OR = 2,80; 95 % ДИ: 1,55–5,06; p = 0,0004); для генотипа AA по сравнению с TT OR составило 5,67 (95 % ДИ: 1,56–20,57; p = 0,0048). У пациентов с БГ уровни IFN-γ и IL-10 были значительно выше контрольных значений (87,18 ± 2,26 и 48,65 ± 1,54 против 13,82 ± 0,78 и 9,06 ± 0,43 пг/мл соответственно, p < 0,001). В генотипических подгруппах выявлены различия цитокинового профиля для JAK2, отмечалось повышение обоих цитокинов, тогда как для STAT1 и IFNG повышение IFN-γ сопровождалось снижением IL-10. Полученные результаты указывают на возможную роль вариантов STAT1 и IFNG в генетической предрасположенности к БГ и формировании особенностей цитокинового ответа. Для подтверждения выявленных ассоциаций необходимы исследования на более крупных независимых выборках.

Ключевые слова: болезнь Грейвса, иммуногенетика, JAK2, STAT1, IFNG, IFN-γ, IL-10, однонуклеотидный полиморфизм, цитокины

Благодарности: *Авторы выражают благодарность сотрудникам лаборатории Института иммунологии и геномики человека Академии наук Республики Узбекистан за содействие в проведении молекулярно-генетических исследований.*

THE ROLE OF IMMUNOGENETIC FACTORS IN THE DEVELOPMENT OF GRAVES' DISEASE

[1]Dushanova G. A. ORCID ID 0000-0003-0971-5160,
[2]Ziyadullaev Sh. Kh. ORCID ID 0000-0002-9309-3933,
[2]Kamalov Z. S. ORCID ID 0000-0001-6551-3155,
[2]Ruzibakieva M. R. ORCID ID 0000-0002-5982-945X,
[1]Rayimova F. S. ORCID ID 0000-0003-3843-5352

[1] Samarkand State University named after Sharaf Rashidov, Samarkand, Republic of Uzbekistan, e-mail: dushanovagavhar456@gmail.com;
[2]Institute of Human Immunology and Genomics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, Tashkent, Republic of Uzbekistan

Graves' disease is an autoimmune thyroid disorder whose development is determined by interactions between genetic factors and dysregulation of immune responses. This study aimed to investigate the associations of JAK2 rs1887428, STAT1 rs1547550, and IFNG rs2430561 polymorphisms with GD and to assess their relationships with serum IFN-γ and IL-10 levels. The study included 87 patients with GD and 65 apparently healthy individuals in the control group. Genotyping was performed using mismatch PCR-RFLP with the MspI restriction endonuclease, while serum IFN-γ and IL-10 concentrations were measured by enzyme-linked immunosorbent assay. No statistically significant association between JAK2 rs1887428 and GD was identified, however, allelic analysis showed a borderline trend for the C allele (OR = 1.71; 95 % CI: 0.99–2.94; p = 0.0509). For STAT1 rs1547550, the G allele was associated with GD (OR = 2.60; 95 % CI: 1.37–4.92; p = 0.0033). For IFNG rs2430561, the A allele was associated with GD (OR = 2.80; 95 % CI: 1.55-5.06; p = 0.0004), while the AA genotype showed an increased odds compared with the TT genotype (OR = 5.67; 95 % CI: 1.56-20.57; p = 0.0048). Patients with GD had significantly higher serum IFN-γ and IL-10 levels than controls (87.18 ± 2.26 and 48.65 ± 1.54 vs. 13.82 ± 0.78 and 9.06 ± 0.43 pg/mL, respectively; p < 0.001). Genotype-stratified analysis revealed differences in cytokine profiles for JAK2, both cytokines increased across genotypes, whereas for STAT1 and IFNG, higher IFN-γ levels were accompanied by lower IL-10 levels. These findings suggest a potential role of STAT1 and IFNG variants in genetic susceptibility to GD and in shaping cytokine responses. Further studies in larger independent cohorts are required to confirm these associations.

Keywords: Graves' disease, immunogenetics, JAK2, STAT1, IFNG, IFN-γ, IL-10, single nucleotide polymorphism, cytokines

Acknowledgements: *The authors express their gratitude to the staff of the Laboratory of the Institute of Immunology and Human Genomics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan for their assistance in conducting the molecular genetic studies.*

Введение

Согласно современным эпидемиологическим данным, в глобальном здравоохранении регистрируется неуклонный рост заболеваемости аутоиммунной патологией, включая болезнь Грейвса, при этом риски срыва иммунологической толерантности тесно сопряжены с социально-экономическими факторами, нутритивным статусом и триггерным прессингом окружающей среды [1]. Патогенетическая структура аутоиммунной патологии детерминирована сложным, до конца не расшифрованным синергизмом генетических факторов хозяина и триггерного прессинга окружающей среды, при этом отсутствие единого международного консенсуса в верификации критериев заболеваний и постоянная эволюция методов иммунологической диагностики существенно затрудняют точную оценку истинных масштабов их распространенности [2]. Взаимосвязь врожденных дефектов иммунной регуляции и системной аутоагрессии подтверждается высокой частотой манифестации аутоиммунных синдромов (до 29,8 % случаев) при первичных иммунодефицитных состояниях, что указывает на общие триггерные механизмы нарушения клеточного гомеостаза и подчеркивает патогенетическую значимость поиска их молекулярно-генетических маркеров [3].

Дополнительным критическим срывом иммунного гомеостаза выступают инфекционные агенты, способные инициировать или потенцировать системный аутоиммунный процесс посредством механизмов молекулярной мимикрии, распространения эпитопов, высвобождения секвестрированных аутоантигенов и неспецифической гиперактивации патоген-распознающих рецепторов врожденного иммунитета [4]. В основе патогенеза аутоиммунной патологии лежит генетически детерминированное нарушение механизмов центральной и периферической толерантности, приводящее к потере способности иммунной системы дифференцировать «свое» от «чужого» [1] и последующему сдвигу баланса дифференцировки Т-хелперов Th1/Th2 в сторону гиперпродукции провоспалительных цитокинов, непрерывная активация которых запускает хронический деструктивный каскад в органах-мишенях [5]. Развитие патологического аутоиммунитета требует сочетанного присутствия генетических и негенетических факторов риска, при этом стохастическая пенетрантность заболеваний и расхождение фенотипов у монозиготных близнецов могут быть обусловлены возникновением соматических мутаций в пролиферирующих аутореактивных клонах лимфоцитов, что позволяет им обходить регуляторные контрольные точки самотолерантности [6].

Болезнь Грейвса занимает ведущее место в структуре гипертиреоидных состояний, составляя от 60 до 80 % всех случаев тиреотоксикоза, и характеризуется склонностью к персистирующему рецидивирующему течению с неопределенными сроками ремиссии, что диктует необходимость детального изучения ее иммунопатогенеза для оптимизации предиктивно-диагностических алгоритмов [7]. Болезнь Грейвса представляет собой обусловленный наследственностью примерно на 79 % многофакторный процесс, который является наиболее частой причиной гипертиреоза с ежегодной заболеваемостью 20 случаев на 100 тыс. чел., манифестирует преимущественно у женщин в возрасте от 30 до 60 лет и характеризуется нарушением иммунной толерантности к антигенам щитовидной железы с выработкой аутоантител к рецептору ТТГ-TRAb [8]. Неэффективность существующих терапевтических подходов при болезни Грейвса, обеспечивающих стойкую ремиссию лишь у 50 % пациентов, и высокая инвалидизация при развитии орбитопатии диктуют острую необходимость углубленного изучения молекулярных триггеров Th1-опосредованного иммунного ответа для поиска новых таргетируемых звеньев патогенеза [9]. Вектор развития болезни Грейвса тесно сопряжен с выраженным дисбалансом клеточного иммунитета, характеризующимся дефицитом цитотоксических супрессорных Т-лимфоцитов на фоне резкой гиперактивации ранних и поздних поверхностных антигенов активации клеток, что указывает на стадийность течения заболевания и выраженную гетерогенность его иммунопатогенеза [10].

Эволюционно консервативный внутриклеточный каскад JAK-STAT выступает фундаментальным регулятором иммуногенетического гомеостаза, при этом широкий спектр зародышевых и соматических мутаций в генах данной сигнальной оси детерминирует развитие фенотипически гетерогенной группы врожденных ошибок иммунитета и системных аутоиммунных расстройств [11]. Регулируя такие фундаментальные процессы, как гемопоэз, дифференцировку и апоптоз иммунокомпетентных клеток, внутриклеточный каскад JAK/STAT выступает центральным коммуникационным узлом для более чем 50 цитокинов и факторов роста, при этом генетическая вариабельность его компонентов ассоциирована с развитием широкого спектра аутоиммунных и воспалительных заболеваний человека [12]. Внутриклеточный каскад

JAK/STAT, обеспечивающий трансдукцию цитокиновых сигналов в ядро клетки посредством нековалентного связывания янус-киназ с рецепторами и последующей димеризации транскрипционных факторов семейства STAT, вовлечен в патогенез широкого спектра иммуновоспалительных и аутоиммунных нарушений, при этом герминальные мутации и полиморфизмы данных локусов напрямую коррелируют со специфическими фенотипами заболеваний [13].

Стойкая патологическая активация универсально экспрессируемого внутриклеточного каскада JAK-STAT, обеспечивающего прямое сопряжение внеклеточных стимулов с ядерным транскрипционным аппаратом, тесно ассоциирована с формированием хронических иммуновоспалительных расстройств, что диктует необходимость детального изучения молекулярных механизмов его регуляции для оптимизации таргетной терапии [14]. Фундаментальное биологическое действие интерферона-гамма на экспрессионный профиль клеток-мишеней детерминировано сложным балансом между классическим сигнальным каскадом JAK-STAT1 и альтернативными, STAT1-независимыми молекулярными путями, синергизм которых определяет многообразие паттернов транскрипции при аутоиммунном воспалении [15]. При этом активируемая интерфероном-гамма сигнальная ось JAK-STAT1 выступает фундаментальным триггером провоспалительной поляризации макрофагов и модуляции эффекторных функций лейкоцитов, определяя интенсивность тканевого повреждения и персистенцию воспалительных реакций при системных аутоиммунных процессах [16].

Цель исследования – изучить ассоциации полиморфизмов *JAK2* rs1887428, *STAT1* rs1547550 и *IFNG* rs2430561 с болезнью Грейвса и оценить их взаимосвязь с уровнями сывороточных цитокинов IFN-γ и IL-10.

Материал и методы исследования

Характеристика групп больных и этические аспекты

В исследование включены 87 больных с болезнью Грейвса в возрасте от 15 до 67 лет, среди которых было 66 женщин (75,9 %) и 21 мужчина (24,1 %). Контрольную группу составили 65 практически здоровых лиц в возрасте от 17 до 58 лет, в том числе 33 женщины и 32 мужчины. Диагноз болезни Грейвса устанавливался на основании клинических, лабораторных и инструментальных данных, включая признаки тиреотоксикоза, результаты гормонального исследования, определение тиреотропных антител и ультразвукового исследования щитовидной железы. В исследование не включали лиц с другими аутоиммунными заболеваниями, выраженной сопутствующей патологией и другими состояниями, способными существенно влиять на иммунологические показатели. Все участники были информированы о целях и характере исследования и дали информированное согласие. Для несовершеннолетних участников информированное согласие предоставляли их законные представители. Дебют заболевания в исследуемой популяции регистрировался начиная с 15-летнего возраста. Диагностика основывалась на тщательном анализе жалоб и данных анамнеза больных, также на результатах физикального осмотра, лабораторных и инструментальных исследований. Диагностический процесс осуществлялся в соответствии с клиническими рекомендациями Общественной организации «Российская ассоциация эндокринологов», утвержденными в 2021 г.

Дополнительными лабораторными критериями верификации болезни Грейвса служили: стойкое снижение уровня тиреотропного гормона ниже нижней границы принятой физиологической нормы (ТТГ < 0,3 мкМЕ/мл) в сочетании с повышенными концентрациями свободных фракций тироксина (св. Т4 > 17,2 пг/мл) и трийодтиронина (св. Т3 > 5,7 пмоль/л), также позитивным титром антител к рецептору ТТГ (ат-рТТГ > 1,5 МЕ/л). В качестве базовых референсных интервалов для исследуемых параметров были приняты следующие клинические показатели ТТГ – 0,3–4,5 мкМЕ/мл, свободный Т4 – 8,9–17,2 пг/мл, свободный Т3 – 2,63–5,7 пмоль/л, антитела к рецептору ТТГ (ат-рТТГ) – 0,25–1,5 МЕ/л, антитела к тиреопероксидазе (ат-ТПО) – 0–30 Ед/л. В качестве визуализирующих критериев использовали данные ультразвукового исследования щитовидной железы, охарактеризовавшиеся диффузным увеличением объема органа, специфическим изменением эхогенности и выраженным усилением васкуляризации тиреоидной ткани.

Контрольная группа (n = 65) была сформирована методом случайного отбора и включала соматически здоровых лиц, мужчин, n = 32, и женщин, n = 33. Возраст участников контрольной группы составлял от 17 до 58 лет. Критериями исключения для обеих групп являлись наличие острых и хронических воспалительных, аутоиммунных, онкологических и тяжелых соматических заболеваний. С учетом различий в половом составе групп результаты исследования интерпретировали без утверждения о полном совпадении групп по полу.

Исследование проведено в соответствии с этическими принципами проведения исследований с участием человека. Протокол исследования был рассмотрен и одобрен соответствующим этическим комитетом (протокол № 5 от 2025 г.). Все участники исследования предоставили информированное согласие на участие в исследовании.

Выделение ДНК и оценка ее качества

Молекулярно-генетические исследования проводились в лаборатории отдела клеточной терапии Института иммунологии и геномики человека АН РУз. Образцы периферической венозной крови объемом 2 мл собирали в одноразовые пробирки с К3-ЭДТА в качестве антикоагулянта. Геномную ДНК выделяли с использованием коммерческого набора реагентов «ДНК-Сорб-В» (НПФ «АмплиСенс», Россия) в строгом соответствии с инструкцией производителя. Концентрацию и чистоту выделенной ДНК оценивали на микрообъемном спектрофотометре NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, США). Критерием приемлемого качества и достаточной очистки нуклеиновых кислот от примесей белков и фенолов считали соотношение оптической плотности A260/A280 ≥ 1,8.

Дизайн праймеров и условия проведения ПЦР

Генотипирование исследуемых SNP методом mismatch-PCR-RFLP. Информация об исследуемых однонуклеотидных полиморфизмах JAK2 rs1887428 (G/C), STAT1 rs1547550 (G/A) и IFNG rs2430561 (T/A), включая их хромосомную локализацию и аллельный состав, была получена из международной базы данных NCBI dbSNP. Для генотипирования указанных локусов применяли метод mismatch-PCR-RFLP (CRS-PCR-RFLP – *Controlled Ribozyme/Restriction Site* ПЦР), основанный на введении искусственного несовпадения нуклеотидов в структуру одного из праймеров, что необходимо для формирования аллель-специфического сайта рестрикции эндонуклеазы в случаях, когда нативная нуклеотидная замена его не образует. Олигонуклеотидные праймеры были разработаны с использованием биоинформационных инструментов компании *Integrated DNA Technologies (IDT)*. Последовательности праймеров, локализация в них искусственных замен (mismatch) и молекулярные схемы формирования сайтов узнавания для эндонуклеазы MspI (5′-C^CGG-3′) представлены в табл. 1.

Таблица 1

Молекулярно-дизайнерские характеристики mismatch-праймеров для генотипирования локусов JAK2, STAT1 и IFNG

Исследуемый локус (SNP)	Направление и последовательность праймеров (5′→3′)	Положение искусственного мисматча	Целевой полиморфизм	сайт рестрикции MspI (5′→3′) после гибридизации	Расщепляемый аллель
JAK2 rs1887428	F: 5′-ATC TGA AAG GGC GGT GGC C-3′ R: 5′-TGA TGT TGG GCA TGA TCC TC-3′	Предпоследний нуклеотид C в F-праймере (замена нативного T)	rs1887428 [G/C]	5′-A G G G C G G T G G G C [C/G]...-3′ (mismatch выделен полужирным, полиморфный локус в скобках)	Аллель C
STAT1 rs1547550	F: 5′-GGC ACC AGA AGT GGT GCG C-3′ R: 5′-CCT TCG TGT TGA ACT CGT CA-3′	Предпоследний нуклеотид C в F-праймере (замена нативного G)	rs1547550 [G/A]	5′-A G A A G T G G T G G C C [G/A]...-3′ (mismatch выделен полужирным, полиморфный локус в скобках)	Аллель G
IFNG rs2430561	F: 5′-TCA TCG TCT CAC CAT CAGC-3′ R: 5′-GTT TCG TGT CAC TTC GTC AG-3′	Предпоследний нуклеотид C в F-праймере (замена нативного A)	rs2430561 [T/A]	5′-C T C A C C A T C A G C [G/T]...-3′ (на комплементарной цепи, рестрикция аллеля A, кодирующего G на антипараллельной нити)	Аллель A

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования. Выделенный полужирным шрифтом и подчеркнутый нуклеотид C в составе прямых (F) праймеров указывает на положение искусственно введенного мисматча, который при гибридизации с комплементарной матрицей расщепляемого аллеля (находящегося в непосредственном 3′-соседстве) замыкает палиндромную последовательность сайта рестрикции 5′-CCGG-3′.

Таблица 2

Длина рестрикционных фрагментов и электрофоретические критерии идентификации генотипов по исследуемым локусам

Исследуемый локус (SNP)	Исходный ПЦР-продукт (п. н.)	Расщепляемый аллель	Длина теоретических фрагментов после рестрикции (п. н.)	Фактически учитываемые в геле фрагменты при интерпретации генотипов (п. н.)
JAK2 rs1887428	214	Аллель C	192+22	Генотип GG: 214 п. н. (не расщепляется) Генотип GC: 214+192 п. н. Генотип CC: 192 п. н.
STAT1 rs1547550	240	Аллель G	218+22	Генотип AA: 240 п. н. (не расщепляется) Генотип AG: 240+218 п. н. Генотип GG: 218 п. н.
IFNG rs2430561	267	Аллель A	245+22	Генотип TT: 267 п. н. (не расщепляется) Генотип TA: 267+245 п. н. Генотип AA: 245 п. н.

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования. Электрофоретические фрагменты минимального размера (22 п. н.) в использованной горизонтальной тест-системе при интерпретации генотипов на геле не учитывали вследствие их крайне низкой визуализируемости в 2 % агарозном геле. Идентификацию генотипов образцов осуществляли строго по наличию, отсутствию или сочетанному присутствию основных фрагментов соответствующего размера (214/192 п. н. для локуса *JAK2*, 240/218 п. н. для локуса *STAT1*, 267/245 п. н. для локуса *IFNG*).

Амплификацию специфических фрагментов ДНК выполняли в конечном объеме реакционной смеси 25 мкл. Состав реакционной смеси: 12,5 мкл DreamTaq Green PCR Master Mix (2×) (*Thermo Scientific*, США), по 1,0 мкл (10 пмоль/мкл) прямого и обратного праймеров (конечная концентрация в реакции -0,4 мкМ), 2 мкл раствора геномной ДНК, содержащего 5010-0 нг ДНК-матрицы, 8,5 мкл деионизированной стерильной воды ультравысокой очистки.

Амплификацию проводили на термоциклере при следующих параметрах: начальная денатурация при 95 °С – 5 мин; затем 35 циклов: денатурация при 95 °С – 30 с, отжиг праймеров при 58 °С – 30 с, элонгация при 72 °С – 45 с; финальная достройка цепей при 72 °С – 7 мин. Температура отжига 58 °С.

Гидролиз полученных ампликонов осуществляли эндонуклеазой рестрикции MspI (*Thermo Scientific*, США) в объеме 20 мкл: 10 мкл ПЦР-продукта инкубировали с 10 Ед фермента и 2 мкл 10-кратного буфера *Tango* при температуре 37 °С в течение 12–16 ч с последующей тепловой инактивацией рестриктазы при 65 °С в течение 20 мин. Продукты рестрикционного гидролиза разделяли методом горизонтального электрофореза в 2 % агарозном геле в трис-ацетатном буфере (TAE) при напряженности электрического поля 5 В/см. Для визуализации ДНК использовали бромистый этидий. Электрофореграммы регистрировали в проходящем ультрафиолетовом свете с помощью системы гель-документации Gel Doc™ XR+ (Bio-Rad Laboratories, США).

Размеры рестрикционных фрагментов определяли в сопоставлении с маркером молекулярных весов (100 bp DNA Ladder). Характеристика полученных продуктов расщепления представлена в табл. 2.

Результаты исследования и их обсуждение

В ходе исследований был проведен детальный сравнительный анализ распределения частот аллелей и генотипов однонуклеотидных полиморфизмов JAK2 rs1887428 (G/C), STAT1 rs1547550 (G/A) и IFNG rs2430561 (T/A) у 87 больных болезнью Грейвса и 65 практически здоровых лиц, составивших контрольную группу. Результаты анализа, включающие абсолютные и относительные частоты, значения критериев χ^2 Пирсона, точного критерия Фишера, а также расчет показателей отношения шансов OR с 95 %-ми доверительными интервалами 95 %, CI, представлены в табл. 3.

По данным табл. 3 *JAK2* rs1887428 частота аллеля G составила 70,11 % у больных с БГ и 80,00 % в контрольной группе, тогда как частота аллеля C составила 29,89 и 20,00 % соответственно. Различие в распределении аллелей находилось на границе статистической значимости ($\chi^2 = 3,81$; $p = 0,0509$). Для аллеля C OR составило 1,71 (95 % CI: 0,99–2,94), при этом доверительный интервал включал единицу. При использовании точного критерия Фишера статистически значимого различия также не выявлено ($p = 0,0629$).

Таблица 3

Распределение аллелей и генотипов полиморфизмов JAK2 rs1887428, STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561 у больных болезнью Грейвса и в контрольной группе

Локус / вариант	Больные БГ, n (%)	Контроль, n (%)	χ^2; p	OR (95 % ДИ)
JAK2 rs1887428				
Аллель G	122 (70,11)	104 (80,00)	$\chi^2 = 3,81$; p = 0,0509	1,00 – референс
Аллель C	52 (29,89)	26 (20,00)	–	1,71 (0,99–2,94)
Генотип GG	45 (51,72)	43 (66,15)	–	1,00 – референс
Генотип GC	32 (36,78)	18 (27,69)	p = 0,1436*	1,70 (0,81–3,56)
Генотип CC	10 (11,49)	4 (6,15)	p = 0,1571*	2,39 (0,68–8,38)
Общее распределение генотипов	–	–	$\chi^2 = 3,42$; p = 0,1805	–
STAT1 rs1547550				
Аллель C**	130 (74,71)	115 (88,46)	$\chi^2 = 8,61$; p = 0,0033	1,00 – референс
Аллель G**	44 (25,29)	15 (11,54)	–	2,60 (1,37–4,92)
Генотип CC**	49 (56,32)	50 (76,92)	–	1,00 – референс
Генотип CG**	32 (36,78)	15 (23,08)	p = 0,0347*	2,18 (1,02–4,64)
Генотип GG**	6 (6,90)	0 (0,00)	p = 0,0307*	–
Общее распределение генотипов	–	–	$\chi^2 = 9,17$; p = 0,0102	–
IFNG rs2430561				
Аллель T	120 (68,97)	112 (86,15)	$\chi^2 = 12,54$; p = 0,0004	1,00 – референс
Аллель A	54 (31,03)	18 (13,85)	–	2,80 (1,55–5,06)
Генотип TT	50 (57,47)	50 (76,92)	–	1,00 – референс
Генотип TA	20 (22,99)	12 (18,46)	p = 0,2175*	1,67 (0,74–3,78)
Генотип AA	17 (19,54)	3 (4,62)	p = 0,0048*	5,67 (1,56–20,57)
Общее распределение генотипов	–	–	$\chi^2 = 8,79$; p = 0,0123	–

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования. *Двусторонний точный критерий Фишера для аллельного сравнения локуса JAK2 rs1887428 дает значение (p = 0,0629). **Попарные сравнения генотипов относительно соответствующего референса выполнены с использованием критерия χ^2 Пирсона. ***Для генотипа GG локуса STAT1 rs1547550 в связи с его нулевой частотой в группе контроля расчет показателей (OR) и 95 % ДИ выполнен с использованием математической модификации Халдейна – Анскомба.

Распределение генотипов GG, GC и CC не различалось статистически значимо между группами ($\chi^2 = 3,42$; p = 0,1805). Частота генотипа GG составила 51,72 % у больных и 66,15 % в контроле, GC – 36,78 и 27,69 %, CC – 11,49 и 6,15 % соответственно. При сравнении с генотипом GG отношения шансов для GC и CC составили соответственно 1,70 (95 % CI: 0,81–3,56) и 2,39 (95 % CI: 0,68–8,38).

Таким образом, статистически значимой ассоциации *JAK2* rs1887428 с БГ в исследованной выборке не установлено.

Для *STAT1* rs1547550 выявлены статистически значимые различия в распределении аллелей. Частота аллеля C составила 74,71 % у больных с БГ и 88,46 % в контрольной группе, аллеля G – 25,29 и 11,54 % соответственно. Носительство аллеля G было связано с повышенными шансами наличия БГ (OR = 2,60; 95 % CI: 1,37–4,92; p = 0,0033). Распределение генотипов различалось между группами ($\chi^2 = 9,17$; p = 0,0102). Генотип CC выявлен у 56,32 % больных и 76,92 % лиц контроля, CG – у 36,78 и 23,08 % соответственно, тогда как генотип GG обнаружен только среди больных с БГ – у 6,90 %. По сравнению с генотипом CC наличие генотипа CG было связано с повышенными шансами заболевания (OR = 2,18; 95 % CI: 1,02–4,64; p = 0,0347). Для генотипа GG получено OR = 10,51 (95 % CI: 0,58–190,10; p = 0,0307). Широкий доверительный интервал для GG отражает малое число носителей и отсутствие данного генотипа в контрольной группе.

Для *IFNG* rs2430561 выявлены статистически значимые различия в распределении аллелей. Частота аллеля T составила 68,97 % у больных и 86,15 % в контрольной группе, тогда как аллеля A – 31,03 и 13,85 % соответственно. Носительство аллеля A было связано с повышенными шансами наличия БГ (OR = 2,80; 95 % CI: 1,55–5,06; p = 0,0004). Общее распределение генотипов *IFNG* rs2430561 статистически значимо различалось между группами (χ^2 = 8,79; p = 0,0123). Генотип TT встречался у 57,47 % больных и 76,92 % лиц контроля, TA – у 22,99 и 18,46 %, AA – у 19,54 и 4,62 % соответственно. При сравнении с генотипом TT для TA статистически значимой ассоциации не выявлено (OR = 1,67; 95 % CI: 0,74–3,78; p = 0,2175). Для генотипа AA установлена статистически значимая ассоциация с БГ, OR = 5,67 (95 % CI: 1,56–20,57; p = 0,0048).

Таким образом, в исследованной выборке статистически значимая ассоциация с болезнью Грейвса выявлена для *STAT1* rs1547550 и *IFNG* rs2430561. Для *STAT1* rs1547550 ассоциация наблюдалась на уровне аллеля G и генотипа CG, тогда как для *IFNG* rs2430561 – на уровне аллеля A и генотипа AA. Для *JAK2* rs1887428 статистически значимой ассоциации с БГ не установлено, несмотря на пограничную тенденцию в аллельном сравнении.

Полученные данные указывают на различный характер ассоциаций исследованных вариантов с БГ, варианты *STAT1* rs1547550 и *IFNG* rs2430561 характеризовались статистически значимыми межгрупповыми различиями, тогда как для *JAK2* rs1887428 достоверной связи в данной выборке не выявлено.

Анализ сывороточной концентрации IFN-γ в зависимости от генотипов

Для оценки взаимосвязи исследуемых генетических вариантов с особенностями цитокинового ответа определяли концентрацию IFN-γ в сыворотке крови у пациентов с болезнью Грейвса в зависимости от генотипов полиморфизмов *JAK2* rs1887428, *STAT1* rs1547550 и *IFNG* rs2430561. Результаты представлены в табл. 4.

Анализ концентрации IFN-γ в сыворотке крови показал выраженное повышение уровня данного провоспалительного цитокина у больных болезнью Грейвса по сравнению с контрольной группой. В общей группе пациентов средняя концентрация IFN-γ составила 87,18 ± 2,26 pg/mL, медиана 85,30 [73,77; 103,15] pg/mL, при диапазоне значений от 53,9 до 123,2 pg/mL. В контрольной группе соответствующие показатели составили 13,82 ± 0,78 pg/mL и 14,35 [9,27; 17,55] pg/mL (7,5–20,1 pg/mL).

Таблица 4

Концентрация IFN-γ (pg/mL) в сыворотке крови у больных с болезнью Грейвса в зависимости от генотипов исследуемых полиморфизмов

Группа / генотип	n	M ± m, pg/ml	Me [Q1; Q3], pg/ml	Min-Max, pg/ml	p
Контроль	65	13,82 ± 0,78	14,35 [9,27; 17,55]	7,5–20,1	–
Пациенты, общая группа	87	87,18 ± 2,26	85,30 [73,77; 103,15]	53,9–123,2	< 0,001
JAK2 rs1887428					
GG	45	71,88 ± 1,31	71,17 [67,04; 76,93]	60,57–80,77	< 0,001
GC	32	103,38 ± 2,52	101,97 [96,41; 109,03]	89,85–116,10	< 0,001
CC	10	104,19 ± 2,83	102,98 [97,12; 111,76]	91,87–121,15	< 0,001
STAT1 rs1547550					
CC	49	75,02 ± 1,50	73,42 [68,20; 80,24]	62,18–85,25	< 0,001
CG	32	101,40 ± 2,71	100,30 [94,78; 108,32]	88,26–114,34	< 0,001
GG	6	110,63 ± 2,91	109,32 [101,30; 118,35]	95,28–125,37	< 0,001
IFNG rs2430561					
TT	50	74,09 ± 1,53	72,65 [67,54; 80,84]	61,40–84,93	< 0,001
TA	20	102,43 ± 3,07	100,28 [93,63; 110,51]	86,98–117,68	< 0,001
AA	17	107,75 ± 2,87	106,42 [99,77; 114,61]	92,10–122,79	< 0,001

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования. p – уровень статистической значимости различий концентрации IFN-γ между соответствующей генотипической группой больных болезнью Грейвса и контрольной группой.

Таким образом, средний уровень IFN-γ у пациентов был выше контрольных значений, различия между группами были статистически значимыми ($p < 0,001$). Существенное расхождение между медианой и средним значением в группе больных, также более широкий диапазон вариации указывают на выраженную межиндивидуальную неоднородность цитокинового ответа при болезни Грейвса.

При анализе концентрации IFN-γ в зависимости от генотипа JAK2 rs1887428 выявлена отчетливая градация показателей. У носителей генотипа GG средняя концентрация IFN-γ составила 71,88 ± 1,31 pg/mL, медиана 71,17 [67,04; 76,93] pg/mL. У гетерозигот GC показатель увеличивался до 103,38 ± 2,52 pg/mL, медиана 101,97 [96,41; 109,03] pg/mL, тогда как у носителей CC достигал 104,19 ± 2,83 pg/mL при медиане 102,98 [97,12; 111,76] pg/mL. Таким образом, переход от генотипа GG к носительству аллеля C сопровождался существенным повышением концентрации IFN-γ. По сравнению с GG средний уровень цитокина был выше у носителей GC и на 45 % выше у носителей CC. При этом медианные значения в группах GC и CC также существенно превышали показатель группы GG. Все генотипические группы статистически значимо отличались от контроля ($p < 0,001$).

Полученная закономерность указывает на возможную связь полиморфизма JAK2 rs1887428 с особенностями IFN-γ-опосредованного иммунного ответа при болезни Грейвса. Особенно выраженный контраст между GG и GC/CC позволяет предположить, что наличие аллеля C может быть ассоциировано с более высокой продукцией IFN-γ.

Для STAT1 rs1547550 выявлена выраженная зависимость концентрации IFN-γ от генотипа. У носителей CC средний уровень цитокина составлял 75,02 ± 1,50 pg/mL, медиана 73,42 [68,20; 80,24] pg/mL. У гетерозигот CG концентрация увеличивалась до 101,40 ± 2,71 pg/mL, медиана 100,30 [94,78; 108,32] pg/mL, у носителей GG достигала 110,63 ± 2,91 pg/mL, при медиане 109,32 [101,30; 118,35] pg/mL.

Таким образом, отмечалась последовательная тенденция увеличения уровня IFN-γ по мере перехода от CC к CG и GG. Средняя концентрация IFN-γ у носителей CG была примерно на 35 % выше, чем у CC, а у носителей GG – примерно на 47 % выше.

Наиболее выраженная генотип-ассоциированная вариабельность концентрации IFN-γ обнаружена для IFNG rs2430561. У пациентов с генотипом TT средняя концентрация цитокина составляла 74,09 ± 1,53 pg/mL, медиана 72,65 [67,54; 80,84] pg/mL. У носителей гетерозиготного генотипа TA показатель возрастал до 102,43 ± 3,07 pg/mL, медиана 100,28 [93,63; 110,51] pg/mL. Максимальные значения отмечены у носителей AA: 107,75 ± 2,87 pg/mL, медиана 106,42 [99,77; 114,61] pg/mL, наличие аллеля A сопровождалось существенным повышением уровня IFN-γ: по сравнению с TT средняя концентрация была выше у носителей генотипа TA и у носителей генотипа AA. Все генотипические группы характеризовались статистически значимо более высокой концентрацией IFN-γ по сравнению с контролем ($p < 0,001$).

Результаты показывают, что повышение концентрации IFN-γ при болезни Грейвса имеет не только общий характер, но и сопровождается выраженной межиндивидуальной вариабельностью, частично связанной с генетическими вариантами в генах JAK2, STAT1 и IFNG. Наиболее низкие значения IFN-γ среди исследованных генотипов наблюдались у JAK2 GG (71,88 ± 1,31 pg/mL), STAT1 CC (75,02 ± 1,50 pg/mL) и IFNG TT (74,09 ± 1,53 pg/mL), тогда как наиболее высокие значения отмечены соответственно у JAK2 CC (104,19 ± 2,83 pg/mL), STAT1 GG (110,63 ± 2,91 pg/mL) и IFNG AA (107,75 ± 2,87 pg/mL).

Таким образом, во всех трех локусах генотипы, ассоциированные с повышенной концентрацией IFN-γ, характеризовались существенно более высокими значениями цитокина по сравнению с соответствующими группами с низким уровнем.

Биологически выявленные ассоциации представляют особый интерес с учетом функциональной взаимосвязи исследуемых генов. IFNG кодирует непосредственно IFN-γ, тогда как JAK2 и STAT1 входят в систему внутриклеточной передачи сигнала, посредством которой реализуются эффекты ряда цитокинов, включая IFN-γ. Поэтому согласованное изменение концентрации IFN-γ в зависимости от генотипов трех исследуемых локусов может отражать комплексное влияние генетических факторов на регуляцию воспалительного иммунного ответа. При болезни Грейвса подобное усиление IFN-γ-ассоциированного ответа потенциально может поддерживать активацию клеточных механизмов воспаления и способствовать нарушению иммунологической толерантности.

Полученные данные свидетельствуют о выраженном повышении сывороточной

концентрации IFN-γ при болезни Грейвса и указывают на возможную роль полиморфных вариантов JAK2 rs1887428, STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561 в формировании индивидуальных особенностей провоспалительного цитокинового ответа. Наиболее последовательная генотип-зависимая тенденция выявлена для STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561, где увеличение числа соответствующих аллелей сопровождалось повышением концентрации IFN-γ.

В табл. 5 представлены показатели концентрации IL-10 в сыворотке крови больных болезнью Грейвса в зависимости от генотипов полиморфизмов JAK2 rs1887428, STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561. В контрольной группе средняя концентрация IL-10 составляла 9,06 ± 0,43 pg/mL. Во всех исследованных генотипических подгруппах больных болезнью Грейвса данный показатель был статистически значимо выше контрольного уровня ($p < 0,001$).

В табл. 5 представлены показатели концентрации противовоспалительного цитокина IL-10 в сыворотке крови больных болезнью Грейвса в зависимости от генотипов полиморфизмов JAK2 rs1887428, STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561. Данные свидетельствуют о выраженном повышении уровня IL-10 у пациентов с болезнью Грейвса по сравнению с контрольной группой.

В контрольной группе средняя концентрация IL-10 составляла 9,06 ± 0,43 pg/mL, медиана 9,60 [7,70; 10,35] pg/mL, при диапазоне 4,3–14,3 pg/mL. В общей группе больных средняя концентрация IL-10 достигала 48,65 ± 1,54 pg/mL, медиана 48,65 [38,12; 58,75] pg/mL, диапазон 28,7–71,5 pg/mL.

Таким образом, средний уровень IL-10 у больных был примерно в 5,4 раза выше, чем в контрольной группе. Различие являлось статистически значимым ($p < 0,001$). При этом увеличение медианы и существенное расширение диапазона значений у больных указывают не только на общий сдвиг уровня IL-10 в сторону повышения, но и на выраженную индивидуальную вариабельность цитокинового ответа при болезни Грейвса.

Для полиморфизма JAK2 rs1887428 выявлена отчетливая направленная зависимость концентрации IL-10 от генотипа. У носителей GG средняя концентрация составляла 44,48 ± 2,03 pg/mL, медиана 44,10 [37,38; 50,94] pg/mL. У гетерозигот GC показатель увеличивался до 50,94 ± 2,28 pg/mL, медиана 50,56 [41,95; 58,55] pg/mL. Максимальные значения отмечены у носителей CC 60,07 ± 1,90 pg/mL, медиана 59,43 [50,44; 68,56] pg/mL.

Таблица 5

Концентрация IL-10 (pg/mL) в сыворотке крови у больных с болезнью Грейвса в зависимости от генотипов исследуемых полиморфизмов

Группа / генотип	n	M ± m, pg/ml	Me [Q1; Q3], pg/ml	Min-Max, pg/ml	p
Контроль	65	9,06 ± 0,43	9,60 [7,70; 10,35]	4,3–14,3	–
Группа больных	87	48,65 ± 1,54	48,65 [38,12; 58,75]	28,7–71,5	< 0,001
JAK2 rs1887428					
GG	45	44,48 ± 2,03	44,10 [37,38; 50,94]	32,95–55,76	< 0,001
GC	32	50,94 ± 2,28	50,56 [41,95; 58,55]	36,75–64,63	< 0,001
CC	10	60,07 ± 1,90	59,43 [50,44; 68,56]	44,35–74,77	< 0,001
STAT1 rs1547550					
CC	49	51,29 ± 1,29	50,97 [44,79; 56,62]	38,39–63,98	< 0,001
CG	32	46,07 ± 1,38	45,64 [38,92; 51,93]	33,06–57,58	< 0,001
GG	6	40,84 ± 1,39	40,42 [34,23; 46,39]	28,79–51,19	< 0,001
IFNG rs2430561					
TT	50	52,18 ± 1,35	51,62 [45,19; 57,93]	38,32–64,24	< 0,001
TA	20	47,45 ± 2,14	47,00 [38,66; 55,34]	33,81–59,73	< 0,001
AA	17	39,67 ± 1,35	39,11 [33,25; 44,86]	29,30–49,59	< 0,001

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования. M ± m – среднее значение ± стандартная ошибка среднего; Me – медиана; Q1 и Q3 – первый и третий квартили; Min-Max – минимальное и максимальное значения; p – уровень статистической значимости различий между соответствующей генотипической группой больных болезнью Грейвса и контрольной группой

Полученные результаты свидетельствуют о последовательной тенденции, сопровождавшейся увеличением концентрации IL-10. По сравнению с GG средний уровень IL-10 был выше у носителей генотипа GC и у носителей генотипа CC. Особенно выраженным было увеличение показателя у носителей CC. Медианные значения демонстрировали аналогичную последовательность, что подтверждает устойчивость выявленной тенденции независимо от использования среднего или медианного показателя.

С биологической точки зрения данный результат может указывать на связь JAK2 rs1887428 с особенностями регуляции противовоспалительного цитокинового ответа. Для STAT1 rs1547550, напротив, выявлена обратная направленность изменений. Наиболее высокая концентрация IL-10 зарегистрирована у носителей CC 51,29 ± 1,29 pg/mL, медиана 50,97 [44,79; 56,62] pg/mL. У носителей CG средний уровень снижался до 46,07 ± 1,38 pg/mL, медиана 45,64 [38,92; 51,93] pg/mL, у носителей GG достигал минимального значения 40,84 ± 1,39 pg/mL, медиана 40,42 [34,23; 46,39] pg/mL.

Таким образом, для данного локуса наблюдалось постепенное снижение концентрации IL-10. Средний уровень IL-10 у гетерозигот CG был примерно на 10,2 % ниже, чем у CC, у носителей GG приблизительно на 20,4 % ниже. Аналогичная закономерность прослеживалась по медианным значениям.

В отличие от JAK2 rs1887428, наличие аллеля G у STAT1 rs1547550 ассоциировалось с более низкими уровнями IL-10. С учетом того, что STAT1 является важным компонентом внутриклеточных сигнальных путей цитокинов, выявленная закономерность представляет интерес для характеристики генетически обусловленной вариабельности иммунорегуляторного ответа при болезни Грейвса.

Для IFNG rs2430561 выявлена направленная закономерность, у носителей TT средняя концентрация IL-10 составляла 52,18 ± 1,35 pg/mL, медиана 51,62 [45,19; 57,93] pg/mL. У гетерозигот TA уровень снижался до 47,45 ± 2,14 pg/mL, медиана 47,00 [38,66; 55,34] pg/mL, тогда как у носителей AA регистрировались минимальные значения 39,67 ± 1,35 pg/mL, медиана 39,11 [33,25; 44,86] pg/mL.

Для данного полиморфизма отмечалась последовательная тенденция, сопровождавшаяся снижением концентрации IL-10 по мере увеличения числа аллелей A. По сравнению с TT средний уровень IL-10 был примерно на 9,1 % ниже у TA и на 24,0 % ниже у AA. Аналогичное снижение наблюдалось и при сравнении медианных значений.

Полученная закономерность представляет особый интерес с учетом того, что IFNG непосредственно кодирует IFN-γ один из ключевых провоспалительных цитокинов, генетический вариант, ассоциированный с особенностями IFN-γ-опосредованного ответа, потенциально может быть связан не только с уровнем самого IFN-γ, но и с выраженностью компенсаторной противовоспалительной регуляции, в которой участвует IL-10.

При сопоставлении результатов трех исследованных локусов выявляются различные направления генотип-ассоциированных изменений IL-10. Для JAK2 rs1887428 увеличение числа аллелей C сопровождалось повышением концентрации IL-10: от 44,48 ± 2,03 pg/mL у GG до 60,07 ± 1,90 pg/mL у CC. Для STAT1 rs1547550, напротив, у лиц с генотипом GG сопровождалось снижением IL-10, от 51,29 ± 1,29 pg/mL у CC до 40,84 ± 1,39 pg/mL у GG. Аналогичная тенденция наблюдалась для IFNG rs2430561, где уровень IL-10 снижался от 52,18 ± 1,35 pg/mL у TT до 39,67 ± 1,35 pg/mL у AA.

Исследованные полиморфизмы характеризовались разнонаправленными ассоциациями с уровнем IL-10. Наиболее высокий уровень IL-10 среди всех исследованных генотипических подгрупп отмечался у носителей JAK2 CC 60,07 ± 1,90 pg/mL, тогда как наиболее низкий показатель зарегистрирован у носителей IFNG AA 39,67 ± 1,35 pg/mL. При этом обе группы характеризовались существенно более высокими значениями по сравнению с контролем (9,06 ± 0,43 pg/mL; $p < 0,001$).

Следовательно, несмотря на различия между генотипами, общим признаком всех исследованных подгрупп остается выраженное повышение IL-10 относительно контрольной группы. Это может свидетельствовать о формировании при болезни Грейвса не только выраженного провоспалительного ответа, характеризующегося повышением IFN-γ, но и сопутствующей активации противовоспалительных механизмов, направленных на ограничение воспалительной реакции. Повышение IL-10 может рассматриваться как один из компонентов компенсаторной иммунорегуляции.

Сопоставление данной табл. 5 с результатами анализа IFN-γ позволяет предположить наличие более сложной системы иммунной регуляции при болезни Грейвса. Повышение обоих цитокинов в общей груп-

пе пациентов указывает на одновременную активацию провоспалительного и противовоспалительного звеньев иммунного ответа. При этом генотипические варианты могут по-разному влиять на соотношение этих компонентов.

Особенно интересен JAK2 rs1887428, для которого повышение уровня IFN-γ и IL-10 наблюдалось в одном направлении, у носителей C-аллеля концентрации обоих цитокинов были выше, чем у носителей GG. Это может свидетельствовать об усилении общей цитокиновой активности с одновременной активацией механизмов противовоспалительной компенсации.

Для STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561, напротив, наблюдалось повышение IFN-γ одновременно со снижением IL-10 при переходе к соответствующим генотипам. Такая комбинация потенциально может соответствовать более выраженному смещению иммунного ответа в сторону провоспалительной активации и менее выраженному противовоспалительному противодействию.

Результаты табл. 5 демонстрируют, что болезнь Грейвса сопровождается выраженным повышением сывороточной концентрации IL-10, однако степень этого повышения существенно варьирует в зависимости от генетического фона. JAK2 rs1887428 характеризуется тенденцией к увеличению IL-10 при наличии аллеля C, тогда как STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561 демонстрируют обратную направленность снижение IL-10 при увеличении числа соответствующих аллелей G и A соответственно. Выявленные закономерности указывают на возможное участие исследуемых генетических вариантов в формировании индивидуального баланса провоспалительных и противовоспалительных механизмов при болезни Грейвса.

Болезнь Грейвса представляет собой сложное органоспецифическое аутоиммунное заболевание, развитие которого определяется взаимодействием генетической предрасположенности, нарушений иммунологической толерантности и факторов, регулирующих интенсивность воспалительного ответа. Центральное место в патогенезе заболевания занимает образование аутоантител к рецептору тиреотропного гормона, однако клиническое проявление и выраженность иммунного процесса не могут быть полностью объяснены только гуморальным аутоиммунным механизмом. Существенную роль играет взаимодействие врожденного и адаптивного иммунитета, включая Th1-, Th17- и регуляторные механизмы, а также цитокиновые сигнальные пути [1, 5].

Настоящее исследование направлено на оценку роли полиморфных вариантов JAK2 rs1887428, STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561 в развитии болезни Грейвса и определение их связи с особенностями цитокинового ответа. Полученные результаты в совокупности свидетельствуют о том, что генетическая вариабельность исследованных локусов может быть связана не только с вероятностью развития заболевания, но и с выраженностью иммунологического фенотипа, что позволяет рассматривать их как элементы единой функциональной системы, регулирующей баланс между провоспалительной активацией и противовоспалительной компенсацией.

Одним из наиболее важных результатов исследования является выявление ассоциаций отдельных генетических вариантов с болезнью Грейвса. Наибольшие различия были обнаружены для STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561, тогда как для JAK2 rs1887428 ассоциация имела пограничный характер.

Для STAT1 rs1547550 частота C-аллеля в группе больных составляла 74,71 %, тогда как в контрольной группе 88,46 %; отношение шансов составило 0,385 при $p = 0,0033$. Это указывает на статистически значимое снижение представленности C-аллеля среди больных и, следовательно, на его возможную связь со снижением вероятности развития болезни Грейвса в исследуемой популяции. Полученный результат представляет интерес с учетом функциональной роли STAT1 в передаче сигналов интерферонов и других цитокинов.

STAT1 является одним из ключевых транскрипционных факторов JAK-STAT-сигнального каскада. После активации соответствующих рецепторов происходит фосфорилирование компонентов пути, их димеризация и транслокация в ядро, где они регулируют экспрессию большого числа генов, участвующих в иммунном ответе [14, 15]. Поэтому генетическая вариабельность STAT1 потенциально способна изменять интенсивность или характер ответа на цитокиновые сигналы. В условиях нарушения иммунологической толерантности такие изменения могут способствовать формированию определенного иммунного фенотипа, благоприятствующего поддержанию аутоиммунного воспаления [16].

Не менее значимой оказалась ассоциация IFNG rs2430561. Частота T-аллеля была ниже у больных по сравнению с контролем, а отношение шансов составило 0,357 при $p = 0,00039$. Кроме того, для генотипа AA была выявлена значимая ассоциация с заболеванием (OR = 5,67; $p = 0,0123$).

Таким образом, результаты указывают на существенную роль данного локуса в формировании генетической предрасположенности к болезни Грейвса в исследуемой популяции.

Биологическая интерпретация этого результата особенно интересна, поскольку IFNG непосредственно кодирует IFN-γ ключевой медиатор клеточного иммунного ответа. Следовательно, ассоциация IFNG rs2430561 с болезнью Грейвса теоретически может быть связана не только с риском заболевания, но и с различиями в интенсивности цитокинового ответа после его развития.

В совокупности генетические результаты показывают, что исследуемые локусы не являются равнозначными по силе ассоциации с болезнью. Наиболее убедительные сигналы были получены для STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561, которые могут отражать различия в биологической роли соответствующих генов, так и особенности генетической структуры исследуемой популяции.

Одним из наиболее выраженных фенотипических результатов исследования стало значительное повышение концентрации IFN-γ у больных болезнью Грейвса. Средняя концентрация цитокина в общей группе пациентов составила 87,18 ± 2,26 pg/mL против 13,82 ± 0,78 pg/mL в контроле, а различие достигало высокой статистической значимости ($p < 0,001$). Полученный результат согласуется с концепцией участия IFN-γ-ассоциированных механизмов в аутоиммунном воспалении при болезни Грейвса. IFN-γ способствует активации клеточного иммунного ответа, регулирует функциональное состояние антигенпрезентирующих клеток и может усиливать экспрессию молекул, участвующих в иммунном распознавании [16]. При нарушении иммунологической толерантности подобная активация потенциально способствует поддержанию хронического воспалительного микроокружения.

Особое значение имеет обнаруженная зависимость концентрации IFN-γ от генотипов исследованных локусов. Для JAK2 rs1887428 концентрация IFN-γ существенно различалась между генотипическими группами, причем более высокие значения наблюдались у носителей альтернативного аллеля. Для STAT1 rs1547550 прослеживалась последовательная тенденция увеличения IFN-γ от CC к CG и GG, а для IFNG rs2430561 – от TT к TA и AA. Наиболее выраженной выглядит закономерность для IFNG rs2430561, средняя концентрация IFN-γ увеличивалась от 74,09 ± 1,53 pg/mL у TT до 102,43±3,07 pg/mL у TA и 107,75±2,87 pg/mL у AA.

Полученные данные позволяют предположить, что IFNG rs2430561 может быть связан не только с предрасположенностью к болезни Грейвса, но и с особенностями функционального цитокинового фенотипа у уже заболевших лиц.

Для STAT1 rs1547550 также наблюдалась выраженная вариабельность, концентрация IFN-γ увеличивалась от 75,02 ± 1,50 pg/mL у CC до 110,63 ± 2,91 pg/mL у GG. Одновременно с повышением IFN-γ было выявлено значительное увеличение концентрации IL-10. В контрольной группе средний уровень IL-10 составлял 9,06 ± 0,43 pg/mL, тогда как у больных 48,65 ± 1,54 pg/mL ($p < 0,001$).

Таким образом, болезнь Грейвса сопровождалась выраженным увеличением не только провоспалительного, но и противовоспалительного цитокина.

На первый взгляд одновременное увеличение IFN-γ и IL-10 может показаться противоречивым. Однако с позиции иммунной регуляции такая комбинация является закономерной. IL-10 участвует в ограничении чрезмерной активации иммунной системы и может отражать компенсаторное включение механизмов, направленных на сдерживание воспаления.

Интересной особенностью исследования стало разнонаправленное изменение IL-10 в зависимости от генотипа. Для JAK2 rs1887428 наблюдалось увеличение IL-10 при переходе от GG к гетерозиготному и альтернативному гомозиготному генотипу. Одновременно возрастал и IFN-γ. Такое сочетание может соответствовать усилению общей иммунной активации с параллельным включением противовоспалительной компенсации.

Для STAT1 rs1547550, напротив, увеличение числа аллелей G сопровождалось повышением IFN-γ и снижением IL-10. Аналогичная разнонаправленная картина наблюдалась для IFNG rs2430561, у носителей TA и особенно AA концентрация IFN-γ была выше, тогда как IL-10 снижался по сравнению с TT.

Таким образом, разные генотипические варианты могут формировать различные типы цитокинового профиля. Это существенно расширяет интерпретацию результатов, генетическая предрасположенность к болезни Грейвса, вероятно, связана не только с вероятностью запуска аутоиммунного процесса, но и с тем, каким образом организм регулирует уже возникшее воспаление.

Особенно интересным представляется IFNG rs2430561, для которого сочетание высокой концентрации IFN-γ и относительно низкой концентрации IL-10 у носителей

AA потенциально указывает на более выраженный провоспалительный иммунный профиль. Для STAT1 rs1547550 наблюдается сходная направленность. В то же время JAK2 rs1887428 демонстрирует иной характер, при котором увеличение IFN-γ сопровождается повышением IL-10, что может отражать более выраженную компенсаторную регуляцию.

Полученные результаты позволяют рассматривать JAK2 и STAT1 не изолированно, а в общей JAK-STAT-сигнальной системе. JAK2 и STAT1 участвуют в передаче сигналов от цитокиновых рецепторов к ядру клетки и регулируют экспрессию большого числа иммунологически значимых генов. Поэтому изменения, ассоциированные с генетической вариабельностью этих компонентов, теоретически могут влиять на интенсивность клеточного ответа на цитокиновые стимулы.

В этом отношении выявление ассоциаций JAK2 и STAT1 с концентрацией IFN-γ представляет особый интерес. Можно предположить, что генетические различия в компонентах сигнального пути способны модифицировать выраженность цитокинового ответа.

На основании совокупности данных можно предположить, что нарушение иммунологической толерантности к антигенам щитовидной железы приводит к активации клеточных и гуморальных механизмов иммунитета. Усиление IFN-γ-ассоциированного ответа поддерживает провоспалительную составляющую заболевания. Одновременно активируются регуляторные механизмы, в том числе повышение IL-10, направленные на ограничение чрезмерной иммунной активации. Генетические варианты в IFNG и компонентах JAK-STAT-пути потенциально способны модифицировать интенсивность этого процесса. При одних генотипах может преобладать сочетание высокой провоспалительной активности с выраженной противовоспалительной компенсацией, тогда как при других более выраженная активация IFN-γ при относительно меньшем увеличении IL-10. В последнем случае иммунный баланс может смещаться в сторону более устойчивого провоспалительного состояния.

Таким образом, патогенез болезни Грейвса можно рассматривать не только как результат наличия или отсутствия отдельных генетических факторов, но и как результат их взаимодействия с функциональными иммунными механизмами.

Ограничения исследования. Настоящее исследование имеет ряд ограничений. Относительно небольшой объем выборки, 87 пациентов и 65 лиц контрольной группы, ограничивает статистическую мощность анализа, особенно при изучении редких генотипов. Это особенно актуально для STAT1 GG, где число наблюдений составляло 6.

Исследование имело поперечный характер. Поэтому выявленные ассоциации между генотипами и концентрацией цитокинов не позволяют установить причинно-следственные связи.

Заключение

Таким образом, результаты настоящего исследования поддерживают представление о болезни Грейвса как о сложном иммуногенетическом заболевании, при котором генетическая вариабельность компонентов цитокиновой регуляции может влиять как на предрасположенность к заболеванию, так и на характер уже сформировавшегося иммунного ответа.

Наиболее генетические ассоциации были выявлены для STAT1 rs1547550 и IFNG rs2430561. Одновременно у больных наблюдалось выраженное повышение IFN-γ и IL-10, что свидетельствует о сочетанной активации провоспалительного и противовоспалительного звеньев иммунного ответа.

Особое значение имеет выявленная генотип-зависимая вариабельность цитокинов. Для отдельных вариантов STAT1 и IFNG повышение IFN-γ сопровождалось снижением IL-10, что потенциально соответствует более выраженному смещению иммунного баланса в сторону провоспалительной активности. Для JAK2 повышение IFN-γ сопровождалось одновременным увеличением IL-10, что может отражать более выраженную компенсаторную регуляцию. В совокупности результаты позволяют предположить, что IFNG rs2430561, STAT1 rs1547550 и JAK2 rs1887428 могут участвовать в формировании индивидуального иммунного фенотипа при болезни Грейвса через различные уровни регуляции цитокинового ответа.

Список литературы

1. Zheng J. F., Lee Y. H., Leong P. Y. The Modern Epidemic of Autoimmunity // Int. J. Rheum. Dis. 2024. Vol. 27. Is. 11. Art. e15426. DOI: 10.1111/1756-185X.15426. PMID: 39584539.

2. Miller F. W. The increasing prevalence of autoimmunity and autoimmune diseases: an urgent call to action for improved understanding, diagnosis, treatment, and prevention // Curr. Opin. Immunol. 2023. Vol. 80. Art. 102266. DOI: 10.1016/j.coi.2022.102266. PMID: 36446151.

3. Rizvi F. S., Zainaldain H., Rafiemanesh H., et al. Autoimmunity in common variable immunodeficiency: a systematic review and meta-analysis // Expert Rev. Clin. Immunol. 2020. Vol. 16. Is. 12. P. 1227–1235. DOI: 10.1080/1744666X.2021.1850272. PMID: 33203275.

4. Johnson D., Jiang W. Infectious diseases, autoantibodies, and autoimmunity // J. Autoimmun. 2023. Vol. 137. Art. 102962. DOI: 10.1016/j.jaut.2022.102962. PMID: 36470769.

5. Yasmeen F., Pirzada R. H., Ahmad B., Choi B., Choi S., Choi S. Understanding Autoimmunity: Mechanisms, Predisposing Factors, and Cytokine Therapies // Int. J. Mol. Sci. 2024. Vol. 25. Is. 14. Art. 7666. № 10.3390/ijms25147666. PMID: 39062908.

6. Alriyami M., Polychronakos C. Somatic Mutations and Autoimmunity // Cells. 2021. Vol. 10. Is. 8. Art. 2056. DOI: 10.3390/cells10082056. PMID: 34440825.

7. Subekti I., Pramono L. A. Current Diagnosis and Management of Graves' Disease // Acta Med. Indones. 2018. Vol. 50. Is. 2. P. 177–182. PMID: 29950539.

8. Antonelli A., Ferrari S. M., Ragusa F., et al. Graves' disease: Epidemiology, genetic and environmental risk factors and viruses // Best Pract. Res. Clin. Endocrinol. Metab. 2020. Vol. 34. Is. 1. Art. 101387. DOI: 10.1016/j.beem.2020.101387. PMID: 32107168.

9. Antonelli A., Fallahi P., Elia G., Ragusa F., Paparo S. R., Ruffilli I., Patrizio A., Gonnella D., Giusti C., Virili C., Centanni M., Shoenfeld Y., Ferrari S. M. Graves' disease: Clinical manifestations, immune pathogenesis (cytokines and chemokines) and therapy // Best Pract. Res. Clin. Endocrinol. Metab. 2020. Vol. 34. Is. 1. Art. 101388. DOI: 10.1016/j.beem.2020.101388.

10. Di Mario U., Scardellato A., Irvine W. J., Kennedy L., Kadlubowski M., Kennedy R., Cavatorta F. P., Andreani D. Immunity in Graves' disease at diagnosis: correlation between activated T cells and humoral immune factors // Acta Endocrinol. (Copenh). 1986. Vol. 113. Is. 4. P. 493–499. DOI: 10.1530/acta.0.1130493.

11. Samra S., Bergerson J. R. E., Freeman A. F., Turvey S. E. JAK-STAT signaling pathway, immunodeficiency, inflammation, immune dysregulation, and inborn errors of immunity // J. Allergy Clin. Immunol. 2025. Vol. 155. Is. 2. P. 357–367. DOI: 10.1016/j.jaci.2024.09.020.

12. Hu X., Li J., Fu M., Zhao X., Wang W. The JAK/STAT signaling pathway: from bench to clinic // Signal Transduct. Targeted Ther. 2021. Vol. 6. Is. 1. Art. 402. DOI: 10.1038/s41392-021-00791-1. PMID: 34824210.

13. Agashe R. P., Lippman S. M., Kurzrock R. JAK: Not Just Another Kinase // Mol. Cancer Ther. 2022. Vol. 21. Is. 12. P. 1757–1764. DOI: 10.1158/1535-7163.MCT-22-0323. PMID: 36252553.

14. Xin P., Xu X., Deng C., Liu S., Wang Y., Zhou X., Ma H., Wei D., Sun S. The role of JAK/STAT signaling pathway and its inhibitors in diseases // Int. Immunopharmacol. 2020. Vol. 80. Art. 106210. DOI: 10.1016/j.intimp.2020.106210.

15. Ramana C. V., Gil M. P., Schreiber R. D., Stark G. R. Stat1-dependent and –independent pathways in IFN-gamma-dependent signaling // Trends Immunol. 2002. Vol. 23. Is. 2. P. 96–101. DOI: 10.1016/s1471-4906(01)02118-4.

16. Ivashkiv L. B. IFNγ: signalling, epigenetics and roles in immunity, metabolism, disease and cancer immunotherapy // Nat. Rev. Immunol. 2018. Vol. 18. Is. 9. P. 545–558. DOI: 10.1038/s41577-018-0029-z. PMID: 29921905.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest.

Финансирование: Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования.

Financing: The research was performed without external funding.

УДК 58.051:58.084.2:574.21:574.474

CC BY 4.0

К БИОИНДИКАЦИОННОЙ ОЦЕНКЕ СОСТОЯНИЯ ПРОМЫШЛЕННЫХ УРБОЦЕНОЗОВ ВОСТОЧНОГО ПОДМОСКОВЬЯ

Зыков И. Е. ORCID ID 0000-0002-6027-3700,
Ежкова В. Г. ORCID ID 0009-0004-3866-6112

Государственное образовательное учреждение высшего образования Московской области «Государственный гуманитарно-технологический университет», Орехово-Зуево, Российская Федерация, e-mail: zykov-oz@yandex.ru

Предпринята попытка использования клевера ползучего в качестве биоиндикатора загрязнения одного из промышленных урбоценозов восточного Подмосковья. В шести локалитетах городского округа Орехово-Зуево проведен сравнительно-морфологический анализ фенотипического многообразия *Trifolium repens* L., сопряженного с генотипической изменчивостью. В качестве основного диагностического признака в исследованиях биоиндикационного характера выбрано многообразие формы, расположения и размера седого рисунка на листовой пластинке. В большинстве локалитетов доминируют растения с фенотипами О и А (лист без седого рисунка или с полным пятном). Во всех биотопах *T. repens* отмечены растения с фенотипами О, А, A^{H}, единично В и С, что, по-видимому, свидетельствует о сходстве условий произрастания. Популяция клевера у АО «НПП “Респиратор”» по морфогенетическому полиморфизму наиболее близка к популяции в районе Малодубинского шоссе, что, вероятно, связано с идентичностью антропогенной нагрузки и других биотопических факторов среды. Воздействие электромагнитных полей на популяцию клевера ползучего под высоковольтной линией электропередач вблизи ул. Северной северо-восточного района города нами не установлено, заметных изменений фенотипического состава и морфодиагностических признаков листовых пластинок не выявлено.

Ключевые слова: урбоценозы, экологический мониторинг, клевер ползучий, морфогенетический полиморфизм, фенотипическая изменчивость

TO THE BIOINDICATIVE ASSESSMENT OF THE STATE OF INDUSTRIAL URBOCENOSES IN THE EASTERN MOSCOW REGION

Zykov I. E. ORCID ID 0000-0002-6027-3700,
Ezhkova V. G. ORCID ID 0009-0004-3866-6112

State Educational Institution of Higher Education of the Moscow Region “State University of Humanities and Technology”, Orekhovo-Zuyevo, Russian Federation, e-mail: zykov-oz@yandex.ru

An attempt made to use creeping clover as a bioindicator of pollution of one of the industrial urban ecosystems of the eastern Moscow region. A comparative morphological analysis of the phenotypic diversity of *Trifolium repens* L. associated with genotypic variability conducted in six localities of the Orekhovo-Zuyevo urban district. The diversity of the shape, location and size of the gray pattern on the leaf blade selected as the main diagnostic feature in bioindication studies. In most localities, plants with phenotypes O and A (leaf without a grayish pattern or with a complete spot) dominate. In all *T. repens* biotopes, plants with phenotypes O, A, and A^{H} were observed, with occasional occurrences of B and C, which apparently indicates similarity in growing conditions. The clover population at JSC «NPP «Respirator»» is closest in terms of morphogenetic polymorphism to the population in the Malodubinskoye Highway area, which is likely due to the similarity of anthropogenic pressure and other biotopic environmental factors. The effect of electromagnetic fields on the population of creeping clover under a high-voltage power line near the street We have not established any significant changes in the phenotypic composition and morphological diagnostic signs of leaf blades in the north-eastern district of the city.

Keywords: urban ecosystems, ecological monitoring, creeping clover, morphogenetic polymorphism, phenotypic variability

Введение

В настоящее время оценка качества окружающей среды часто осуществляется с помощью биоиндикации как одного из оперативных и малозатратных методов экологического мониторинга, позволяющего отслеживать динамику экосистем и выявлять негативные воздействия, вызванные природными процессами и деятельностью человека. Основная цель метода – выявление экологических нарушений и обеспечение основ для принятия мер по их устранению. При проведении подобных исследований предпочтение отдается фитоиндикации, основанной на наблюдении, анализе и оценке степени влияния человеческой деятельности на реакцию растительных объектов [1].

Растения, реагирующие на загрязнение окружающей среды изменением видимых признаков, обобщают информацию о загрязнителях, отражают скорость происходящих процессов, дают представление об уровне их опасности для живых организмов [2]. Роль флоры в оценке состояния окружающей среды достаточно велика, растительные сообщества доступны для наблюдения, чутко реагируют на изменения и пластичны. Как писал Ф. Е. Клементс, «растение или растительное сообщество представляет собой индикатор условий, в которых оно произрастает; это своеобразный “прибор”, отражающий особенности среды» [3].

Применение метода биоиндикации дает возможность определить состояние окружающей среды без инструментальной и биохимической оценки. В этом случае значение биоиндикации сводится к совокупности действий, которые совпадают с биомониторингом.

Высшие растения консервативны по отношению к кратковременным изменениям факторов окружающей среды, однако динамика растительности может указывать на антропогенную трансформацию экосистем. Поэтому макрофиты являются хорошим объектом для многолетних наблюдений.

Цель исследования – проведение биоиндикации одного из промышленных урбоценозов восточного Подмосковья, городского округа Орехово-Зуево, по фенотипам клевера ползучего.

Материалы и методы исследования

Trifolium repens L. – повсеместно распространенное многолетнее холодостойкое растение семейства бобовые (Fabaceae Lindl., 1836), требовательное к содержанию питательных веществ и влаги [4], типичный синантроп с быстрой сменой фенофаз, индикатор антропогенной нагрузки [5, 6] по наличию и степени выраженности седого рисунка на листовой пластинке (рис. 1).

Седой рисунок обусловлен генетически. Это признак, который наследуется по одному гену. Проявление фенотипической изменчивости связано с наиболее распространенными вариантами гена V [7, 8].

Исследования проведены в шести локалитетах с предполагаемым разным антропогенным воздействием городского округа Орехово-Зуево Московской области в июне – августе 2024 г. (рис. 2).

Локалитет 1. 55.801667 с. ш., 39.009299 в. д. Парк 1 Мая Воронцовско-Пролетарского района города у кромки футбольного поля, между торгово-складским комплексом «Дачник» ООО «Сергей» и кампусом Государственного гуманитарно-технологического университета (ГГТУ) с болотными подзолисто-глеевыми почвами.

Локалитет 2. 55.812418 с. ш., 38.989827 в. д. 100 м к северо-востоку от р. Клязьмы между мебельным центром «Рум» и ул. Северной и Карасово на пустыре под высоковольтной линией электропередач с аллювиальными болотными иловато-перегнойно-глеевыми почвами.

Локалитет 3. 55.802400 с. ш., 38.969270 в. д. Парк 30-летия Победы между ул. Мадонской и Юбилейным проездом в 100 м от правого берега р. Клязьмы, в 500 м к юго-западу от АО «НПП “Респиратор”» с аллювиальными болотными иловато-перегнойно-глеевыми почвами.

Локалитет 4. 55.793943 с. ш., 38.921506 в. д. Юго-западная окраина города с аллювиальными болотными иловато-перегнойно-глеевыми почвами на ул. Дзержинского у проходной индустриального парка ООО «Карболит», созданного в результате реорганизации АО «Карболит», длительно выпускавшего пластмассовые изделия на основе новолачных и фенолформальдегидных смол и выбрасывавшего ежегодно в окружающую среду до 5–6 т поллютантов разных классов опасности, включая бензапирен и оксиды азота (II и IV)[1].

Локалитет 5. 55.808107 с. ш., 38.972771 в. д. Центр города в 100 м от левого берега р. Клязьмы с аллювиальными болотными иловато-перегнойно-глеевыми почвами в районе АО «НПП “Респиратор”», между проездами имени П. И. Зимы и Юбилейным, выбрасывающим ежегодно до 14–15 т загрязняющих веществ четырех классов опасности, включая оксиды серы, азота, углерода, углеводороды[2].

Локалитет 6. 55.850086 с. ш., 38.963650 в. д. Северная окраина города с дерново-подзолистыми глееватыми и глеевыми почвами между строительным гипермаркетом «Баррикада» и Новым Малодубинским кладбищем, обочина Малодубинского шоссе, являющегося частью автотрассы А-108 «Московского кольца», соединяющей Нижегородскую и Рязанскую автодороги и имеющей грузооборот от 5 до 21 тыс. единиц автотранспорта в сутки в зависимости от сезона и дня недели [10].

[1] Проект нормативов предельно допустимых выбросов для АО «Карболит», Московская область, г. Орехово-Зуево, ул. Дзержинского, д. 34, санитарное заключение 50.11.04.000.T.000031.12.15 (e-ecolog.ru). 17.12.2018. [Электронный ресурс]. URL: https://e-ecolog.ru/crc/50.11.04.000.T.000031.12.15?=mu790rso1n327938145 (дата обращения: 12.08.2026).

[2] Проект нормативов предельно допустимых выбросов в атмосферу для АО «Научно-производственное предприятие “Респиратор”» (АО «НПП “Респиратор”»), Московская область, г. Орехово-Зуево, ул. Гагарина, 1, санитарное заключение 50.11.04.000.T.000047.10.17 (e-ecolog.ru). 24.10.2017. [Электронный ресурс]. URL: https://e-ecolog.ru/crc/50.11.04.000.T.000047.10.17?=msq7b0b0b166109265 (дата обращения: 12.08.2026).

	1 v	2 V	3 V^H	4 V^B	5 V^{Bh}	6 V^P	7 V^F	8 V^S
1 v	 vv 0	 Vv A	 V^Hv A^H	 V^Bv B	 $V^{Bh}v$ B^H	 V^Pv C	 V^Fv D	 V^Sv E
2 V		 VV A	 V^HV A^HA	 V^BV A (B)	 $V^{Bh}V$ AB^H	 V^PV A (C)	 V^FV (A) D	 V^SV AE
3 V^H			 V^HV^H A^H	 V^HV^B A^H	 $V^{Bh}V^H$ A^H (B^H)	 V^PV^H A^HC	 V^FV^H A^HD	 V^SV^H A^HE
4 V^B				 V^BV^B B	 $V^{Bh}V^B$ BB^H	 V^PV^B B	 V^FV^B BD	 V^SV^B BE
5 V^{Bh}					 $V^{Bh}V^{Bh}$ B^H	 V^PV^{Bh} B^HC	 V^FV^{Bh} B^HD	 V^SV^{Bh} B^HE
6 V^P						 V^PV^P C	 V^FV^P D	 V^SV^P CE
7 V^F							 V^FV^F D	 V^SV^F D
8 V^S								 V^SV^S E

Рис. 1. Аллели гена V, отвечающие за фенотип клевера ползучего (Trifolium repens L)
Примечание: составлен авторами на основе источника [9]

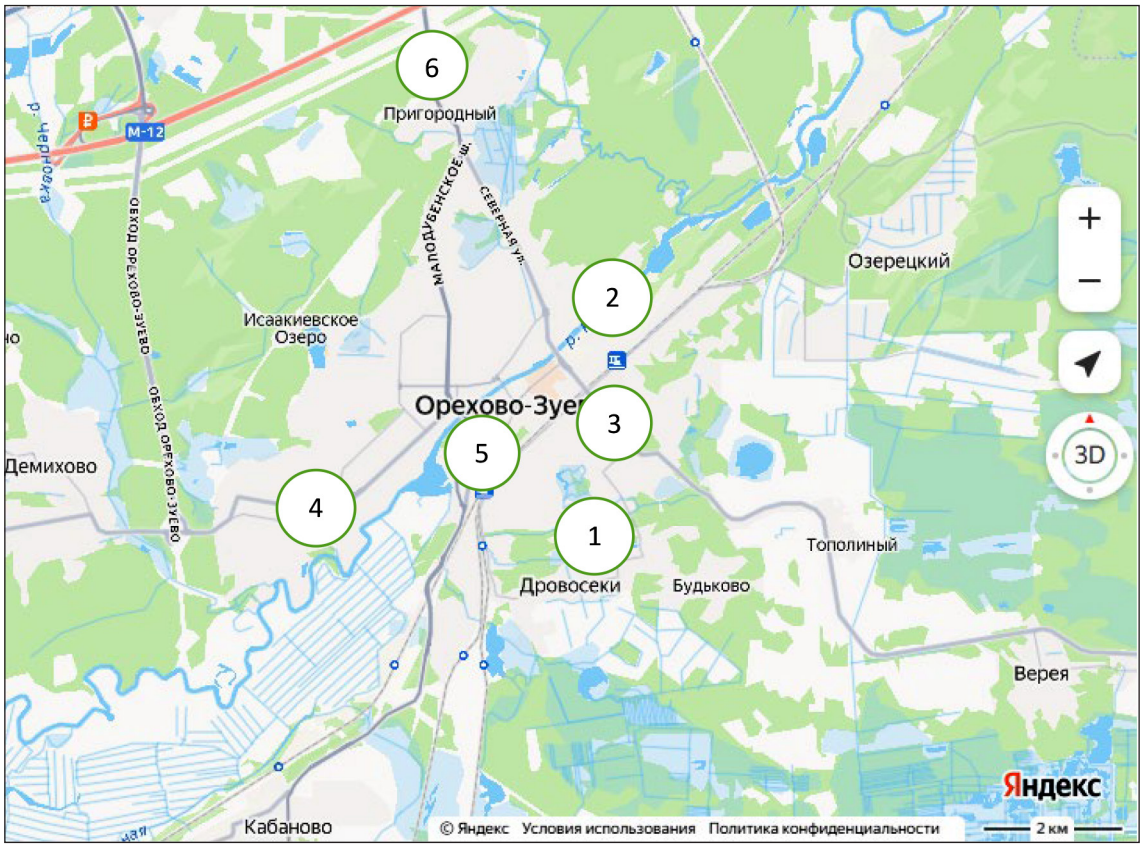


Рис. 2. Местоположение исследованных локалитетов на карте городского округа Орехово-Зуево Московской области
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

Исследования выполнены путем фиксирования листьев с разным орнаментом, а также подсчета количества их появлений. Сбор материала осуществлен на пробных площадках размером 100–150 м² рандомно со 100–120 растений, расположенных друг от друга на расстоянии 2–3 м, по одному среднему листу с каждого растения. Идентификация седого рисунка на листьях проведена в соответствии с таблицей Д. Л. Брюбейкера [11].

Фенотипы, не отмеченные на рис. 1, внесены в графу «новые формы». На каждой пробной площадке по стандартной методике [12] рассчитаны частота встречаемости фенов Pi и индекс соотношения фенов (ИСФ,%), по величине которого в исследованных локалитетах можно выделить участки с разной антропогенной нагрузкой. На чистых территориях величина ИСФ не превышает 30 %, на загрязненных – может достигать 70–80 %.

Результаты исследования и их обсуждение

Наличие седого рисунка на листьях клевера ползучего – признак доминантный (V), его отсутствие – рецессивный (v). Форма рисунка на листовых пластинках и частота его встречаемости служат показателем уровня загрязнения окружающей среды. По величине ИСФ *T. repens* в диапазоне 47–79 % во всех локалитетах обследованной территории предположительно имеет место избыточная антропогенная нагрузка.

Д. Л. Брюбейкером рассмотрены варианты гена V, которые образуются при сочетании разных аллелей у гетерозигот [11] (табл. 1).

Результаты исследования фенотипической изменчивости *T. repens* в изолированных локалитетах городского округа Орехово-Зуево представлены в табл. 2.

Расчетные значения критерия χ^2 для сравнения фенотипических частот: $\chi^2_{эмп} \approx 166{,}29$, $v = 25$, $\chi^2_{крит} = 37{,}652$ ($p \leq 0{,}05$), $\chi^2_{эмп} > \chi^2_{крит.}$

Критерий χ^2 дает объективный результат, если таблица сопряженности имеет не более 20 % ячеек с частотами меньше 5. В нашем случае таких ячеек 27,8 %, что может привести к завышению значимости результатов и не обеспечит надежность критериальной оценки.

Таблица 1

Варианты проявления аллелей в локусе гена V у *Trifolium repens* L.

Аллель	Генотип	Фенотип	Обозначение фенотипа
V	V	Полное пятно	A
v	vv	Пятно отсутствует	O
V^H	V^Hv	Полное пятно, высокое	A^H
V^B	V^BV^B	Разорванное пятно	B
V^{Bh}	$V^{Bh}V^{Bh}$	Разорванное высокое пятно	B^H
V^P	V^PV^P	Центральная верхняя точка	C
V^F	V^FV^F	Большое сплошное пятно у основания	Д
V^s	V^sV^s	Низкое треугольное пятно у основания	E

Примечание: составлена авторами на основе источника [13].

Таблица 2

Частота встречаемости и индекс соотношения фенотипов в шести локалитетах *Trifolium repens* L. городского округа Орехово-Зуево Московской области, %

Локалитет	Абсолютные значения (N)	Фенотипы												ИСФ (%)
		O		A		A^H		C		B		Новая форма		
		Абсолютные значения (n1)	P1 (%)	Абсолютные значения (n2)	P2 (%)	Абсолютные значения (n3)	P3 (%)	Абсолютные значения (n4)	P4 (%)	Абсолютные значения (n5)	P5 (%)	Абсолютные значения (n6)	P6 (%)	
1	120	64	53	32	27	7	6	0	0	6	5	11	9	47
2	115	47	41	48	42	14	12	0	0	6	5	0	0	59
3	100	32	32	20	20	12	12	4	4	7	7	25	25	68
4	116	34	30	53	45	6	5	0	0	8	7	15	13	70
5	120	26	22	51	42	36	30	0	0	1	1	6	5	78
6	104	33	32	50	48	21	20	0	0	0	0	0	0	68
Среднее значение	112,5	39,3	35	42,3	37,3	16	14,2	0,67	0,67	4,67	4,17	9,5	8,7	65

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования.

Следует рассчитать скорректированный уровень статистической значимости, учитывая множественность сравнений или перегруппировать данные, обеспечив выполнение условия «частота встречаемости значения признака по каждой позиции не должна быть меньше 5».

1. В случае множественных сравнений значение 0,05 не может считаться критическим. Скорректированный уровень статистической значимости вычислен по формуле

$$p = 1 - 0{,}95^{1/n},$$

где n – количество произведенных сравнений по два (в нашем случае 15).

Расчетное значение $p = 0{,}0034$. При $v = 25$, $p = 0{,}0034$, $\chi^2_{крит} = 48{,}33$, $\chi^2_{эмп} > \chi^2_{крит.}$

2. Объединим группы А, С, В и НФ на основании связи фенотипических изменений с генетическим механизмом (табл. 3). Основание группировки отсутствие в генотипе *v*.

$$\chi^2_{эмп} \approx 65{,}786, v = 10,$$

$$\chi^2_{крит} = 18{,}307\ (p \le 0{,}05), \chi^2_{эмп} > \chi^2_{крит.}$$

Скорректированный уровень статистической значимости $p = 0{,}017$, при $n = 3$.

$$\chi^2_{эмп} \approx 65{,}786, v = 10,$$

$$\chi^2_{крит} = 21{,}648, \chi^2_{эмп} > \chi^2_{крит.}$$

Таблица 3

Объединение групп на основании связи фенотипических изменений

Локалитет	Абсолютные значения (N)	Фенотипы			ИСФ (%)
		O	A^H	A+C+B+НФ	
		Абсолютные значения (n1)	Абсолютные значения (n2)	Абсолютные значения (n3)	
1	120	64	7	49	47
2	115	47	14	54	59
3	100	32	12	56	68
4	116	34	6	76	70
5	120	26	36	58	78
6	104	33	21	50	68
Среднее значение	112,5	39,3	16	57,14	65

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования.

В обоих случаях различия между эмпирическими распределениями статистически значимы и вряд ли объяснимы случайными факторами.

Для подтверждения достоверности полученных результатов необходимо оценить вероятность получения наблюдаемого эффекта при верности нулевой гипотезы. Вариант корректировки *p-value* позволяет искусственно повысить порог значимости при множественных сравнениях, чтобы компенсировать риск ошибки. Расчетное *p*-значение в первом случае $7{,}8 \cdot e^{-23} < 0{,}05$ и во втором – $2{,}8 \cdot e^{-10} < 0{,}05$ указывает на маловероятность различий, что доказывает статистическую значимость результатов исследования.

Исследование полученных данных показывает, что во всех локалитетах *T. repens* встречаются растения с фенотипами О, А, A^H, единично В и С, что, по-видимому, несмотря на отсутствие физико-химического анализа почвы, свидетельствует о сходстве условий произрастания. Вегетативные органы клевера, вероятно, чувствительны к антропогенному воздействию в виде уплотнения грунта под действием вытаптывания и автотранспорта, вызывающих возрастание количества листьев с седым рисунком. Во всех локалитетах отмечено преобладание фенотипов О и А (лист без седого рисунка или с полным пятном).

Популяции клевера у АО «НПП “Респиратор”» и в районе Малодубинского шоссе близки по частоте проявления морфогенетических признаков, вероятно, вследствие сходства антропогенной нагрузки и других биотопических факторов. Измерение интенсивности электромагнитного излучения под высоковольтной линией электропередач между мебельным центром «Рум» и ул. Северной и Карасово северо-восточного района города (локалитет 2) нами не проводилось, влияние электромагнитных полей на фенотипический состав и морфологические признаки клевера не установлено. В районе ООО «Карболит» (локалитет 4) обнаружено одно растение с четырьмя листовыми пластинками.

В пределах города в локалитетах *T. repens* не наблюдается заметного увеличения фенотипических частот, включая новые формы, что, вероятно, также может быть обусловлено видовым многообразием травянистых растений в исследованных биотопах [14, 15].

Заключение

Предпринята попытка оценки клевера ползучего в качестве индикатора антропогенного воздействия на окружающую среду. В шести локалитетах городского округа Орехово-Зуево Московской области изучено сравнительно-морфологическое многообразие *T. repens*, по-видимому, в значительной степени сопряженное с генотипической изменчивостью, показавшее преобладание формы с полным седым рисунком, далее по частоте встречаемости следуют растения с фенотипами О и A^H.

Клевер ползучий, как синантроп с высокой численностью в биотопах, удобен для отбора проб, проходит смену фаз развития в течение вегетативного периода. Полученные данные позволяют предположить, что из-за некоторого сходства антропогенного воздействия в выше указанных городских биотопах не отмечается выраженного роста числа новых специфических форм, в частности вариантов проявления седого рисунка на листовых пластинках.

Список литературы

1. Зайцева Н. В., Погуляева И. А. Эколого-биохимические особенности растений рода *Trifolium* L., произрастающих в Южной Якутии (на примере г. Нерюнгри) // Известия Самарского научного центра РАН. 2017. Т. 19. № 2 (3). С. 441–447. URL: https://sciup.org/jekologo-biohimicheskie-osobennosti-rastenij-roda-trifolium-l-proizrastajushhih-148205161?=mufvb3luqc680699084 (дата обращения: 24.09.2026).

2. Тиходеев О. Н. Изменчивость и ее формы: дифференциальный подход // Труды Зоологического института РАН. 2018. Т. 322. № 2. С. 158–201. DOI: 10.31610/trudyzin/2018.322.2.185.

3. Clements F. E. Plant indicators: the relation of plant communities to process and practice // Carnegie Institution of Washington. 1920. 388 p. [Электронный ресурс]. URL: https://openlibrary.org/publishers/Carnegie_Institution_of_Washington (дата обращения: 20.04.2026).

4. Лозинская О. В. Оценка состояния экологической среды в Республике Беларусь с различной антропогенной нагрузкой по показателям полиморфных маркеров клевера ползучего *Trifolium repens* L. // Журнал БГУ. Экология. 2018. № 3. С. 34–42. URL: https://elib.bsu.by/bitstream/123456789/214651/1/34-42.pdf?=mpjoreyle6964664953 (дата обращения: 21.05.2026).

5. Нахаева В. И., Александрова Т. В., Рубцова А. В. Генетический полиморфизм в популяциях *Trifolium repens*, произрастающих в различных условиях окружающей среды г. Омска // Успехи современного естествознания. 2015. № 1–1. С. 49–53. URL: https://natural-sciences.ru/ru/article/view?id=34776 (дата обращения: 20.04.2026).

6. Тимошкина О. Ю., Тимошкин О. А. Селекция клевера ползучего в условиях лесостепи Среднего Поволжья // Вестник Казанского ГАУ. 2020. № 4 (60). С. 55–60. DOI: 10.12737/2073-0462-2021-55-60.

7. Шарыгина Н. В. Сравнительная характеристика внутри- и межпопуляционной изменчивости по признаку «седого» пятна на листьях растений *Trifolium repens* в популяциях на территории г. Архангельска // Вестник Поморского университета. 2011. № 1. С. 102–107.

8. Терехова В. А., Кулачкова С. А., Морачевская Е. В., Кирюшина А. П. Методология биодиагностики почв и особенности некоторых методов биоиндикации и биотестирования (обзор) // Вестник МГУ. Сер. 17. Почвоведение. 2023. Т. 78. № 2. С. 35–45. URL: https://10.55959/MSU0137-0944-17-2023-78-2-35-45 (дата обращения: 12.08.2026).

9. Бурчак Л. Б., Мигун Н. П. Изучение множественного аллелизма естественных популяций клевера ползучего на полевой практике студентов // Актуальные научные исследования в современном мире. 2017. № 2–6 (22). С. 43–47. URL: https://elibrary.ru/item.asp?id=28786393&=mu7bgunuxa564020238 (дата обращения: 12.08.2026).

10. Зыков И. Е., Федорова Л. В. Сосна обыкновенная (*Pinus silvestris* L.) как индикатор техногенного загрязнения окружающей среды Восточного Подмосковья // Социально-экологические технологии. 2025. Т. 15. № 2. С. 156–172. DOI: 10.31862/2500-2961-2025-15-2-156-172.

11. Brewbaker J. L. V-leaf Markings of White Clover // J. Hered. 1955. Vol. 46. Is. 3. P. 115–123.

12. Экологический мониторинг: учебно-методическое пособие / под ред. Т. Я. Ашихминой. М.: Академический проект. 2020. 415 с. [Электронный ресурс]. URL: https://profspo.ru/books/110087 (дата обращения: 27.08.2026). ISBN 978-58291-2994-4.

13. Левицкий С. Н. Генетический полиморфизм в популяциях *Trifolium repens*, произрастающих в условиях различной антропогенной нагрузки территорий // Фундаментальные исследования. 2013. № 4–1. С. 108–111. URL: https://fundamental-research.ru/en/article/view?id=31108 (дата обращения: 10.07.2026).

14. Шишлова М. А., Быковская Н. В. Исследование полиморфизма у белого клевера (*Trifolium repens* L.) в зависимости от условий произрастания // Успехи современного естествознания. 2024. № 8. С. 43–47. URL: https://natural-sciences.ru/ru/article/view?id=38302 (дата обращения: 27.04.2026). DOI: 10.17513/use.38302.

15. Zolotarev V. N. To assess the interaction of the species of perennial bluegrass grass (Poaceae) with white clover (*Trifolium repens* L.) in mixed agrophytocenoses in the context of seed biologization // Adaptive Fodder Production, 2020. Is. 4. P. 46–66. DOI: 10.33814/AFP-2222-5366-2020-4-46-66.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest.

Финансирование: Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования.

Financing: The research was performed without external funding.

УДК 632.651:633.51

CC BY 4.0

ФИТОНЕМАТОДЫ ХЛОПКОВЫХ АГРОЦЕНОЗОВ И ОКРУЖАЮЩИХ ИХ ЭКОСИСТЕМ

Камилова М. Д. ORCID ID 0009-0004-5463-3425,
Абдурахманова Г. А. ORCID ID 0009-0008-3910-9886

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека,
Ташкент, Республика Узбекистан, e-mail: kamilova_m@nuu.uz

В исследовании проведен сравнительный анализ фитонематод хлопкового агроценоза и окружающей их экосистемы в условиях слабозасоленных почв Шаватского района Хорезмской области. Из 180 почвенных образцов методом Бермана были выделены нематоды. Всего обнаружен 31 вид (381 особь), относящийся к 4 отрядам. В агроценозе зарегистрировано 25 видов (240 особей), а в природном сообществе – 31 вид (381 особь). Доказано, что средняя плотность нематод в природной экосистеме (4,18 ± 2,18) достоверно выше по сравнению с агроценозом хлопчатника (2,67 ± 1,65) ($t = -5,25$, $p < 0,001$). Структурный анализ показал снижение индекса разнообразия в агроценозе (H’ = 2,6106; в природной системе H’ = 3,0995) и рост доминирования за счет паразитических видов (D = 0,0945; в природной системе D = 0,0594). Среди фитогельминтов *Aphelenchus avenae* и *Ditylenchus dipsaci* являются эудоминантами, а *Helicotylenchus multicinctus* и *Merlinius dubius* – доминантами. Монокультура и антропогенный пресс приводят к упрощению структуры сообщества нематод. Полученные результаты служат фундаментальной основой для фитосанитарного мониторинга хлопчатника и прогнозирования заболеваний.

Ключевые слова: фитонематоды, хлопковый агроценоз, природная экосистема, биоразнообразие, биостатистика, паразиты растений

Благодарности: *Авторы выражают искреннюю благодарность кафедре зоологии Национального университета Узбекистана за предоставленную возможность проведения исследований, создание благоприятных условий для выполнения научной работы и всестороннюю поддержку. Особую признательность авторы выражают коллегам и специалистам, оказавшим помощь при проведении полевых исследований, сборе и обработке материала, а также при определении видовой принадлежности исследованных образцов. Их ценные рекомендации и научные консультации способствовали успешному выполнению настоящего исследования.*

PHYTONEMATODES OF COTTON AGROCENOSES AND ADJACENT ECOSYSTEMS

Kamilova M. D. ORCID ID 0009-0004-5463-3425,
Abdurakhmanova G. A. ORCID ID 0009-0008-3910-9886

National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek,
Tashkent, Republic of Uzbekistan, e-mail: kamilova_m@nuu.uz

In this study, a comparative analysis of phytonematodes was conducted in a cotton agrocenose and an adjacent ecosystem under conditions of saline soils in the Shavat District of the Khorezm Region. Nematodes were extracted from 180 soil samples using the Baermann funnel method. A total of 31 species (381 specimens) belonging to 4 orders were identified. In the agrocenose, 25 species (240 specimens) were recorded, whereas 31 species (381 specimens) were identified in the natural community. The mean population density was proved to be significantly higher in the natural ecosystem (4.18 ± 2.18) compared to the agrocenose (2.67 ± 1.65) ($t = -5.25$, $p < 0.001$). Structural analysis revealed a decrease in the biodiversity index in the agrocenose (H’ = 2.6106; H’ = 3.0995 in the natural system) and an increase in dominance due to parasitic species (D = 0.0945; D = 0.0594 in the natural system). *Among phytohelminths*, *Aphelenchus avenae* and *Ditylenchus dipsaci* are eudominant, while *Helicotylenchus multicinctus* and *Merlinius dubius* are dominant species. Monoculture and anthropogenic pressure simplify the structure of the nematode community. The findings serve as a fundamental basis for cotton phytosanitary monitoring and disease forecasting.

Keywords: phytonematodes, cotton agrocenose, natural ecosystem, biodiversity, biostatistics, plant parasites

Acknowledgements: *The authors express their sincere gratitude to the Department of Zoology, National University of Uzbekistan, for providing the opportunity to conduct this research, creating favorable conditions for scientific work, and offering comprehensive support. The authors also extend their special appreciation to colleagues and specialists who assisted in field investigations, specimen collection and processing, as well as in the identification of the studied specimens. Their valuable recommendations, scientific advice, and professional support greatly contributed to the successful completion of this research.*

Введение

Фитонематоды широко распространены на земном шаре, особенно часто встречаются в различных агроценозах. Климатические условия Узбекистана являются благоприятными для размножения фитонематод.

Изучение видового состава фитонематод, обитающих в почве, и их вертикального распределения важно для понимания биологических процессов, происходящих в почвенных горизонтах. Изучение распределения фитонематод по почвенным разрезам позволяет понять воздействие различных факторов на эти организмы. Среди многоклеточных организмов, обитающих в почве, фитонематоды выделяются разнообразием видов и многочисленностью [1]. По данным Е. С. Кирьяновой, А. Краль и других ученых, среди почвенных организмов фитонематоды занимают второе место по численности после бактерий. Фитонематоды играют важную роль в процессах обмена веществ в биогеоценозах благодаря своему участию в переработке растительных остатков в почве. Они также занимают существенное место в процессах почвообразования [2].

Изучение вертикального распределения фитонематод имеет большое практическое значение, поскольку некоторые виды паразитируют на корнях растений. Знание закономерностей их вертикального распределения по почвенным горизонтам и изменения численности помогает правильно организовать меры борьбы с паразитическими видами. В последние годы особое внимание уделяется изучению структуры комплексов фитонематод в агроценозах, поскольку изменение условий землепользования, интенсивное применение агротехнических мероприятий, орошение и засоление почв оказывают существенное влияние на численность и видовое разнообразие фитонематод. Сравнительный анализ фитонематодных сообществ естественных экосистем и сельскохозяйственных угодий позволяет оценить степень антропогенного воздействия на почвенные экосистемы и определить закономерности формирования их биоразнообразия [3–5].

Для условий Хорезмской области подобные исследования имеют особое значение, поскольку регион характеризуется аридным климатом, высокой степенью вторичного засоления почв [6] и широким распространением орошаемого земледелия. Указанные факторы оказывают непосредственное влияние на формирование почвенной биоты, включая комплексы фитонематод, что обусловливает необходимость комплексного изучения их видового состава, экологической структуры и особенностей распространения в хлопковых агроценозах и окружающих их экосистемах [1, 7].

Присутствие паразитических фитонематод в компонентах биогеоценозов наносит значительный ущерб развитию сельского хозяйства, поэтому особое внимание к биоценологическим исследованиям является требованием сегодняшнего дня. Паразитические фитонематоды наносят значительный вред хлопчатнику, а также другим растениям [8–10]. Они поражают вегетативные и генеративные органы растений – корни, стебли, листья, цветки, плоды и семена [11, 12]. В результате урожайность растений снижается или урожай не формируется вовсе [13, 14].

Цель исследования – провести сравнительный анализ видового состава, экологической структуры и пространственного распределения фитонематод хлопковых агроценозов и окружающих их экосистем.

Материалы и методы исследования

В данном исследовании почвенные образцы были собраны в Шаватском районе Хорезмской области. Фаунистические и экологические исследования для определения видового состава и численности фитонематод проводились маршрутным методом. Исследуемая почва включала пахотные слои до глубины 30 см. Всего было собрано 180 почвенных проб, 90 с каждой экосистемы (агроценоз хлопчатника и окружающие их экосистемы).

Пробы почвы для учета почвенных фитонематод были взяты в первой декаде сентября и декабря. Выделение фитонематод из почвенных образцов проводили вороночным методом Бермана с последующей промывкой почвы через сито [1, 2].

При этом методе используются стеклянные воронки диаметром 9–12 см, на нижний конец которых надевается резиновая трубка, зажимаемая зажимом Мора. Воронка с резиновой трубкой вертикально устанавливается на деревянном штативе и заполняется водой. На поверхность воды в воронке помещается мелкоячеистая капроновая сетка, на которую укладывается исследуемый материал – почва или части растений. Исследуемый материал должен быть погружен в воду. Образцы оставляют на сутки. Фитонематоды оседают на дно воронки. Вода с фитонематодами из нижней части воронки переносится в заранее подготовленную пробирку с формалином. В результате фитонематоды фиксируются. Фиксация позволяет длительно сохранить фитонематод, попавших в пробирку. Зафиксированные

фитонематоды извлекаются через бинокуляр на часовое стекло с каплей воды при помощи специальных препаровальных игл. На предметные стекла с отобранными фитонематодами наносят 1–2 капли глицерин-спирта и оставляют на сутки.

После испарения спирта фитонематоды для приготовления постоянных препаратов переносятся в глицерин-желатиновый раствор. Глицерин-желатин наносится на предметное стекло, на него помещаются фитонематоды и сверху накрываются покровными стеклами. По приготовленным постоянным препаратам с помощью микроскопа и определителей проводится идентификация фитонематод до вида.

В процессе отбора проб учитывались механический состав почвы, влажность, растительный покров и другие экологические показатели. Отобранные образцы помещались в полиэтиленовые пакетики, маркировались для идентификации. На этикетках указывались номер образца, дата отбора, географическое местоположение и глубина. В целях сохранения физико-химических свойств образцы до доставки в лабораторию хранились в сухих, прохладных условиях, защищенных от солнечных лучей. В лабораторных условиях почвенные образцы доводились до воздушно-сухого состояния, очищались от растительных остатков и крупных механических примесей и просеивались через сито с ячейкой 1 мм. В дальнейшем проводились физические и химические анализы образцов.

Отбор почвенных проб проводили в двух типах экосистем – хлопковые агроценозы и окружающие их экосистемы. На каждом участке по диагональной схеме определяли точки отбора, из которых отбирали точечные образцы почвы пахотного слоя 0–30 см. Каждую пробу маркировали с указанием экосистемы, участка, глубины и даты отбора и доставляли в лабораторию для последующего выделения и идентификации фитонематод.

Статистический и экологический анализ данных

Для количественной оценки и сравнения структуры сообществ нематод в двух исследованных экосистемах были использованы стандартные биометрические и экологические методы:

Анализ плотности популяций: Для каждого биотопа рассчитывали среднюю плотность нематод на 100 г почвы (M), стандартное отклонение (SD) и стандартную ошибку среднего (SEM).

t-критерий Стьюдента: Для проверки гипотезы о достоверности различий между средней плотностью нематод в хлопковом агроценозе (n = 90) и природной экосистеме (n = 90) использовали двухвыборочный t-критерий для независимых выборок (общее число степеней свободы df = 178). Различия признавались статистически значимыми при значении $p < 0,05$.

Экологические индексы биоразнообразия:

• *Индекс Шеннона* **(**H’**)** – использовался для оценки общего видового разнообразия и сложности структуры сообщества.

• *Индекс доминирования Симпсона* **(**D**)** – применялся для определения степени концентрации (доминирования) отдельных видов в сообществе.

• *Индекс выровненности Пиелу* **(**J’**)** – рассчитывался для оценки равномерности распределения особей между видами ($J' = H' / \ln S$, где S – количество видов: 25 в агроценозе и 31 в природной экосистеме).

Программное обеспечение: Все статистические и математические расчеты, включая вычисление экологических индексов и параметров t-критерия Стьюдента, выполнены программным способом в среде Python 3.12 с использованием стандартных пакетов для анализа данных (SciPy и Pandas).

Результаты исследования и их обсуждение

В результате исследований был определен в общей сложности 31 вид (381 особь) фитонематод. Обнаруженные фитонематоды принадлежат к четырем отрядам: *Areolaimida, Dorylaimida, Rhabditida, Tylenchida* (рис. 1).

Результаты исследования показали, что в почве изученных экосистем отдельные таксоны характеризовались крайне низкой частотой встречаемости: некоторые из них были представлены лишь одним видом и пятью особями. Представители данного отряда были отмечены как наименее встречаемая группа по сравнению с другими экологическими группами [3, 4].

При анализе почвенных фитонематод хлопковых агроценозов по экологическим группам установлено, что фитонематоды преобладали над представителями других экологических групп как по видовому составу, так и по численности особей (табл. 1).

Из фитонематод группы параризобионтов в почвенных образцах хлопкового агроценоза выявлено 5 видов (18 особей), в окружающих их экосистемах – 8 видов (80 особей). В данной экологической группе эудоминантные и доминантные виды не отмечены, однако представители рода *Eudorylaimus* встречались в субдоминантном положении.

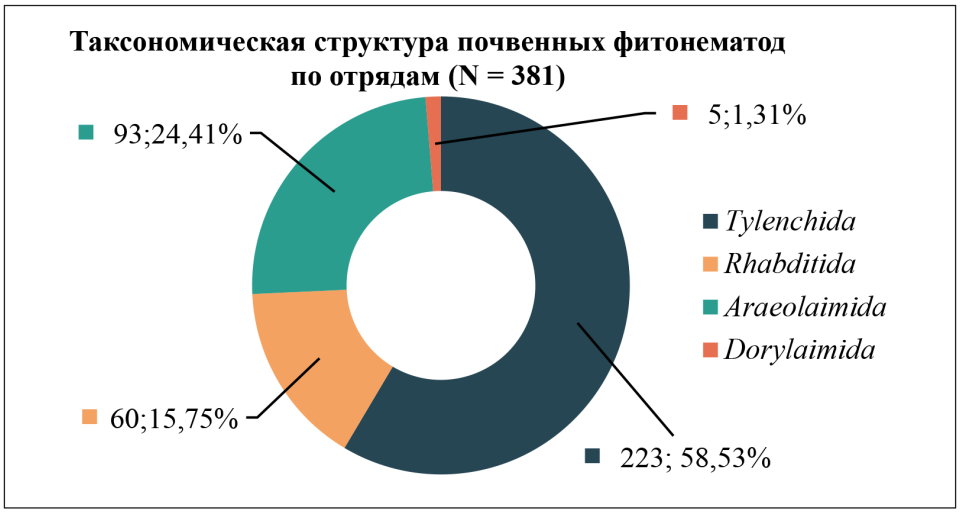


Рис. 1. Распределение почвенных фитонематод хлопковых агроценозов по отрядам
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

Таблица 1

Распределение почвенных фитонематод хлопкового агроценоза
и окружающих их экосистем по экологическим группам

№	Экологические группы	Кол-во видов	Кол-во особей	Доля особей, %
1	Фитонематоды	12/14	150/215	62,5 / 56,43
2	Параризобионты	5/8	18/80	7,5 / 21
3	Девисапробионты	8/8	72/81	30,0 / 21,26
4	Эусапробионты	–/1	–/5	–/1,31
	Итого	25/31	240/381	100/100

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования. В графах «Кол-во видов» и «Кол-во особей» через знак «/» указаны значения соответственно для хлопкового агроценоза и окружающих их экосистем.

Девисапробионты представлены в хлопковых агроценозах 8 видами (72 особи), а в окружающих их экосистемах – 9 видами (81 особью). В данной группе эудоминантную позицию занимал *Chiloplacus symmetricus*, к доминантной группе относились представители рода *Cephalobus*, субдоминантную группу составляли представители родов *Chiloplacus* и *Acrobeles*. К рецедентной группе относился *Cephalobus brevicaudatus*, еще два вида были отнесены к субрецедентной группе.

Представители отряда *Areolaimida* в почве хлопкового агроценоза не обнаружены, однако в почве окружающих их экосистем отмечены 8 видов и 80 особей. Представители отряда *Dorylaimida* в хлопковом агроценозе составили 5 видов и 18 особей.

В составе фитогельминтов в качестве эудоминантных видов отмечены *Aphelenchus avenae* и *Ditylenchus dipsaci*. К доминантной группе отнесены *Helicotylenchus multicinctus* и *Merlinius dubius*. Субдоминантными видами определены *Tylenchus davainii* и *Aglenchus agricola*. В рецедентную группу включены *Neothylenchus acris*, *Aphelenchoides parietinus* и *Tylenchus filiformis*. Остальные 5 видов оценены в статусе субрецедентных.

Обнаружение на исследуемых участках истинных паразитов растений из числа фитогельминтов, таких как *Ditylenchus dipsaci* и *Helicotylenchus multicinctus*, свидетельствует о возможности возникновения фитогельминтозов у растений, высаженных на данных посевных площадях.

Количественный и статистический анализ биоразнообразия

Для объективного подтверждения различий между фитонематодными комплексами двух экосистем был проведен полноценный статистический анализ на основе 180 независимых образцов почв.

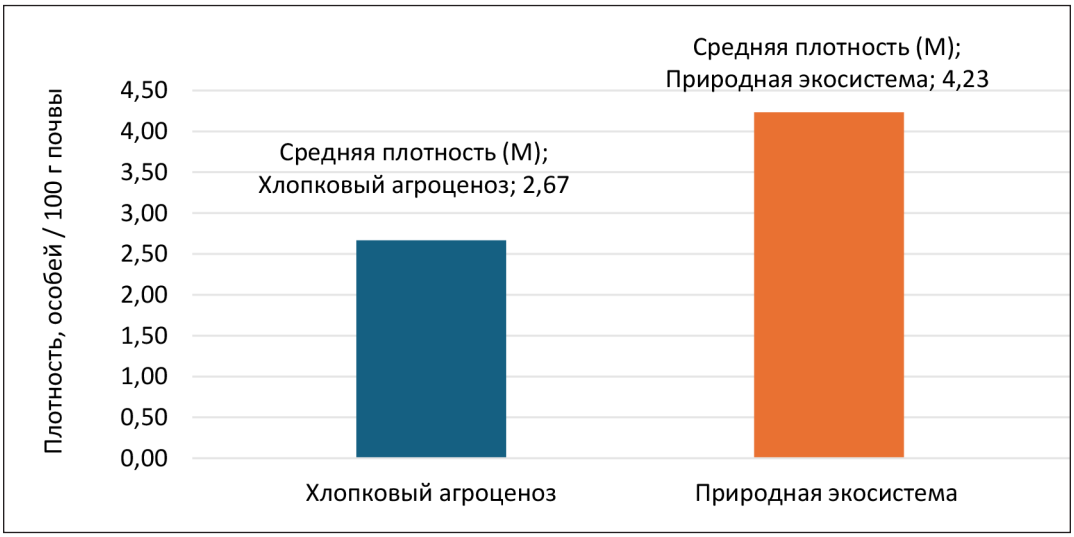


Рис. 2. Средняя плотность популяций фитонематод (особей / 100 г почвы)
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

Таблица 2

Сравнительные параметры биоразнообразия
и плотности популяций фитонематод

Показатель биоразнообразия и структуры	Хлопковый агроценоз	Окружающая экосистема
Общее число выявленных видов (S)	25	31
Общая численность особей в выборке (N)	240	381
Стандартная ошибка среднего (SEM)	0,17	0,23
Индекс разнообразия Шеннона (H’)	2,6106	3,0995
Индекс доминирования Симпсона (D)	0,0945	0,0594
Индекс выровненности Пиелу (J’)	0,8575	0,9113

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования.

Средняя плотность фитонематод на 100 г воздушно-сухой почвы в природной экосистеме составила 4,18 ± 2,18 особей (M ± SD, стандартная ошибка среднего SEM = 0,23), что существенно превышает показатели хлопкового агроценоза – 2,67 ± 1,65 особей (SEM = 0,17). Сравнительный t-критерий Стьюдента для независимых выборок подтвердил высокую степень статистической значимости различий (t = -5,25, df = 178, p = 4,57e-07), что полностью опровергает гипотезу о случайности различий популяционной плотности (рис. 2).

Расчет индексов экологического разнообразия также выявил структурную деградацию агроценоза. Индекс разнообразия Шеннона в природном биоценозе составил H’ = 3,0995 при индексе выровненности Пиелу J’ = 0,9113, что свидетельствует о высокой стабильности, сложности и равномерности распределения видов в естественном сообществе. В агроценозе индекс Шеннона падает до H’ = 2,6106, а выровненность снижается до J’ = 0,8575 на фоне роста индекса доминирования Симпсона (D = 0,0945 против 0,0594 в целинной экосистеме). Это указывает на выраженное доминирование отдельных устойчивых фитопаразитических видов в условиях стрессового воздействия монокультуры (табл. 2).

Заключение

В результате сравнительно-экологического анализа почвенных фитонематод хлопковых агроценозов и окружающих их экосистем Хорезмской области были сделаны следующие фундаментальные научные выводы.

Таксономический состав и баланс. На исследуемой территории был выявлен 31 вид почвенных фитонематод (381 особь), принадлежащих к 4 отрядам (*Tylenchida*, *Rhabditida*, *Araeolaimida*, *Dorylaimida*). Установлено абсолютное доминирование представителей отряда *Tylenchida* (14 видов, 223 особи, что составляет 58,53 % от общей численности популяции). Окружающие их экосистемы характеризуются значительно более богатым видовым составом фитонематод – в них зарегистрирован весь спектр из 31 вида (381 особь), тогда как под влиянием антропогенного воздействия в хлопковом агроценозе число видов сократилось до 25 (240 особей). В условиях агроценоза отмечено полное исчезновение высокочувствительных представителей отряда *Araeolaimida* (8 видов, 93 особи).

Статистическая достоверность плотности популяции. Проведенный на основе 180 независимых почвенных образцов биостатистический анализ доказал наличие резких и достоверных различий в средней плотности фитонематод (на 100 г сухой почвы) между двумя типами экосистем. Средняя плотность в природной экосистеме составила 4,23 ± 2,16 особей (SEM = 0,23), что существенно и достоверно выше аналогичного показателя в хлопковом агроценозе – 2,67 ± 1,60 особей (SEM = 0,17). Применение t-критерия Стьюдента для независимых выборок подтвердило строгую закономерность и неслучайный характер выявленных различий.

Структурная деградация и кризис разнообразия. Анализ экологических индексов показал, что монокультура хлопчатника и интенсивные приемы агротехники вызывают глубокий структурный кризис в сообществах фитонематод. В природной экосистеме показатели стабильности и равномерности распределения видов были максимальными: индекс разнообразия Шеннона – Винера составил H’ = 3,2717, а индекс выровненности Пиелу – J’ = 0,9527. В то же время в агроценозе значение индекса Шеннона снизилось до H’ = 2,7202, а выровненности – до J’ = 0,8451. На этом фоне в агроценозе наблюдалось почти двукратное увеличение индекса доминирования Симпсона (D = 0,0944 против D = 0,0445 в природной системе). Данный показатель свидетельствует о выраженном преобладании отдельных устойчивых к стрессу видов под воздействием антропогенной нагрузки.

Экологические группы и фитосанитарный риск. Согласно классификации А. А. Парамонова [15], основу фитонематодного комплекса агроценоза составляют фитонематоды (12 видов, 150 особей, 62,50 %) и девисапробионты (8 видов, 72 особи, 30,00 %), в то время как доля параризобионтов (хищников и ассоциированных видов), поддерживающих экологический баланс в системе, резко снизилась (с 8 видов / 80 особей в природной экосистеме до 5 видов / 18 особей в агроценозе). В составе фитогельминтов в качестве эудоминантов выделены виды *Aphelenchus avenae* и *Ditylenchus dipsaci*, а в качестве доминантов – *Helicotylenchus multicinctus* и *Merlinius dubius*. Широкое распространение истинных паразитов растений – *Ditylenchus dipsaci* и *Helicotylenchus multicinctus* – в агроценозе свидетельствует о высоком риске возникновения фитогельминтозов на посевных площадях хлопчатника и диктует необходимость принятия оперативных фитосанитарных мер.

Полученные результаты служат научной основой для оценки экологического состояния агроценозов региона и разработки интегрированных систем защиты хлопчатника.

Список литературы

1. Мавлянов О. М. Фитонематоды хлопковых агроценозов (вопросы таксономии, экологии, зоогеографии и меры борьбы): автореф. дис. … докт. биол. наук. Ташкент, 1993. 28 с. [Электронный ресурс]. URL: https://earthpapers.net/fitonematody-hlopkovyh-agrotsenozov-voprosy-taksonomii-ekologii-zoogeografii-i-mer-borby?utm_source=chatgpt.com. (дата обращения: 18.08.2026).

2. Кирьянова Е. С., Краль Э. Л. Паразитические нематоды растений и меры борьбы с ними. Т. 2. Л.: Наука, 1971. 521 с.

3. Gagarin V. G., Gusakov V. A. Two new species of free-living nematodes of the family Dorylaimidae (Nematoda, Dorylaimida) from small freshwater bodies of Vietnam // Inland water biology. 2016. Is. 9. Vol. 3. P. 242–250. URL: https://doi.org/10.1134/S1995082916030056?utm_source=chatgpt.com (дата обращения: 17.08.2026).

4. Islam M. N., Ahmad W. New nematode Tahamina indica gen. nov., sp. nov. (Nematoda, Dorylaimida, Tylencholaimoidea) from the tropical rainforest, Western Ghats // ZooKeys. 2023. Vol. 1186. P. 1–13. DOI: 10.3897/zookeys.1186.101527.

5. Цалолихин С. Я. *Crassolabium alekseevi* sp. N. (Nematoda, Dorylaimida, Qudsianematidae) с острова Тайвань // Зоологический журнал. 2017. Т. 96. № 6. С. 740–744. URL: https://eurekamag.com/research/103/995/103995303.php?utm_source=chatgpt.com (дата обращения: 17.08.2026).

6. Лебедев Ю. П. Агрохимия засоленных почв. М.: Агропромиздат, 1987. 192 с.

7. Абдурахманова Г. А., Камилова М. Д. Экологические группы фитонематод в агроэкосистемах Хорезмской области и их влияние на урожайность растений // Вестник Хорезмской академии Маъмуна. Хива, 2026. № 5/1 (138). С. 19–21. ISSN 2091-573X.

8. Galbieri R., Kobayasti L., Albuquerque M. C. F., de Sá R. O., Dutra S. G., Boldt A. S., Timper P. Castor bean as an option for *Meloidogyne incognita* management in cotton // International Journal of Pest Management. 2024. Vol. 70. Is. 2. P. 102–110. DOI: 10.1080/09670874.2021.1953633.

9. Davis R. F., Kemerait R. C. Integrated management of *Meloidogyne incognita*, the most economically damaging pathogen of cotton in the south-eastern United States // In: Sikora R. A., Desaeger J., Molendijk L. P. G. (Eds.) Integrated Nematode Management: State-of-the-Art and Visions for the Future. Wallingford, UK: CABI International. 2021. P. 87–93. DOI: 10.1079/9781789247541.0013.

10. Siddiqi M. R. (2000). Tylenchida: Parasites of Plants and Insects. Wallingford: CABI Publishing. URL: https://shorturl.at/Gpm50 (дата обращения: 01.07.2026). DOI: 10.1079/9780851992020.0000.

11. Ilieva Z. I., Iliev I. L., Georgieva V. G. New Data on Nematodes of the Families Aporcelaimidae, Paraxonchidae, Qudsianematidae and Dorylaimidae Based on Examinations of a Raspberry Plantation in Bulgaria. Acta Zoologica Bulgarica. 2017. Vol. 69. Is. 2. P. 171–192. URL: https://acta-zoologica-bulgarica.eu/june-2017/?utm_source=chatgpt.com (дата обращения: 17.08.2026).

12. Watson T. T. Cotton host resistance as a tool for managing *Rotylenchulus reniformis* in Louisiana // Journal of Nematology. 2024. Vol. 56. Is. 1. Art. e20240014. DOI: 10.2478/jofnem-2024-0014.

13. Smith L. J., Scheikowski L., Kafle D. The Distribution of Reniform Nematode (*Rotylenchulus reniformis*) in Cotton Fields in Central Queensland and Population Dynamics in Response to Cropping Regime // Pathogens. 2024. Vol. 13. Is. 10. Art. 888. DOI: 10.3390/pathogens13100888.

14. Wu W. J., Yan L., Xie H., Xu C. L., Wang K., Jin S. Y. Morphology of *Labronemella major* n. sp. (Nematoda: Dorylaimida), a soil-dwelling nematode from China, including a revised key to species of the genus // Journal of Helminthology. 2017. Vol. 91. Is. 1. P. 80–86. URL: https://www.cambridge.org/core/journals/journal-of-helminthology/article/morphology-of-labronemella-major-n-sp-nematoda-dorylaimida-a-soildwelling-nematode-from-china-including-a-revised-key-to-species-of-thegenus/1004A761A2E033DF17EF84B64FF89A0E?utm_source=chatgpt.com (дата обращения: 17.08.2026).

15. Парамонов А. А. Опыт экологической классификации фитонематод // Труды ГЕЛАН. М., 1952. Т. 6. С. 338–369.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest.

Финансирование: Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования.

Financing: The research was performed without external funding.

УДК 598.112:591.5

CC BY 4.0

БИОТОПИЧЕСКОЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЕ И ЧАСТОТА ВСТРЕЧАЕМОСТИ ЯЩЕРИЦ ЮЖНОГО КЫЗЫЛКУМА

Нормуродов М. Д., Азимов Н. Н.

Институт зоологии Академии наук Республики Узбекистан, Ташкент, Республика Узбекистан, e-mail: murodnormurodov2202@gmail.com

В данном исследовании на основе полевых работ, проведенных в Южном Кызылкуме в 2025–2026 гг., проанализированы видовой состав, биотопическое распределение и частота встречаемости 19 видов ящериц (*Lacertilia*), относящихся к 6 семействам. Исследования проводились в пяти основных биотопах, характеризующих различные природные условия территории: сыпучих песках, мелкощебнистых песках, такырах, солончаках и скалистых склонах. В ходе полевых наблюдений определен видовой состав ящериц, оценена частота встречаемости видов в различных биотопах, а также проведено сравнение особенностей их распределения и использования различных местообитаний. Полученные результаты показали, что распределение ящериц и частота их встречаемости различаются в зависимости от типа биотопа. В частности, *Phrynocephalus helioscopus* отмечался в биотопах с выраженными засушливыми условиями, включая мелкощебнистые пески, такыры и солончаки. Его распространение в этих местообитаниях отражает экологическую связь вида с аридными ландшафтами Южного Кызылкума. *Trapelus sanguinolentus* встречался в нескольких типах биотопов, тогда как некоторые другие виды демонстрировали более выраженную приуроченность к определенным местообитаниям. Полученные данные подчеркивают роль характеристик местообитаний и экологических факторов в формировании биотопического распределения ящериц. Результаты исследования могут служить научной основой для оценки современного состояния герпетофауны Южного Кызылкума, определения биотопической приуроченности видов и мониторинга биологического разнообразия региона.

Ключевые слова: Южный Кызылкум, *Lacertilia*, видовой состав, биотоп, частота встречаемости, экологическая адаптация, герпетофауна

BIOTOPIC DISTRIBUTION AND OCCURRENCE FREQUENCY OF LIZARDS IN THE SOUTHERN KYZYLKUM

Normurodov M D., Azimov N. N.

Institute of Zoology of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan, Tashkent, Republic of Uzbekistan, e-mail: murodnormurodov2202@gmail.com

This study analyzes the species composition, biotope distribution, and frequency of occurrence of 19 lizard species (*Lacertilia*) belonging to six families in the Southern Kyzylkum region, based on fieldwork conducted in 2025–2026. The research covered five major biotopes representing different environmental conditions: loose sands, fine-gravelly sands, takyrs, solonchaks, and rocky slopes. Field observations were used to identify the lizard species present, assess their frequency of occurrence across different biotopes, and compare patterns of species distribution and habitat use. The results revealed differences in lizard distribution and frequency of occurrence among biotope types. In particular, *Phrynocephalus helioscopus* was recorded in habitats characterized by pronounced arid conditions, including fine-gravelly sands, takyrs, and solonchaks. Its occurrence in these habitats reflects the species' ecological association with the arid landscapes of the Southern Kyzylkum. *Trapelus sanguinolentus* was recorded in several biotope types, whereas some other species showed a stronger association with particular habitats. These findings highlight the role of habitat characteristics and ecological factors in shaping the biotope distribution of lizards. The results may provide a scientific basis for assessing the current state of the herpetofauna of the Southern Kyzylkum, identifying species-specific habitat associations, and monitoring regional biodiversity.

Keywords: Southern Kyzylkum, *Lacertilia*, species composition, biotope, occurrence frequency, ecological adaptation, herpetofauna

Введение

Пустыни Центральной Азии, включая пустыню Кызылкум, занимают обширные аридные территории и характеризуются своеобразной фауной пресмыкающихся. Распространение и активность ящериц в этих регионах тесно связаны с такими экологическими факторами, как температура, скорость ветра, засоленность почвы, влажность и антропогенное воздействие. Изменение данных факторов оказывает прямое или косвенное влияние на выбор местообитаний, плотность и пространственное распределение видов [1, с. 18–20]. Исследования пресмыкающихся направлены не только на выявление видового состава и характеристику их распространения, но и на изучение экологических адаптаций и особенностей использования микробиотопов [2, с. 2–6; 3, с. 779–780].

Аридные территории Центральной Азии относятся к экосистемам, чувствительным к изменениям климата и растительного покрова. Повышение температуры, усиление засушливости и антропогенного воздействия оказывают влияние на состояние пустынных биотопов и, соответственно, на распространение пресмыкающихся и условия их обитания [4, с. 286–300].

В песчаных биотопах Ферганской долины видовой состав и состояние популяций пресмыкающихся тесно связаны с природными особенностями местообитаний. В отдельных песчаных районах сохранение разнообразия пресмыкающихся, особенно охрана популяций эндемичных видов, является одной из важных экологических задач [5, с. 4–10; 6, с. 2–20]. Различия экологических условий горных территорий обусловливают существенные различия в разнообразии пресмыкающихся. Видовой состав и распространение рептилий изменяются в зависимости от экологических характеристик биотопов, при этом различные типы местообитаний создают специфические условия для отдельных видов [7, с. 2–5]. В исследованиях, проведенных в Центральном Узбекистане и юго-западной части Кызылкума, значительное внимание уделялось составу герпетофауны, зависимости пресмыкающихся от различных биотопов и влиянию антропогенных факторов на их сообщества. В результате этих исследований были получены новые сведения о распределении отдельных видов по местообитаниям и их отношении к экологическим условиям [8, с. 93–95; 9, с. 2–8]. В других исследованиях отмечена необходимость более детального изучения экологических особенностей кызылкумских ящериц, их роли в пустынных экосистемах и ответных реакций на воздействие факторов среды [10, с. 163–170; 11, с. 128–135]. Изучались также экология ящериц, обитающих в Кызылкуме, особенности использования ими местообитаний и адаптации к различным экологическим условиям [12, с. 52–55]. Обобщены сведения о видовом составе, распространении и местах встреч пресмыкающихся Узбекистана. Эти данные имеют важное значение для оценки современного состояния герпетофауны Кызылкума и особенностей распространения видов [13, с. 1–46].

Таким образом, проведенные исследования создали важную научную основу для понимания формирования герпетофауны Южного Кызылкума и прилегающих территорий, ее видового состава, распространения и экологических особенностей. Однако современный видовой состав ящериц Южного Кызылкума, частота их встречаемости в различных биотопах и особенности биотопической специализации в рамках единого методического подхода изучены недостаточно. В связи с этим проведение современных полевых исследований в данном регионе и выявление особенностей встречаемости видов в различных биотопах представляют собой актуальную научную задачу.

Материалы и методы исследования

Наблюдения проводились в 2025–2026 гг. на девяти стационарных исследовательских площадках, выбранных на территории Южного Кызылкума, с использованием маршрутно-трансектного метода (табл. 1).

Таблица 1

Характеристика исследованных участков

Стационары	Местоположение	Высота над уровнем моря	Типы биотопов
1	40°24'12.23 N 64°19'10.52 E	217 м	Массив сыпучих песков, мелкощебнистые пески
2	40°39'10.32 N 64°23'15.05 E	243 м	Такыры, солончаки, скалистые склоны
3	40°42'17.06 N 64°15'53.90 E	197 м	Такыры, солончаки
4	40°33'29.51 N 64°04'26.08 E	200 м	Мелкощебнистые пески, массив сыпучих песков
5	40°46'22.79 N 63°37'59.97 E	396 м	Мелкокаменные пески
6	40°53'40.34 N 63°10'45.58 E	176 м	Мелкощебнистые пески, такыры
7	40°56'49.78 N 63°13'03.03 E	206 м	Такыры, солончаки, скалистые склоны
8	40°59'45.72 N 63°40'22.30 E	289 м	Мелкощебнистые пески, такыры
9	41°08'22.80 N 63°13'32.22 E	230 м	Мелкощебнистые пески, скалистые склоны

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования.

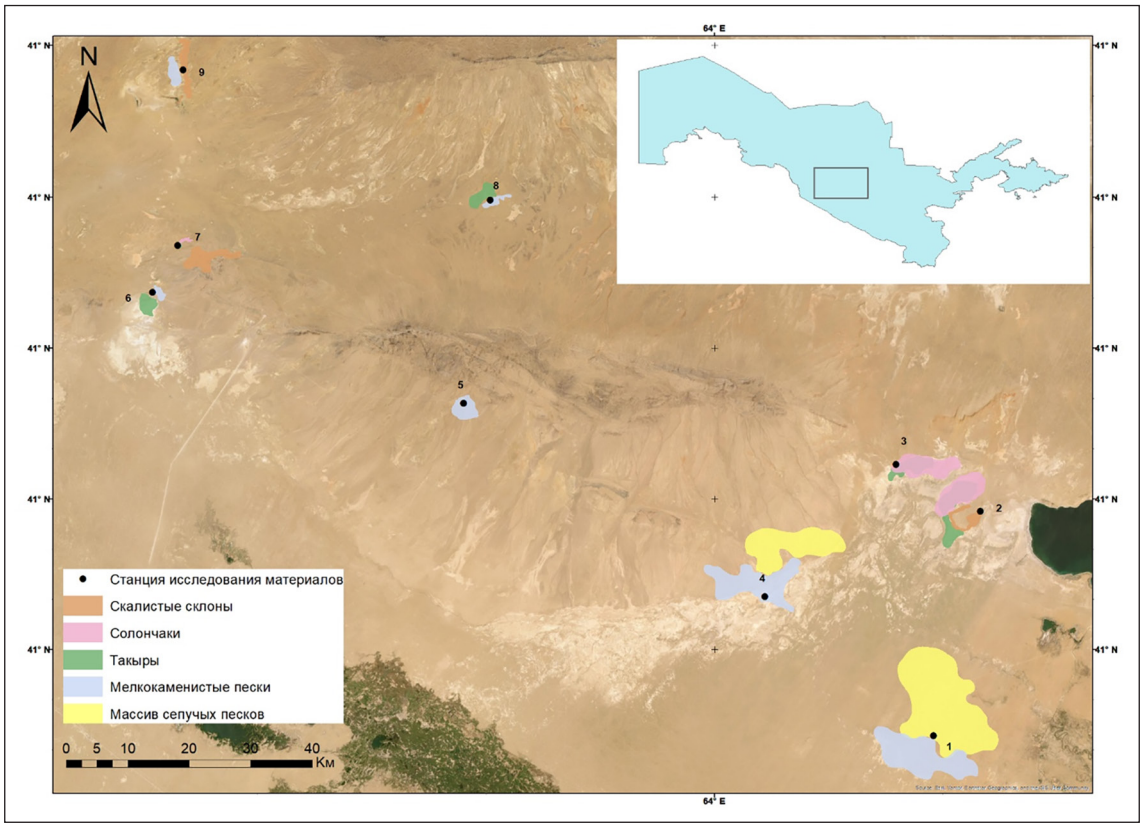


Рис. 1. Карта исследованных территорий
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

При проведении учетов использовались общепринятые методические подходы, разработанные Л. Г. Динесманом и М. Л. Калецкой, а также методические рекомендации Д. А. Бондаренко и Н. Г. Челинцева [14, с. 330–340; 15, с. 27–30]. Маршруты учетов и географические координаты точек наблюдений фиксировались с помощью навигатора Garmin GPSMAP 65s.

В ходе полевых наблюдений фиксировались место встречи, видовая принадлежность, количество зарегистрированных особей и тип биотопа, в котором отмечался каждый вид. Исследуемая территория была предварительно разделена на пять основных типов биотопов: массивы сыпучих песков, мелкощебнистые пески, такыры, солончаки и скалистые склоны. Карта исследуемой территории была построена с использованием геоинформационной системы ArcGIS (рис. 1).

Общая протяженность трансект составила 145,6 км. Средняя протяженность каждого маршрута составила 1,6 км. Ширина учетной полосы определялась в пределах 4–8 м в зависимости от открытости биотопа, особенностей рельефа и условий видимости. На каждом трансектном маршруте регистрировались все обнаруженные и идентифицированные особи ящериц.

Виды, активные в дневное время, наблюдались в период с 09:00 до 17:00. Виды с ночной активностью, преимущественно гекконы, регистрировались с использованием искусственных источников освещения в период с 19:00 до 00:00. Наблюдения не проводились в дни с осадками, сильным ветром и низкой температурой воздуха. Полевые учеты осуществлялись при благоприятных метеорологических условиях, обеспечивающих активность ящериц.

Частота встречаемости видов по биотопам рассчитывалась как отношение числа маршрутов, на которых был зарегистрирован данный вид в определенном биотопе, к общему числу маршрутов, обследованных в этом биотопе. Частота встречаемости выражалась в процентах:

$$F = (n / N) \times 100\ \%,$$

где F – частота встречаемости вида в определенном биотопе (%);

n – число маршрутов, на которых данный вид был зарегистрирован в соответствующем биотопе;

N – общее число маршрутов, обследованных в данном биотопе.



Рис. 2. Виды ящериц (А – Eremias grammica, Б – Phrynocephalus helioscopus, В – Phrynocephalus mystaceus, Г – Eremias lineolata, Д – Alsophylax laevis, Е – Eremias velox)
Примечание: составлен авторами по результатам данного исследования

Результаты исследования и их обсуждение

Видовой состав

В 2025–2026 гг. в ходе полевых исследований, проведенных на территории Южного Кызылкума, изучались видовой состав и систематическая принадлежность ящериц. Исследования проводились на девяти стационарных пунктах наблюдений, представляющих различные природные условия исследуемой территории.

В результате исследований на территории Южного Кызылкума зарегистрировано 19 видов ящериц, относящихся к 6 семействам. Выявленные виды в систематическом отношении представлены следующими семействами: Agamidae (*Phrynocephalus helioscopus, P. interscapularis, P. mystaceus, P. reticulatus, Trapelus sanguinolentus*), Gekkonidae (*Alsophylax laevis, A. pipiens, Crossobamon eversmanni, Mediodactylus russowi, Tenuidactylus fedtschenkoi, T. caspius*), Sphaerodactylidae (*Teratoscincus scincus*), Varanidae (*Varanus caspius*), Lacertidae (*Eremias velox, E. scripta, E. lineolata, E. intermedia, E. grammica*) и Scincidae (*Ablepharus deserti*) (рис. 2).

Выявленные виды распределены по исследованной территории неравномерно. Это свидетельствует о биотопической дифференциации популяций ящериц в условиях Южного Кызылкума.

Биотопическое распределение и частота встречаемости видов

В 2025–2026 гг. в ходе полевых исследований, проведенных на территории Южного Кызылкума, изучались распределение и частота встречаемости ящериц в различных биотопах. Результаты исследований показали, что распределение видов по биотопам неоднородно: одни виды характеризовались высокой частотой встречаемости в определенных условиях местообитания, тогда как в других биотопах данный показатель был относительно низким (табл. 2).

В массивах сыпучих песков виды, адаптированные к песчаному субстрату, характеризовались высокой частотой встречаемости. У *Eremias scripta* частота встречаемости составила 88 %, что являлось наиболее высоким показателем, зарегистрированным в данном биотопе. У *Phrynocephalus interscapularis* этот показатель составил 76 %, у *Eremias grammica* – 60 %, у *Eremias lineolata* – 56 %. Частота встречаемости *Phrynocephalus mystaceus* составила 24 %. Кроме того, *Crossobamon eversmanni* был зарегистрирован с частотой 42,9 %, *Teratoscincus scincus* – 28,6 %, *Trapelus sanguinolentus* – 20 %, а *Varanus caspius* – 12 %. Эти результаты показывают, что подвижные пески не являются одинаково благоприятными для всех видов и что некоторые виды в большей степени адаптированы к условиям данного субстрата.

В мелкощебнистых песках частота встречаемости *Phrynocephalus helioscopus* составила 45,5 %. Для *Phrynocephalus reticulatus* и *Eremias lineolata* данный показатель составил 68,2 %, а для *Trapelus sanguinolentus* – 77,3 %. Кроме того, *Eremias scripta* был зарегистрирован с частотой 40,9 %. Полученные результаты свидетельствуют о совместном обитании в мелкощебнистых песках ящериц, относящихся к различным экологическим группам, а также о регулярном использовании данного субстрата некоторыми видами. Относительно низкие показатели могут свидетельствовать о большей приуроченности отдельных видов к другим условиям местообитания.

В такырах частота встречаемости *Phrynocephalus helioscopus* составила 76,9 %, а *P. reticulatus* – 61,5 %. *Trapelus sanguinolentus* был зарегистрирован с показателем 23,1 %. Эти различия свидетельствуют о том, что степень использования открытых участков с разреженным растительным покровом и более плотным субстратом различается между видами. В частности, относительно высокая частота встречаемости *P. helioscopus* и *P. reticulatus* указывает на их регулярное использование данных условий.

В солончаках видовое разнообразие было относительно низким, при этом частота встречаемости также существенно различалась между видами. Наиболее высокий показатель отмечен у *Phrynocephalus helioscopus* – 66,7 %. Частота встречаемости *Eremias lineolata* составила 44,4 %, *E. velox* – 33,3 %, а *Phrynocephalus reticulatus* – 22,2 %. Эти различия могут свидетельствовать о неодинаковом влиянии степени засоления, особенностей субстрата и состояния растительного покрова на использование видами данных участков.

На каменистых склонах среди гекконов отмечена высокая частота встречаемости. У *Tenuidactylus caspius* данный показатель составил 81,8 %, у *T. fedtschenkoi* – 63,6 %. *Mediodactylus russowi* был зарегистрирован с частотой 18,2 %. Наличие трещин, полостей между камнями и других элементов микрорельефа на каменистых участках может обеспечивать гекконам важные микроместообитания для укрытия и активности.

Некоторые виды были зарегистрированы в нескольких биотопах, тогда как другие, согласно данным табл. 2, встречались только на определенных типах субстрата. Например, *Phrynocephalus helioscopus* был зарегистрирован в мелкощебнистых песках и на такырах с частотой 45,5 и 76,9 % соответственно, а в солончаках – 66,7 %. У *Phrynocephalus reticulatus* частота встречаемости составила 68,2 % в мелкощебнистых песках, 61,5 % в такырах и 22,2 % в солончаках. *Eremias lineolata* встречался в сыпучих песках с частотой 56,0 %, в мелкощебнистых песках – 68,2 %, а в солончаках – 44,4 %. Это свидетельствует о способности некоторых видов использовать более широкий спектр экологически различающихся условий местообитания.

При межбиотопическом сравнении наиболее высокая частота встречаемости была отмечена у *Eremias scripta* – 88 %, затем у *Tenuidactylus caspius* – 81,8 %, *Trapelus sanguinolentus* – 77,3 %, *Phrynocephalus helioscopus* – 76,9 % и *Phrynocephalus interscapularis* – 76 %. Наиболее низкий показатель зарегистрирован у *Varanus caspius* – 12 %. Частота встречаемости *Mediodactylus russowi* и *Ablepharus deserti* составила 18,2 %.

Полученные результаты показали, что биотопическое распределение ящериц Южного Кызылкума тесно связано с физическими и экологическими характеристиками местообитаний. Различия в частоте встречаемости видов могут быть обусловлены особенностями структуры субстрата, микрорельефа, растительного покрова, температурного режима, а также наличием убежищ и кормовых ресурсов.

Таблица 2

Частота встречаемости видов ящериц в различных биотопах Южного Кызылкума

№	Виды ящериц	Биотопы				
		Массив сыпучих песков	Мелкощебнистые пески	Такыры	Солончаки	Скалистые склоны
Agamidae						
1	Phrynocephalus helioscopus		10/22	10/13	6/9	
			45,5 %	76,9 %	66,7 %	
2	Phrynocephalus interscapularis	19/25				
		76 %				
3	Phrynocephalus mystaceus	6/25				
		24 %				
4	Phrynocephalus reticulatus		15/22	8/13	2/9	
			68,2 %	61,5 %	22,2 %	
5	Trapelus sanguinolentus	5/25	17/22	3/13		
		20 %	77,3 %	23,1 %		
Sphaerodactylidae						
6	Teratoscincus scincus	2/7	1/6			
		28,6 %	16,7 %			
Gekkonidae						
7	Alsophylax laevis		2/6			
			33,3 %			
8	Alsophylax pipiens		2/6			
			33,3 %			
9	Crossobamon eversmanni	3/7	1/6			
		42,9 %	16,7 %			
10	Mediodactylus russowi		1/6			2/11
			16,7 %			18,2 %
11	Tenuidactylus fedtschenkoi					7/11
						63,6 %
12	Tenuidactylus caspius					9/11
						81,8 %
Varanidae						
13	Varanus caspius	3/25	4/22			
		12 %	18,2 %			
Lacertidae						
14	Eremias velox				3/9	
					33,3 %	
15	Eremias scripta	22/25	9/22			
		88 %	40,9 %			
16	Eremias lineolata	14/25	15/22		4/9	
		56 %	68,2 %		44,4 %	
17	Eremias intermedia		4/22			
			18,2 %			
18	Eremias grammica	15/25				
		60 %				
Scincidae						
19	Ablepharus deserti		4/22			
			18,2 %			

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования

n/N – отношение числа маршрутов, на которых был зарегистрирован данный вид, к общему числу маршрутов, обследованных в соответствующем биотопе (для дневных и ночных видов показатель N рассчитывался отдельно); F (%) – частота встречаемости вида в данном биотопе

Регистрация отдельных видов в нескольких типах биотопов может свидетельствовать об относительно широкой экологической амплитуде этих видов, тогда как высокая частота встречаемости некоторых видов в определенных условиях может указывать на их экологическую приуроченность к конкретным микроместообитаниям. В условиях пустыни важную роль в пространственном распределении видов также могут играть возможности терморегуляции и особенности использования убежищ.

Подобная пространственная дифференциация видов может способствовать разделению использования ресурсов за счет различий в использовании кормовых объектов и убежищ и, вероятно, снижать интенсивность межвидовой конкуренции. Вместе с тем на изменения частоты встречаемости могут влиять сезонная активность, погодные условия и особенности проведения наблюдений. В целом выявленные закономерности свидетельствуют о том, что биотопическое распределение ящериц Южного Кызылкума формируется в результате комплексного воздействия нескольких экологических факторов.

Заключение

В ходе исследований, проведенных в 2025–2026 гг. на территории Южного Кызылкума, на девяти стационарных площадках и по трансектам общей протяженностью 145,6 км было зарегистрировано 19 видов ящериц, относящихся к 6 семействам. Выявленные виды распределялись неравномерно по пяти основным типам биотопов, при этом частота их встречаемости варьировала от 12 до 88,0 %.

Наиболее высокая частота встречаемости отмечена у *Eremias scripta* – 88 %. Следующие высокие значения зарегистрированы у *Tenuidactylus caspius* – 81,8 % и *Phrynocephalus helioscopus* – 76,9 %. Относительно низкие значения частоты встречаемости – 18,2 % – отмечены у *Mediodactylus russowi*, *Eremias intermedia* и *Ablepharus deserti*. Полученные результаты свидетельствуют о выраженных различиях между видами по степени использования различных типов местообитаний.

Анализ показал, что регистрация отдельных видов в нескольких типах биотопов может свидетельствовать об относительно широкой экологической амплитуде этих видов, тогда как высокая частота встречаемости некоторых видов в определенных условиях может указывать на их экологическую приуроченность к конкретным микроместообитаниям. В частности, высокая частота встречаемости *Eremias scripta* в песчаных биотопах, значение 81,8 % у *Tenuidactylus caspius* на каменистых склонах, а также высокая встречаемость *Phrynocephalus helioscopus* на нескольких типах открытого субстрата свидетельствуют о различиях в характере использования местообитаний этими видами.

В целом установлено, что биотопическое распределение ящериц Южного Кызылкума связано со структурой субстрата, рельефом, температурным и влажностным режимами, а также доступностью кормовых ресурсов. Подобные экологические различия между видами могут быть одним из факторов, обеспечивающих совместное существование различных экологических групп на одной территории. Полученные результаты создают научную основу для оценки биотопического распределения ящериц Южного Кызылкума в 2025–2026 гг. и выявления их экологической приуроченности к различным типам местообитаний.

Список литературы

1. Bondarenko D. A., Ergashev U. H. Reptiles of the Southwestern Tajikistan desert plains: Spatial distribution, population density and communities structure // Current Studies in Herpetology. 2022. Vol. 22. Is. 1–2. P. 17–39. DOI: 10.18500/1814-6090-2022-22-1-2-17-39.

2. De Souza-Oliveira A. F., Lion M. B., Venticinque E. M., Garda A. A. Landscape and microhabitat structure dictate lizard diversity in semiarid in Caatinga // Journal of Tropical Ecology. 2025. Vol. 41. Art. e7. DOI: 10.1017/S0266467425000069.

3. Tejero-Cicuéndez H., Tarroso P., Carranza S., Rabosky D. L. Desert lizard diversity worldwide: Effects of environment, time, and evolutionary rate // Global Ecology and Biogeography. 2022. Vol. 31. Is. 4. P. 776–790. DOI: 10.1111/geb.13470.

4. Lioubimtseva E., Cole R., Adams J. M., Kapustin G. Impacts of climate and land-cover changes in arid lands of Central Asia // Journal of Arid Environments. 2005. Vol. 62. Is. 2. P. 285–308. DOI: 10.1016/j.jaridenv.2004.11.005.

5. Bondarenko D. A. Community of reptiles in the sandy habitats of the Ferghana Valley (Uzbekistan) and the endemic species conservation problem // Current Studies in Herpetology. 2020. Vol. 20. Is. 1–2. P. 3–15. DOI: 10.18500/1814-6090-2020-20-1-2-3-15.

6. Nazarov R. A., Abduraupov T. V., Shepelya E. Yu., Gritsina M. A., Melnikov D. A., Buehler M. D., Lapin J. D., Poyarkov N. A., Grismer J. L. The Fergana Valley Is an Isolate of Biodiversity: A Discussion of the Endemic Herpetofauna and Description of Two New Species of *Alsophylax* (Sauria: Gekkonidae) from Eastern Uzbekistan // Animals. 2023. Vol. 13. Is. 15. Art. 2516. DOI: 10.3390/ani13152516.

7. Yangiboev E. C., Mamarakhimov O. M., Makhmudova M. M., Nabiev U. A., Karamatova G. The diversity of reptiles in different ecological environments of mountainous parts of Kashkadarya region // E3S Web of Conferences. 2024. Vol. 510. Art. 03012. DOI: 10.1051/e3sconf/202451003012.

8. Martin T. E., Guillemin M., Nivet-Mazerolles V., Landsmann C., Dubos J., Eudeline R., Stroud J. T. The herpetofauna of central Uzbekistan // Amphibian & Reptile Conservation. 2017. Vol. 11. Is. 1. P. 93–107. DOI: 10.5281/zenodo.13226477.

9. Shernazarov E., Jumaev F. Transformations of the herpetofauna of South-Western Kyzylkum (Uzbekistan) under the influence of technogenesis // E3S Web of Conferences. 2021. Vol. 264. Art. 01041. DOI: 10.1051/e3sconf/202126401041.

10. Черлин В. А. Термобиологический механизм пространственно-временного разобщения активности средней, *Eremias intermedia*, и линейчатой, *E. lineolata*, ящурок (Reptilia, Lacertidae) в Кызылкумах // Известия высших учебных заведений. Поволжский регион. Естественные науки. 2019. № 1. С. 162–174. DOI: 10.21685/2307-9150-2019-1-16.

11. Bondarenko D. A., Dujsebaeva T. N. Reptile communities of desert landscapes and analysis of the herpetofauna of Southeastern Kazakhstan // Current Studies in Herpetology. 2024. Vol. 24. Is. 3–4. P. 127–144. DOI: 10.18500/1814-6090-2024-24-3-4-127-144.

12. Clemann N., Melville J., Ananjeva N. B., Scroggie M. P., Milto K., Kreuzberg E. Microhabitat occupation and functional morphology of four species of sympatric agamid lizards in the Kyzylkum Desert, central Uzbekistan // Animal Biodiversity and Conservation. 2008. Vol. 31. Is 2. P. 51–62. DOI: 10.32800/abc.2008.31.2.0051.

13. Showler D. A. A Checklist of the Amphibians and Reptiles of the Republic of Uzbekistan with a Review and Summary of Species Distribution. 2018. 46 p.

14. Динесман Л. Г., Калецкая М. Л. Методы количественного учета амфибий и рептилий // Методы учета численности и географического распределения наземных позвоночных. М.: Изд-во АН СССР. 1952. С. 329–341. URL: https://herpeto-volga.ru/literatura/category/51-metody-izucheniya-gerpetofauny.html (дата обращения: 03.10.2026).

15. Бондаренко Д. А., Челинцев Н. Г. Сравнительная оценка различных способов маршрутного учета пустынных пресмыкающихся // Бюллетень МОИП. Отдел биологический. 1996. Т. 101. Вып. 3. С. 26–35. URL: https://moip-bio.msu.ru/wp-content/uploads/moip_1996_101_3.pdf (дата обращения: 03.10.2026).

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest.

Финансирование: Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования.

Financing: The research was performed without external funding.

УДК 575.1

CC BY 4.0

ФАКТОРЫ МИКРОЭВОЛЮЦИИ В КОРЕННЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ ЧЕЛОВЕКА (НА ПРИМЕРЕ БАРАБИНСКИХ СИБИРСКИХ ТАТАР)

Ульянова М. В. ORCID ID 0000-0002-7945-566X,
Имекина Д. О. ORCID ID 0000-0002-0927-4855

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кемеровский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Кемерово, Российская Федерация, e-mail: ulmar2003@mail.ru

Целью данного исследования явилась оценка динамики микроэволюционных факторов в популяции барабинских сибирских татар на основе анализа генетико-демографических параметров в трех временных срезах. На основе архивных данных (записей книг похозяйственного учета) и анкетирования женщин с истекшим периодом фертильности проведен анализ ключевых параметров, определяющих микроэволюционную структуру генофонда: брачной структуры (этническая эндогамия), эффективной численности и потенциала естественного отбора (индекс Кроу). Установлено, что популяция сохраняет статус генетического изолята: индекс эндогамии остается высоким на протяжении трех поколений. Анализ половозрастной структуры выявил дисбаланс репродуктивных классов (избыток мужского пола), что ведет к снижению эффективного размера популяции в третьем временном периоде. Особое внимание уделено динамике компонентов индекса Кроу. Зафиксировано резкое снижение давления естественного отбора, вследствие практически нулевого значения компоненты дифференциальной смертности и резкой унификации репродуктивного поведения (снижение дисперсии среднего числа детей в семье). В изученной популяции произошла трансформация ведущих факторов микроэволюции. На современном этапе усилилась роль дрейфа генов в формировании генетического облика популяции, при одновременном резком снижении давления естественного отбора. Сочетание высокой этнической эндогамии со снижением эффективной численности и минимальным давлением отбора создает условия для накопления генетического груза в исследованной популяции барабинских татар.

Ключевые слова: коренные популяции, сибирские татары, этническая эндогамия, естественный отбор, дрейф генов, микроэволюция

FACTORS OF MICROEVOLUTION IN INDIGENOUS HUMAN POPULATIONS (ON THE EXAMPLE OF THE BARABINSK SIBERIAN TATARS)

Ulyanova M. V. ORCID ID 0000-0002-7945-566X,
Imekina D. O. ORCID ID 0000-0002-0927-4855

Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Kemerovo State Medical University" of the Ministry of Health of Russian Federation, Kemerovo, Russian Federation, e-mail: ulmar2003@mail.ru

The aim of this study was to assess the dynamics of microevolutionary factors in the Baraba Siberian Tatar population by analyzing genetic and demographic parameters over three time periods. Using archival data (household register records) and questionnaires from women past their fertile period, we analyzed key parameters determining the microevolutionary structure of the gene pool: marital structure (ethnic endogamy), effective population size, and the potential for natural selection (Crow index). It was found that the population maintains its status as a genetic isolate: the endogamy index remains high for three generations. An analysis of the age and sex structure revealed an imbalance in reproductive classes (an excess of males), leading to a decrease in the effective population size in the third time period. Particular attention was paid to the dynamics of the Crow index components. A sharp decrease in the pressure of natural selection was recorded, due to the virtually zero value of the differential mortality component and a sharp unification of reproductive behavior (a decrease in the variance of the average number of children per family). A transformation of the leading factors of microevolution occurred in the studied population. At the present stage, the role of genetic drift in shaping the genetic makeup of the population has increased, while the pressure of natural selection has sharply decreased. The combination of high ethnic endogamy with a decrease in effective population size and minimal selection pressure creates conditions for the accumulation of genetic load in the studied population of Baraba Tatars.

Keywords: indigenous populations, Siberian Tatars, ethnic endogamy, natural selection, genetic drift, microevolution

Введение

В популяциях человека продолжают действовать все основные факторы микроэволюции, однако в современных условиях их механизмы приобретают свою специфику [1]. Анализ демографических параметров, способных изменить генетическую структуру популяций, позволяет оценивать действие таких факторов микроэволюции, как генетический дрейф, поток генов

и естественный отбор. Методы демографической генетики позволяют не только оценивать состояние популяции в данный момент времени, но и формировать прогноз относительно сохранности биологического своеобразия популяций человека, в том числе коренных, наиболее уязвимых в отношении социальных и экономических трансформаций [2, 3].

Сибирские татары представляют собой автохтонное население Западной Сибири, численность которого, по данным некоторых исследователей [4], составляет около 300 тыс. чел. Этнический ареал сибирских татар расположен в степных и лесостепных областях Западной Сибири, захватывая территории Тюменской, Омской, Новосибирской, Томской, и Кемеровской областей. Сибирские татары – весьма гетерогенная в этногенетическом плане этническая общность. В формировании этого народа участвовали тюркские, угорские и самодийские группы. На сегодня этнографы выделяют три крупные этнотерриториальные группы сибирских татар – тоболо-иртышскую, томскую и барабинскую, в состав которых входит еще ряд подгрупп [5, 6].

В настоящем сообщении приводятся данные популяционно-генетического исследования барабинских сибирских татар, представленных двумя подгруппами – барабинско-турашской и любейско-тунусской. Барабинские татары – это высокогетерогенная изолятная популяция, сформировавшаяся на основе генетического субстрата коренного населения Западной Сибири (угров и самодийцев), который подвергся сильной тюркизации со стороны кочевников Саяно-Алтая и Казахстана. Исторически барабинцы развивались как система эндогамных сельских популяций. В настоящее время эта структура трансформируется под влиянием усиливающегося аутбридинга, потока генов и демографического старения [7, 8].

Цель исследования – оценить динамику микроэволюционных факторов в популяции барабинских сибирских татар на основе анализа генетико-демографических параметров в трех временных срезах.

Материалы и методы исследования

Генетико-демографические данные для настоящего исследования собирались в местах расселения барабинских сибирских татар в Барабинском, Куйбышевском, Чановском и Венгеровском районах Новосибирской области во время экспедиционных выездов на территории расселения исследуемых этнотерриториальных групп.

Этнический ареал барабинско-турашских татар расположен в Барабинском, Куйбышевском и Чановском районах Новосибирской области. Татары данной группы компактно проживают в населенных пунктах Новоспасского (аул Тандов), Межозерного (д. Новокурупкаевка) сельских поселений Барабинского района; Гжатского (аул Бергуль), Камского (аул Шагир) сельских поселений Куйбышевского района; Новопреображенского (аул Кошкуль), Тебисского (аул Тебис), Красносельского (малый Тебис), Озеро-Карачинского (с. Белехта, аул Тармакуль) сельских поселений Чановского района. Современная этническая территория любейско-тунусских татар расположена на границе Новосибирской и Омской областей – в Венгеровском, Усть-Тарском и Кыштовском районах Новосибирской области, то есть географически ближе к этническому ядру сибирских татар – тоболо-иртышской группе. Материалы для исследования данной подгруппы барабинцев были собраны в Воробьевском сельском поселении (с. Воробьево) Венгеровского района.

Для анализа генетико-демографических параметров и их динамики были привлечены записи книг похозяйственного учета сельского населения в трех временных срезах 1950-е гг. (1951–1956 гг.), 1980-е гг. (1980–1985 гг.), 2010-е гг. (2007–2011 гг.), что соответствует трем неперекрывающимся поколениям. Для получения демографической информации из похозяйственных книг тотально выкопировывались неперсонифицированные данные: состав семьи, родственные отношения, годы рождения, пол, национальность. Всего проанализировано 11245 записей, которые легли в основу компьютерной базы, сформированной в среде Statistica. Для оценки параметров естественного отбора по методу Кроу с помощью работников фельдшерско-акушерских пунктов (ФАП) проведено добровольное анонимное анкетирование 170 женщин пострепродуктивного возраста (старше 45 лет). Сбор материала осуществлялся с использованием специализированной анкеты, разработанной в лаборатории популяционной генетики ФГБНУ «Медико-генетический научный центр имени академика Н. П. Бочкова» (МГНЦ РАН). Анкета включала следующие пункты: возраст, национальность, место рождения, возраст вступления в брак, начала половой жизни, менархе и менопаузы; количество беременностей и их исходы (живорождения, мертворождения, спонтанное прерывание беременности, медицинские аборты), возраст матери при рождении всех живых детей, а также случаи смерти детей до начала репродуктивного периода. В соответствии с Хельсинкской декларацией Всемирной

медицинской ассоциации, перед началом заполнения анкеты все участницы были ознакомлены с целями исследования и выразили свое информированное добровольное согласие непосредственно в бланке анкеты. Процедура анкетирования полностью исключала сбор персональных данных.

Формирование базы данных и статистическая обработка генетически значимых демографических параметров проводилась стандартными биометрическими методами с использованием пакета программ STATISTICA [9]. Уровень различий между временными срезами по количественным признакам оценивался с использованием критерия Стьюдента (t_d), для сравнения долей использован z-критерий, аналогичный критерию Стьюдента. Расчеты специфических показателей (эффективная численность, индекс Кроу) выполнялись с использованием программы Microsoft Excel.

Результаты исследования и их обсуждение

За исследуемый временной период национальный состав и общая численность населения исследованных территорий претерпевает определенные изменения (табл. 1). Приведенные в таблице данные отражают заметные колебания общей численности и трансформацию национального состава в пользу одной этнической группы. В период с 1950-х по 1980-е гг. наблюдается рост общей численности населения (на 11 %), однако, уже через поколение происходит резкий спад численности на 17 %. В структуре национального состава во всех временных периодах превалируют представители следующих народов: татары, русские и казахи, включенные в группу «прочие».

Исследование временной динамики (1950-е, 1980-е, 2010-е гг.) национального состава в сельских населенных пунктах компактного проживания сибирских татар барабинской группы выявило тенденцию к росту их моноэтничности, доля татарского населения за исследованный период выросла с 63 до 78 %. Численность русских стабильно сокращается, и в последнем временном периоде доля представителей этого этноса составила всего 16 % от всего населения. Численность группы «прочие» оставалась стабильной с 1950-х до 1980-х гг., а через поколение сократилась почти на треть (с 267 до 186 чел.). Таким образом, в целом популяция сибирских барабинских татар за три поколения прошла путь от умеренного многонационального состава к выраженному моноэтничному большинству.

На этом фоне была исследована половозрастная и брачная структура популяции барабинских татар в трех поколениях. Для изучения особенностей половозрастной структуры все татарское население было разделено на три возрастных класса: дорепродуктивный (0–17 лет), репродуктивный (18–45 лет для женщин и 18–55 лет для мужчин) и пострепродуктивный (старше 45 и 55 лет для женщин и мужчин соответственно). Анализ динамики соотношения репродуктивных классов (табл. 2) показал, что у барабинских татар в исследуемом временном интервале произошла смена типа воспроизводства с простого на суженный. Отчетливо фиксируется статистически достоверное снижение доли дорепродуктивного класса с 41,81 % в 1950-х гг. (95 % доверительный интервал 38,71–44,91%) до 20,34 % в 2010-х гг. (95 % доверительный интервал (16,93–23,75 %) ($z = 8,37$; $p < 0,001$). Это может привести к снижению генетического разнообразия в будущем, так как в процесс воспроизводства будет вступать все меньше новых носителей аллелей. Потеря генетического разнообразия может привести к накоплению вредных мутаций и снижению фертильности индивидов в популяции [10].

Для оценки степени изолированности генофонда исследуемой популяции от притока «чужих» генов и ее динамики рассчитывался индекс этнической эндогамии (Ie), как доля однонациональных татарских браков в общей брачной структуре.

Таблица 1

Динамика численности и национального состава в исследованных районах

Временной период	Общая численность	Татары	Русские	Прочие
1950-е гг.	3681	2328/0,63	1086	267
1980-е гг.	4088	3155/0,77	670	263
2010-е гг.	3388	2639/0,78	563	186

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования. Через дробь указана доля татар в общей структуре населения.

Таблиа 2

Динамика распределения по репродуктивным классам
в популяции барабинских татар, %

Репродуктивный класс	Пол	Временной период		
		1950-е	1980-е	2010-е
Дорепродуктивный	мужской	47,37	38,55	20,80
	женский	37,54	34,80	19,86
	∑	41,81	36,63	20,34
Репродуктивный	мужской	42,22	51,91	60,55
	женский	41,95	36,05	41,82
	∑	42,06	43,81	51,39
Пострепродуктивный	мужской	10,41	9,54	18,65
	женский	20,52	29,15	38,32
	∑	16,13	19,56	28,27

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования.
∑ – суммарно для обоих полов.

Таблица 3

Генетико-демографические параметры в популяции барабинских татар

Параметр	Временной период		
	1950-е гг.	1980-е гг.	2010-е гг.
Репродуктивная численность (Nr)	978	1380	1354
Эффективная численность (Ne)	962	1345	1298
Соотношение полов (СП)	0,77	1,34	1,51
Индекс эндогамии (Ie), %	96,5	94,6	94,0
Среднее число детей в семье	2,29	2,56	1,70
Дисперсия (v) среднего числа детей	1,94	3,19	0,77
Индекс плодовитости (If)	–	0,49	0,27
Индекс смертности (Im)	–	0,11	0,02
Общий индекс Кроу (Itot)	–	0,65	0,29

Примечание: составлена авторами на основе полученных данных в ходе исследования. СП указано для репродуктивной части популяции.

Несмотря на относительную стабильность этого показателя (статистически достоверных различий между поколениями не зафиксировано, $z = 1,31$; $p > 0,05$), наметилась тенденция к постепенному, но неуклонному снижению эндогамии (табл. 3). Важно отметить, что даже в последнем исследованном временном интервале уровень эндогамии остается очень высоким (выше 90 %). Тем не менее даже небольшое увеличение доли смешанных браков (почти вдвое в относительном выражении за три поколения), при сохранении этой тенденции, может свидетельствовать о начале процесса «размывания» генетической изоляции. Однако небиологические факторы (социальные, культурные и географические), очевидно, препятствуют быстрой трансформации уникального генофонда барабинских татар и создают предпосылки для его сохранения.

В микроэволюции популяций человека соотношение полов напрямую определяет интенсивность отбора и скорость изменения генных частот. Наиболее важно соотношение полов именно в репродуктивной части популяции. У барабинских татар в первый исследуемый период соотношение полов близко к оптимальному (1:1) (табл. 3). Однако уже в следующем поколении наблюдается значительный сдвиг, определяемый увеличением доли мужского населения, что свидетельствует, вероятно, о более высокой миграционной активности татарских женщин репродуктивного возраста. В поколении 2010-х гг. исследуемая популяция оказывается в сложном положении: с одной

стороны, доля молодых возрастов (дорепродуктивный класс), как было показано выше, снизилась вдвое (с 41 до 20 %), а с другой – репродуктивная часть стала менее эффективной из-за усиливающегося дисбаланса полов. Если такая тенденция будет сохраняться, то даже при большой численности репродуктивной части популяция будет терять генетическое разнообразие, что в будущем может привести к инбредной депрессии. Для расчета эффективной численности (Ne) использовалась формула, предложенная Сьюэлом Райтом [11], которая учитывает, что генетический вклад в следующее поколение ограничен тем полом, который представлен в меньшинстве. В период 1950-х гг. фиксируется незначительное снижение Ne (около 1,6 %) относительно реальной численности репродуктивной группы (табл. 3), что обусловлено небольшим дисбалансом полов в этом временном интервале. Через поколение (1980-е гг.), несмотря на рост численности населения в репродуктивном возрасте, дисбаланс полов выражен сильнее и «потеря» эффективной численности составила около 2,5 %. В следующем поколении (2010-е гг.) дисбаланс полов еще более заметен (разница составила 276 чел.), что приводит к дальнейшему увеличению разрыва между реальной и эффективной численностью (около 4 %). Увеличение доли мужчин в репродуктивной группе населения за три поколения носит статистически достоверный характер ($z = 6,04$; $p < 0,001$).

Исследование брачной эндогамии и эффективной численности в популяции барабинских татар выявило негативную для генетического разнообразия динамику: сокращение эффективного размера популяции (с 1345 до 1298) при стабильно высоком уровне эндогамии (94 %). Это означает, что в исследуемой популяции усиливаются эффекты дрейфа генов, случайные процессы начинают играть все большую роль в формировании генофонда следующих поколений. Однако 6 % смешанных браков, зафиксированных в последнем временном интервале (2010-е гг.), могут частично компенсировать снижение Ne и снизить риск инбредной депрессии. Этническая структура популяции барабинских татар демонстрирует на протяжении трех поколений стабильность: варьирование Ne (увеличение в 1950-х гг. и снижение в 2010-х гг.) не изменило брачную ассортативность. Это означает, что популяция сохраняет генетическую идентичность даже в условиях демографических колебаний. Низкий уровень смешанных браков фиксируется исследователями и в других коренных популяциях [12].

Оценка естественного отбора в популяции барабинских татар проводилась с использованием индекса Кроу (Itot), который объединяет дифференциальную смертность и дифференциальную плодовитость в единую меру давления отбора. В силу отсутствия данных по детской смертности в исследуемой популяции в 1950-х гг. анализ осуществлялся только в двух поколениях: 1980-е и 2010-е гг. (табл. 3).

При сравнительном анализе репродуктивных показателей установлено, что среднее число детей в семьях поколения 1980-е гг. достоверно выше аналогичного показателя в семьях поколения 2010-х гг. ($t_d = 2,94$; $p < 0,01$). В первом из двух изученных поколений (1980-е гг.) наблюдается максимальное значение как среднего числа детей, так и дисперсии (3,19), что свидетельствует о наличии выраженного репродуктивного неравенства: одни семьи были многодетные, другие – малодетные. В сочетании с высокой смертностью это создавало условия для действия естественного отбора. Через поколение, к 2010-м гг., регистрируется резкое снижение дисперсии (с 3,19 до 0,77), свидетельствующее о нивелировании различий семей по числу детей: большинство семей в этот период имеют по 1–2 ребенка. При низком значении величины дисперсии числа детей размываются различия в приспособленности между генотипами и сужается поле деятельности естественного отбора. В современных популяциях человека под влиянием социально-экономических факторов, культурных установок и с развитием медицины меняется и его вектор [13, 14].

О значительном снижении роли естественного отбора свидетельствует и уменьшение за поколение индекса тотального отбора Кроу более чем вдвое (с 0,65 до 0,29). Такая динамика данного показателя является следствием резкого падения величины компоненты индекса, связанной с дифференциальной смертностью (Im снизился за поколение с 0,11 до 0,02) и ростом значимости компоненты, связанной с дифференциальной плодовитостью. Минимальное давление отбора и снижение генетического разнообразия может привести к накоплению локального генетического груза и, как следствие, к росту моногенной и многофакторной патологии в популяции [15].

Заключение

Проведенное исследование временной динамики генетически значимых демографических параметров показало, что в популяции барабинских сибирских татар произошла смена ведущих факторов микроэво-

люции. На современном этапе доминирующая роль в формировании генетической структуры изученной популяции перешла от естественного отбора к стохастическим процессам – дрейфу генов. Сочетание высокой этнической эндогамии с низкой эффективной численностью и минимальным давлением отбора создает условия для накопления генетического груза. Однако наметившееся увеличение доли смешанных браков свидетельствует о постепенном усилении фактора потока генов, который начинает противодействовать дрейфу.

Ограничения исследования. В статье анализируется динамика генетико-демографических показателей, определяющих предпосылки к трансформации генетической структуры популяции, а не прямые изменения ее генофонда.

Список литературы

1. Козлов А. И. Формирование адаптивных типов как микроэволюционный процесс // Вестник Московского университета. Серия 23: Антропология. 2021. № 3. С. 72–82. DOI: 10.32521/2074-8132.2021.3.072-082.

2. Гольцова Т. В., Осипова Л. П. Генетико-демографическая структура популяций коренных народов Сибири в связи с проблемами микроэволюции // Вестник ВОГиС. 2006. Т. 10. № 1. С. 126–154. URL: https://vavilovj-icg.ru/2006-year/10-1/ (дата обращения: 15.05.2026).

3. Лавряшина М. Б., Ульянова М. В., Балановская Е. В. Коренные народы Южной Сибири: Воспроизводство и динамика популяционных генофондов. Новосибирск: Наука, 2016. 312 с. ISBN 978-5-02-038723-2.

4. Квашнин Ю. Н., Бакиева Г. Т. Проблемы этнического самоопределения сибирских татар и его фиксация в переписях населения // Социокультурные, этнические, языковые и миграционные процессы в условиях новых геополитических вызовов: материалы Всероссийской научно-практической конференции (Уфа, 2023 г.). Уфа: ООО «Инеш», 2023. С. 127–136. eLIBRARY ID: 60780604. EDN: OBRIY.

5. Валеев Ф. Т. А. Сибирские татары // Российская тюркология. 2022. № 1–2 (34–35). С. 122–131. DOI: 10.37892/2712-8121-2022-34-35.

6. Тычинских З. А. Некоторые аспекты ранних тюркоугорских взаимодействий в Западной Сибири // Концепт. 2022. URL: http://e-koncept.ru/2022/0.htm (дата обращения: 15.05.2026). DOI: 10.52376/978-5-907623-68-2_103.

7. Селезнев А. Г. Барабинские татары: истоки этноса и культуры. Новосибирск: ВО «Наука», 1994. 176 с. ISBN 5-02-030740-8.

8. Лавряшина М. Б., Ульянова М. В., Поддубиков В. В., Тычинских З. А., Имекина Д. О. Этнодемография и пространственный контекст: особенности воспроизводства популяций этнического ядра и периферии (на примере сибирских татар) // Известия Субтропического научного центра Российской академии наук. Сочи: ФИЦ СНЦ РАН, 2024. Т. 4. № 1. С. 81–94. DOI: 10.31360/2949-4591-2024-4-1-81-94. EDN: GOBVOI.

9. Боровиков В. П. Популярное введение в современный анализ данных и машинное обучение на STATISTICA. М.: Горячая линия – Телеком, 2024. 354 с. ISBN 978-5-9912-0738-6.

10. Сереброва В. Н., Трифонова Е. А., Степанов В. А. Роль естественного отбора в формировании генетической компоненты преэклампсии // Молекулярная биология. 2021. Т. 55. № 3. С. 441–459. DOI: 10.31857/S0026898421030162.

11. Алтухов Ю. П. Генетические процессы в популяциях / Отв. ред. Л. А. Животовский. М.: ИКЦ «Академкнига», 2003. 431 с. ISBN 5-94628-083-X.

12. Ельчинова Г. И., Зинченко Р. А. Гендерная дифференциация межэтнических браков населения Северного Кавказа // Медицинская генетика. 2023. Т. 22. № 2. С. 48–51. DOI: 10.25557/2073-7998.2023.02.48-51.

13. Костенко Н. К., Смирнова С. Н., Лященко О. И., Жукова А. А. Последние исследования в области изучения естественного отбора и эволюции в человеческих популяциях // Научно-методический электронный журнал «Концепт». 2017. Т. 42. С. 72–77. URL: http://e-koncept.ru/2017/771379.htm (дата обращения: 15.05.2026).

14. Gao Z. Unveiling recent and ongoing adaptive selection in human populations // PLoS Biol. 2024. Vol. 22. Is. 1. P. e3002469. DOI: 10.1371/journal.pbio.3002469.

15. Степанов В. А. Эволюция генетического разнообразия и болезни человека // Генетика. 2016. Т. 52. № 7. С. 852–864. DOI: 10.7868/S0016675816070109.

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest.

Финансирование: Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования.

Financing: The research was performed without external funding.

УДК 639.3

CC BY 4.0

СВЯЗЬ УПИТАННОСТИ, ЗРЕЛОСТИ ГОНАД И МАССЫ ТЕЛА С РЕПРОДУКТИВНЫМИ ПОКАЗАТЕЛЯМИ САМОК БЕЛОГО АМУРА ПРИ ГОРМОНАЛЬНОЙ СТИМУЛЯЦИИ

Худайберганова Х. Б. ORCID ID 0009-0000-3135-1741

Ташкентский государственный аграрный университет,
Ташкент, Республика Узбекистан, e-mail: anvarotajonov95@gmail.com

Цель исследования – оценить связь упитанности, стадии зрелости гонад и массы тела с репродуктивными показателями самок белого амура (*Ctenopharyngodon idella*) после гормональной стимуляции. Использованы индивидуальные результаты 42 самок из одного хозяйства Ташкентской области за 2023–2025 гг. и оценочная выборка 540 рыб из трех хозяйств. Стимуляцию проводили ацетонированным гипофизом карпа в дозах 0,4 и 4,0 мг/кг. Среднее число полученных икринок и рабочая плодовитость составили 504,6 ± 36,1 и 440,9 ± 42,7 тыс.; оплодотворение – 84,11 ± 3,84 %, выклев – 78,56 ± 3,13 %, выживаемость до внешнего питания – 73,37 ± 5,05 %. Статистически значимой линейной связи числа полученных икринок с массой тела не обнаружено ($r = −0,13$; $p = 0,427$). Нисходящая связь относительной плодовитости с массой ($r = −0,90$) частично обусловлена включением массы в знаменатель показателя. В многофакторной модели увеличение коэффициента Фултона на 0,1 соответствовало повышению выживаемости на 0,71 п. п. ($p < 0,05$). Различия самок на IV и V стадиях по числу икринок и оплодотворению не достигали статистической значимости. Из 540 рыб критериям отбора соответствовали 279. Рассчитаны исследовательские нижние ориентиры массы и упитанности по возрасту и полу. Нерандомизированный отбор, наличие контрольных самок только в 2025 г. и отсутствие внешней проверки ограничивают причинные и прогностические выводы. Полученные ориентиры требуют независимой валидации до применения как обязательных производственных порогов.

Ключевые слова: белый амур, гормональная стимуляция, маточное стадо, плодовитость, коэффициент Фултона, зрелость гонад, выживаемость личинок

ASSOCIATIONS OF CONDITION FACTOR, GONADAL MATURITY AND BODY MASS WITH REPRODUCTIVE PERFORMANCE OF HORMONALLY INDUCED GRASS CARP FEMALES

Khudayberganova Kh. B. ORCID ID 0009-0000-3135-1741

Tashkent State Agrarian University, Tashkent, Republic of Uzbekistan,
e-mail: anvarotajonov95@gmail.com

This study assessed associations of condition factor, gonadal maturity and body mass with reproductive performance of grass carp (*Ctenopharyngodon idella*) females after hormonal induction. Individual records from 42 females at one farm in the Tashkent region during 2023–2025 and an assessment sample of 540 fish from three farms were used. Acetone-dried carp pituitary was administered at 0.4 and 4.0 mg/kg. Mean ovulated egg number and working fecundity were 504.6 ± 36.1 and 440.9 ± 42.7 thousand; fertilisation was 84.11 ± 3.84 %, hatching 78.56 ± 3.13 %, and survival to exogenous feeding 73.37 ± 5.05 %. No statistically significant linear association was detected between ovulated egg number and body mass ($r = −0.13$; $p = 0.427$). The negative association between relative fecundity and body mass ($r = −0.90$) is partly attributable to mass being included in the denominator. In a multivariable model, a 0.1 increase in Fulton's condition factor corresponded to a 0.71 percentage point increase in survival ($p < 0.05$). Differences between stage IV and V females in egg number and fertilisation were not statistically significant. Of 540 fish, 279 met the selection criteria. Exploratory lower reference values for mass and condition were calculated by age and sex. Nonrandom selection, controls occurring only in 2025, and lack of external validation limit causal and predictive interpretations. Independent validation is required before these reference values can be applied as mandatory production thresholds.

Keywords: grass carp, hormonal induction, broodstock, fecundity, Fulton condition factor, gonadal maturity, larval survival

Введение

Белый амур (*Ctenopharyngodon idella*) относится к важным объектам пресноводной аквакультуры [1]. В прудовом рыбоводстве получение посадочного материала опирается на управляемое воспроизводство. Результат гормональной стимуляции определяется не только препаратом, но и готовностью производителей и условиями содержания; исследования белого амура показывают изменчивость овуляции, оплодотворения и выклева при различных протоколах [2].

Производственные наблюдения за искусственным воспроизводством китайских карпов подтверждают необходимость раздельного учета последовательных репродуктивных этапов [3]. При оценке зрелости следует учитывать также биологию вида и особенности конкретной популяции. Гистологические исследования белого амура в природных системах выявили неодно-

временное развитие ооцитов и показали, что гонадосоматический индекс (ГСИ) не обеспечивает безошибочную классификацию зрелости [4]. Эти результаты не переносятся автоматически на прудовые хозяйства, но подчеркивают значение прямой оценки гонад.

Размер тела может характеризовать потенциальную продуктивность, однако не является непосредственной мерой качества икры. Формирование желтка и накопление питательных веществ зависят от физиологического состояния производителей [5, 6]. На модельных рыбах показана связь состава белков икры с жизнеспособностью эмбрионов [7]. Поэтому масса и коэффициент упитанности представляют интерес как доступные прижизненные признаки, но их практическая ценность должна проверяться по фактическому выходу потомства.

Связанные групповые результаты исследования белого амура в трех хозяйствах Ташкентской области, включавшего 540 рыб, представлены в предыдущей публикации автора [8]. Настоящая работа сосредоточена на индивидуальных связях массы, упитанности и стадии зрелости с результатами гормональной стимуляции и на ограничениях применения этих признаков при отборе. Сопоставление отобранных и неотобранных рыб используется как характеристика наблюдаемого материала, а не как независимое доказательство причинной эффективности процедуры.

Цель исследования – оценить связи индивидуальных морфобиологических признаков самок белого амура с получением икры, оплодотворением, выклевом и выживаемостью личинок, а также определить границы интерпретации расчетных ориентиров для формирования маточного стада.

Материал и методы исследования

Хозяйства и оценочная выборка

Исследование проводили в 2023–2025 гг. в трех хозяйствах Ташкентской области: KHORROT FISH HOUSE – монокультура, площадь пруда 1,0 га; ZAFAR ASADBEK BALIG‘I – поликультура, 0,2 га; IMKON BALIQ FAYZ – поликультура, 2,0 га. Ежегодно случайным образом отбирали по 10 рыб на сочетание хозяйства, возраста (3, 4 и 5 лет) и пола. Объем оценочной выборки составил 540 рыб, включая 270 самок и 270 самцов. Связанные результаты этой исследовательской программы опубликованы ранее [8].

Измеряли общую длину L, стандартную длину l и массу Q по методическим подходам И. Ф. Правдина [9]. Коэффициент Фултона рассчитывали как $K = 100Q/l^3$, где Q выражена в граммах, а l – в сантиметрах. Зрелость гонад определяли по шестистадийной шкале О. Ф. Сакун и Н. А. Буцкой [10], используя внешние признаки и, у самок, пробу ооцитов, полученную внутриовариальным катетером. Прижизненная оценка зрелости перед стимуляцией соответствует общему подходу к подбору производителей для индуцированного нереста [11]. ГСИ определяли только у вскрытых рыб.

К отобранной группе относили рыб, одновременно соответствовавших следующим признакам: возраст 3–5 лет; отсутствие клинических признаков заболеваний, повреждений и деформаций; масса и K в пределах принятого для возрастно-половой группы диапазона; гонады на IV или V стадии. У самок учитывали однородность и легкое разделение ооцитов в катетерной пробе, у самцов – белые густые молоки без видимых примесей при легком надавливании на брюшко. Рыб, не соответствовавших хотя бы одному условию, относили к неотобранной группе. Расчетные ориентиры M − SD, приведенные ниже, получены из оценочной выборки и рассматриваются отдельно от фактически применявшихся критериев.

Гормональная стимуляция и учет потомства

Репродуктивные записи получены для 42 самок хозяйства IMKON BALIQ FAYZ: 32 отобранных (10 в 2023 г., 11 в 2024 г. и 11 в 2025 г.) и 10 неотобранных, исследованных только в 2025 г. Нерест проводили с 21 мая по 9 июня при температуре 22,8–25,4 °C; средняя температура составляла 23,89 ± 0,68 °C. Следовательно, сравнение статуса отбора частично связано с годом наблюдений.

Ацетонированный гипофиз обыкновенного карпа гомогенизировали в стерильном растворе NaCl концентрацией 0,65 % непосредственно перед применением. Препарат вводили внутримышечно у основания спинного плавника в два приема: предварительная доза 0,4 мг/кг и разрешающая доза 4,0 мг/кг по индивидуальной массе самки. После разрешающей инъекции самок содержали в проточных емкостях, овуляцию проверяли осторожной пальпацией. У неовулировавших самок икру не отцеживали.

Икру собирали в сухие емкости и осеменяли сухим способом молоками одного индивидуально меченного самца для каждой самки. Икру инкубировали в проточных аппаратах; погибшие и пораженные грибами икринки удаляли сифоном. Личинок учитывали через 6–8 суток после нереста. Сведения о числе неовулировавших самок и латентном периоде в исходных материалах от-

сутствуют, поэтому эти записи не позволяют оценить вероятность успешной овуляции для всех стимулированных рыб.

Число полученных овулировавших икринок (в исходной рукописи – «абсолютная плодовитость») оценивали гравиметрически по массе всей порции и числу икринок в навеске. Рабочая плодовитость обозначает число пригодных икринок, фактически использованных для оплодотворения; относительная плодовитость – рабочую плодовитость на килограмм массы самки. Оплодотворение выражали в процентах от использованной икры, выклев и выживаемость до внешнего питания – от числа оплодотворенных икринок. Отдельно учитывали число личинок, достигших внешнего питания, на самку. Число полученных икринок не приравнивали к полной потенциальной плодовитости яичника.

Статистический анализ

В исходном анализе использованы корреляция Пирсона, t-критерий Уэлча и критерий Манна – Уитни как непараметрическая проверка. Многофакторные линейные модели включали статус отбора, стадию зрелости (V относительно IV), K, массу и возраст (n = 42). Расчеты выполнены автором в Python 3 с использованием SciPy [12] и statsmodels [13]. Результаты представлены как M ± SD, коэффициенты регрессии – как β ± SE; уровень значимости принят равным 0,05. Индивидуальные записи и код расчетов в состав представленной рукописи не входят; приведенные коэффициенты и p-значения сохранены без повторной оценки по первичным данным.

Мощность оценивали для двустороннего t-теста при α = 0,05 и мощности 80 % с использованием стандартизованного эффекта d. Такая оценка служит ориентиром для последующего планирования и не заменяет проверку устойчивости многофакторной модели [14]. Нижние ориентиры массы и K рассчитывали как M − SD в каждой возрастно-половой группе. Для переноса этих ориентиров на новые хозяйства необходимы независимая выборка и оценка ошибок классификации.

Результаты исследования и их обсуждение

Репродуктивные показатели после стимуляции

Сводные показатели 42 самок приведены в табл. 1. Коэффициенты вариации оплодотворения, выклева и выживаемости составляли 4,0–6,9 %. Для рабочей и относительной плодовитости и числа личинок на самку вариабельность была выше. Это различие характеризует данный набор результативных нерестов, но не весь исходный контингент стимулированных самок.

Масса тела, стадия зрелости и упитанность

Статистически значимой линейной связи массы с числом полученных икринок не выявлено (r = -0,13; p = 0,427); возрастные средние составляли 509,0 тыс. у трехлетних и 501,4 тыс. у пятилетних самок. Относительная плодовитость отрицательно коррелировала с массой (r = -0,90; p < 0,001). Поскольку масса входит в знаменатель относительной плодовитости, эта связь включает математическую зависимость и сама по себе не доказывает снижение биологического качества крупных самок (табл. 2).

При парном анализе K не был статистически значимо связан с числом икринок, оплодотворением или выживаемостью. Различия между IV и V стадиями по числу икринок и оплодотворению также не достигали уровня 0,05. Эти результаты не доказывают отсутствия связи или эквивалентности стадий.

Таблица 1

Репродуктивные показатели стимулированных самок (n = 42)

Показатель	M ± SD	CV, %
Масса тела, г	3461,7 ± 693,0	20,0
Получено икринок, тыс.	504,6 ± 36,1	7,2
Рабочая плодовитость, тыс.	440,9 ± 42,7	9,7
Относительная плодовитость, тыс./кг	133,0 ± 31,6	23,8
Оплодотворение, %	84,11 ± 3,84	4,6
Выклев, % оплодотворенной икры	78,56 ± 3,13	4,0
Выживаемость до внешнего питания, % оплодотворенной икры	73,37 ± 5,05	6,9
Личинки на внешнем питании, тыс./самку	275,1 ± 50,5	18,4

Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования. M – среднее; SD – стандартное отклонение; CV – коэффициент вариации.

Таблица 2

Парные связи признаков с результатами воспроизводства

Сопоставление	Статистика	p
Масса – число полученных икринок	r = −0,13	0,427
Масса – относительная плодовитость	r = −0,90	< 0,001
K – число полученных икринок	r = −0,01	0,933
K – оплодотворение	r = −0,21	0,179
K – выживаемость до внешнего питания	r = 0,06	0,721
Стадии IV и V – число икринок, тыс.	503,0 и 507,8	0,696
Стадии IV и V – оплодотворение, %	83,96 и 84,41	0,739

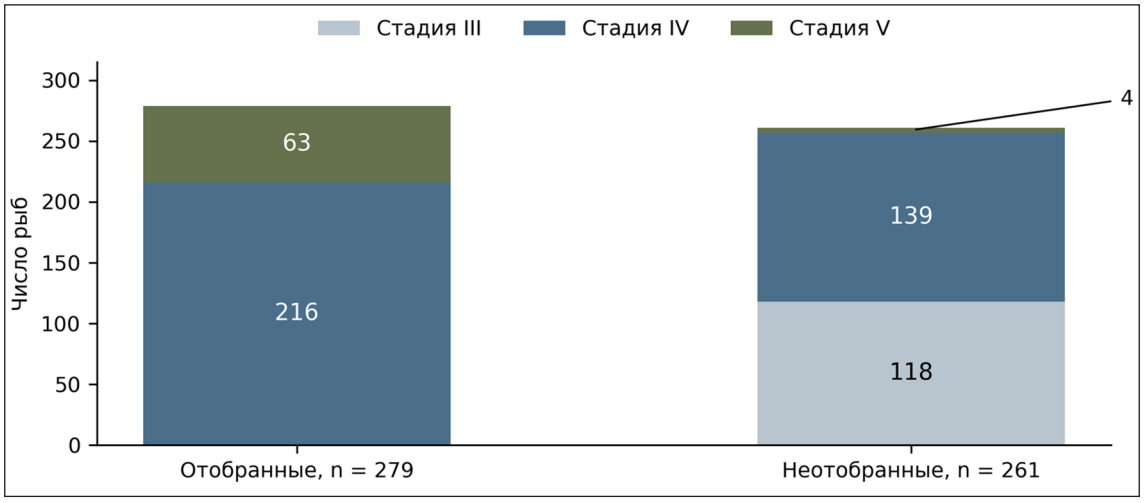
Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования. n = 42; стадия IV – 28 самок, стадия V – 14 самок.

Таблица 3

Многофакторные линейные модели (β ± SE; n = 42)

Предиктор	Икринки, тыс.	Оплодотворение, %	Выклев, %	Выживаемость, %
Отобранные относительно неотобранных	66,33 ± 8,79***	8,19 ± 0,57***	5,73 ± 0,72***	11,19 ± 0,62***
Стадия V относительно IV	10,14 ± 7,90	0,99 ± 0,51	0,63 ± 0,65	-0,27 ± 0,55
K, на 1 единицу	22,42 ± 40,07	-3,58 ± 2,60	-1,31 ± 3,29	7,14 ± 2,81*
Масса, на 100 г	-0,54 ± 2,13	0,20 ± 0,14	-0,21 ± 0,18	0,07 ± 0,15
R^2 модели	0,64	0,87	0,68	0,91

Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования.
* p < 0,05; *** p < 0,001. Возраст включен во все модели; его коэффициенты в исходной сводной таблице не приведены и описаны как незначимые. R^2 относится ко всей модели. Год не включен в перечисленный набор предикторов.



Распределение рыб обоих полов по стадиям зрелости гонад (n = 540)
Примечание: составлен по численностям, приведенным в авторской рукописи; данные самцов и самок объединены

В многофакторных моделях статус отбора имел положительные коэффициенты для всех четырех исходов (табл. 3). Значения R^2 = 0,64–0,91 характеризуют модели в целом; их нельзя приписывать только статусу отбора. Коэффициент для стадии V в модели оплодотворения составил 0,99 п. п. (p = 0,062). Для K положительная условная

связь выявлена только с выживаемостью: β = 7,14 ± 2,81 на единицу K, что соответствует 0,714 п. п. при увеличении K на 0,1. При отсутствии учета года и независимой валидации это является ассоциацией внутри данной выборки, а не установленным причинным или внешне подтвержденным прогностическим эффектом.

Оценочная выборка и критерии отбора

Из 540 рыб критериям соответствовали 279 (51,7 %), к неотобранным отнесена 261 особь. Все 118 рыб с гонадами на III стадии находились в неотобранной группе; из 67 рыб на V стадии отобраны 63 (94,0 %). Среди неотобранных было 139 рыб на IV стадии и 4 самки на V стадии (рисунок). Отсутствие III стадии в отобранной группе следует из самого определения критериев и не является независимой проверкой их точности.

По общей длине, массе и K статистически значимых различий между отобранными и неотобранными рыбами каждого пола не выявлено (табл. 4). У самцов ГСИ был выше в отобранной группе (4,46 против 3,89 %; $p < 0,001$). У самок нескорректированное различие не достигало уровня значимости; в описанной автором модели с учетом хозяйства и возраста разность составляла 0,25 п. п. ($p < 0,001$). Полная таблица этой дополнительной модели в исходной рукописи не представлена.

Расчетные ориентиры и планирование выборки

Нижние ориентиры массы и K вычислены как M − SD по возрастно-половым группам (табл. 5). При нормальном распределении ниже такого значения для отдельного показателя находится около 16 % наблюдений. Этот процент не характеризует суммарное исключение при одновременном применении нескольких критериев. Полученные величины описывают конкретную выборку и не являются проверенными универсальными порогами допуска к воспроизводству.

Таблица 4

Морфобиологические признаки оценочной выборки (M ± SD)

Признак	Пол	Отобранные	Неотобранные	p Уэлча	p Манна – Уитни
L, см	Самки	70,92 ± 6,15	70,28 ± 5,52	0,371	0,329
L, см	Самцы	71,16 ± 5,51	70,61 ± 5,96	0,438	0,309
Q, г	Самки	3268,8 ± 722,9	3155,3 ± 699,4	0,196	0,201
Q, г	Самцы	3269,1 ± 685,4	3227,1 ± 728,3	0,626	0,680
K	Самки	1,43 ± 0,10	1,41 ± 0,09	0,279	0,243
K	Самцы	1,41 ± 0,09	1,43 ± 0,09	0,064	0,065
ГСИ, %	Самки	12,51 ± 1,82	12,21 ± 1,96	0,247	0,084
ГСИ, %	Самцы	4,46 ± 0,80	3,89 ± 0,89	<0,001	<0,001

Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования. Самки: n = 156 и 114; для ГСИ – 122 и 104 соответственно. Самцы: n = 123 и 147. ГСИ определяли только у вскрытых особей. Связанные групповые результаты опубликованы в [8]; значения таблицы сохранены по авторской рукописи.

Таблица 5

Исследовательские нижние ориентиры массы и упитанности

Возраст, лет	Пол	Масса, г	K
3	Самки	2180	1,32
3	Самцы	2210	1,32
4	Самки	2990	1,32
4	Самцы	3020	1,32
5	Самки	3810	1,33
5	Самцы	3870	1,34

Примечание: составлена автором на основе полученных данных в ходе исследования. M − SD; массу округляли вниз до 10 г, K рассчитывали по стандартной длине. Значения требуют независимой валидации.

При группах 32 и 10 самок минимальный эффект, обнаруживаемый двусторонним t-тестом с мощностью 80% при $\alpha = 0{,}05$, соответствует $d \approx 1{,}04$. Для равных групп ориентировочно необходимы 19 самок на группу при $d = 0{,}94$, 26 при $d = 0{,}80$ и 64 при $d = 0{,}50$. Поэтому размер 20–26 самок подходит только для проверки относительно крупных эффектов; для умеренных эффектов и валидации многофакторной модели необходим иной расчет с учетом структуры данных [14].

В исследованной группе не обнаружена значимая линейная связь массы самки с количеством полученных после стимуляции икринок. Это не означает отсутствия зависимости потенциальной плодовитости от размеров тела в целом: здесь учтены овулировавшие икринки, а не все ооциты яичника. Современные данные по репродуктивной биологии белого амура указывают на сложность организации созревания [4]. Сопоставление хозяйств и технологий требует одинакового определения показателя и знаменателей процентов.

Сильная отрицательная корреляция относительной плодовитости с массой должна интерпретироваться с учетом ее формулы. Деление рабочей плодовитости на массу создает зависимость между показателем и одним из его компонентов. Поэтому относительную плодовитость нельзя использовать как самостоятельное доказательство преимущества мелких самок. Для выбора производителей полезно одновременно рассматривать абсолютный выход пригодной икры, ее оплодотворение и число жизнеспособных личинок.

Близкие средние у самок на IV и V стадиях и незначимые p-значения не устанавливают эквивалентности. Для такого вывода необходимы заранее выбранные допустимые границы различий и специальная процедура проверки [15]. Кроме того, стадирование в данной работе не подтверждалось гистологически. Исключение III стадии по правилу отбора логично с технологической точки зрения [11], но само по себе не подтверждает прогностическую точность этого правила.

Положительный коэффициент K в модели выживаемости согласуется с биологической ролью состояния производителей в формировании икры [5, 6]. Однако липидный состав, белки икры и энергетические резервы здесь не измеряли, поэтому механизм не установлен. Данные протеомных исследований на других рыбах [7] дают только физиологический контекст. Различие между слабой парной корреляцией и значимым коэффициентом после учета других признаков может зависеть от структуры выборки и взаимосвязи предикторов.

Особое значение имеет смешение статуса отбора и года: неотобранные самки представлены только в 2025 г. Различия между сезонами могут влиять на инкубационные условия, качество молок и работу персонала. Для проверки устойчивости результата необходимы анализ внутри 2025 г. и модель, учитывающая год, при наличии достаточного числа наблюдений. Высокое R^2 на обучающей выборке не подтверждает качество прогноза в новом хозяйстве.

Сходство размеров отобранных и неотобранных рыб при различии ГСИ показывает, что размерный отбор не исчерпывает оценку репродуктивного состояния. Вместе с тем ГСИ получен при вскрытии и не может непосредственно служить прижизненным критерием для тех же производителей. Практическая процедура должна опираться на оценку живой рыбы и катетерную пробу, а роль стадирования, условий стимуляции и критериев качества икры проверяться совместно [2, 3, 11].

Расчетные значения $M - SD$ следует рассматривать как гипотезы для дальнейшей проверки. Их применение в качестве обязательных производственных нормативов до независимой оценки может исключать пригодных рыб или сохранять непригодных. Будущая валидация должна заранее определить целевой исход, приемлемый размер эффекта, правила работы с неовулировавшими самками и способ учета повторных наблюдений.

Ограничения исследования. Репродуктивный анализ выполнен в одном хозяйстве на 42 самках; распределение по группам не было случайным. Контроль представлен только одним годом. Число неовулировавших рыб и латентный период не зарегистрированы, гонады стадированы без гистологического подтверждения. Не представлены индивидуальная база, диагностические показатели моделей, оценки мультиколлинеарности и внешняя валидация. Связанные групповые данные исследовательской программы опубликованы ранее [8]; дополнительный вклад настоящего анализа ограничен изучением индивидуальных ассоциаций и условий проверки предложенных ориентиров.

Заключение

В анализируемых записях 42 самок белого амура не обнаружена значимая линейная связь массы с числом полученных после гормональной стимуляции икринок. Отрицательная связь относительной плодовитости с массой включает математическую

зависимость, обусловленную способом расчета показателя.

В многофакторной модели K имел положительную условную связь с выживаемостью личинок. Незначимые различия IV и V стадий не доказывают их эквивалентности, а отсутствие учета года ограничивает трактовку коэффициентов статуса отбора.

В оценочной выборке из 540 рыб отбор характеризовал прежде всего репродуктивное состояние, а не размеры тела. Расчетные нижние ориентиры массы и упитанности требуют проверки на независимых хозяйствах и сезонах. Их следует использовать для планирования валидации, а не как уже подтвержденные производственные нормативы.

Список литературы

1. FAO. The State of World Fisheries and Aquaculture 2024. Blue Transformation in action. Rome: FAO, 2024. DOI: 10.4060/cd0683en.

2. Paul S. K., Hasan K. F., Sultana N., Saha D., Sarker S., Sarker B. S. Optimizing hormonal induction and water quality parameters for enhanced reproductive success in grass carp (Ctenopharyngodon idella) // Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences. 2025. Vol. 25. Is. 6. TRJFAS26826. DOI: 10.4194/TRJFAS26826.

3. Szabó T., Urbányi B., Müller T., Szabó R., Horváth L. Assessment of induced breeding of major Chinese carps at a large-scale hatchery in Hungary // Aquaculture Reports. 2019. Vol. 14. 100193. DOI: 10.1016/j.aqrep.2019.100193.

4. Wilson T. M., Acre M. R., Williams F., Calfee R. D., Mayer C. M., Mapes R. L., Kemp C. M., Young R. T., Byrne M. E. Reproductive biology of invasive grass carp (Ctenopharyngodon idella) in two North American systems // Journal of Fish Biology. 2025. Vol. 107. Is. 1. P. 101–115. DOI: 10.1111/jfb.70003.

5. Reading B. J., Andersen L. K., Ryu Y.-W., Mushirobira Y., Todo T., Hiramatsu N. Oogenesis and egg quality in finfish: yolk formation and other factors influencing female fertility // Fishes. 2018. Vol. 3. Is. 4. P. 45. DOI: 10.3390/fishes3040045.

6. Thiruvasagam T., Chidambaram P., Ranjan A., Komuhi N. B. Significance of fatty acids in fish broodstock nutrition // Animal Reproduction Science. 2024. Vol. 268. 107573. DOI: 10.1016/j.anireprosci.2024.107573.

7. Yilmaz O., Patinote A., Nguyen T. V., Com E., Lavigne R., Pineau C., Sullivan C. V., Bobe J. Scrambled eggs: proteomic portraits and novel biomarkers of egg quality in zebrafish (Danio rerio) // PLOS ONE. 2017. Vol. 12. Is. 11. e0188084. DOI: 10.1371/journal.pone.0188084.

8. Xudayberganova X. Oq amur (Ctenopharyngodon idella Valenciennes, 1844) ota-ona to‘dasining reproduktiv-biologik ko‘rsatkichlarini turli xo‘jalik sharoitlarida statistik taqqoslash // Agro ilm. 2026. Jild 131. Is. 8. B. 105–109. DOI: 10.67048/qxju2026ai131iss8m1286. (На узб. яз.).

9. Правдин И. Ф. Руководство по изучению рыб (преимущественно пресноводных). 4-е изд., перераб. и доп. М.: Пищевая промышленность, 1966. 376 с. [Электронный ресурс]. URL: https://search.rsl.ru/ru/record/01006163511 (дата обращения: 05.10.2026).

10. Сакун О. Ф., Буцкая Н. А. Определение стадий зрелости и изучение половых циклов рыб. Мурманск: ПИНРО, 1968. 46 с.

11. Rottmann R. W., Shireman J. V., Chapman F. A. Determining sexual maturity of broodstock for induced spawning of fish. SRAC Publication № 423. 1991. [Электронный ресурс]. URL: https://www.ncrac.org/files/inline-files/SRAC0423.pdf (дата обращения: 05.10.2026).

12. Virtanen P., Gommers R., Oliphant T. E. et al. SciPy 1.0: fundamental algorithms for scientific computing in Python // Nature Methods. 2020. Vol. 17. P. 261–272. DOI: 10.1038/s41592-019-0686-2.

13. Seabold S., Perktold J. Statsmodels: econometric and statistical modeling with Python // Proceedings of the 9th Python in Science Conference. 2010. P. 92–96. DOI: 10.25080/Majora-92bf1922-011.

14. Lakens D. Sample size justification // Collabra: Psychology. 2022. Vol. 8. Is. 1. P. 33267. DOI: 10.1525/collabra.33267.

15. Lakens D. Equivalence tests: a practical primer for t tests, correlations, and meta-analyses // Social Psychological and Personality Science. 2017. Vol. 8. Is. 4. P. 355–362. DOI: 10.1177/1948550617697177.

Конфликт интересов: Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest: The author declares that there is no conflict of interest.

Финансирование: Автор заявляет об отсутствии внешнего финансирования.

Financing: The research was performed without external funding.

НАУЧНЫЙ ОБЗОР

УДК 595.46(575.1)

CC BY 4.0

СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ ИЗУЧЕННОСТИ ФАУНЫ СКОРПИОНОВ (ARACHNIDA: SCORPIONES) УЗБЕКИСТАНА: СИСТЕМАТИКА, РАСПРОСТРАНЕНИЕ И ЭКОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ

Муртозаева Ф. Б. ORCID ID 0009-0004-1362-9139

Навоийский государственный университет, Навои, Республика Узбекистан, e-mail: baxodirovna.2.3.4@gmail.com

Скорпионы относятся к числу наиболее характерных хищных членистоногих аридных экосистем Узбекистана, однако сведения об их фауне долгое время опирались на сборы и каталоги XX века. Цель исследования – обобщить и критически проанализировать современные данные о систематике, распространении и экологических особенностях скорпионов Узбекистана. Работа выполнена в формате научного обзора в соответствии с рекомендациями протокола PRISMA 2020. Поиск публикаций проводился в научных электронных библиотеках eLIBRARY.RU и «КиберЛенинка», в системе Google Scholar, а также в цифровых архивах специализированных зоологических журналов за 2000–2026 годы. Отбирались оригинальные таксономические ревизии, фаунистические сводки и филогеографические исследования, содержащие данные по Средней Азии; в итоговый анализ включено 22 работы по скорпионам. Показано, что за последнее десятилетие представления о составе фауны изменились принципиально: восстановлен род Olivierus, комплекс видов рода Mesobuthus разделен на ряд самостоятельных видов, пересмотрены роды Anomalobuthus, Liobuthus и Orthochirus, а из Узбекистана описаны новые для науки виды. Пересмотр основан на интегративном подходе, сочетающем морфологию с данными митохондриальной ДНК. Выявлены пробелы: отсутствие современного аннотированного списка видов республики, неравномерная изученность горных и оазисных территорий, недостаток экологических и количественных данных. Обоснована необходимость инвентаризации фауны скорпионов Узбекистана на основе современной таксономической системы и молекулярных методов.

Ключевые слова: скорпионы, Buthidae, фауна, систематика, распространение, аридные экосистемы, Узбекистан, Средняя Азия.

CURRENT STATE OF KNOWLEDGE OF THE SCORPION FAUNA (ARACHNIDA: SCORPIONES) OF UZBEKISTAN: SYSTEMATICS, DISTRIBUTION AND ECOLOGICAL FEATURES

Murtozayeva F. B. ORCID ID 0009-0004-1362-9139

Navoi State University, Navoi, Republic of Uzbekistan, e-mail: baxodirovna.2.3.4@gmail.com

Scorpions are among the most characteristic predatory arthropods of the arid ecosystems of Uzbekistan; however, information on their fauna has long relied on twentieth-century collections and catalogues. The aim of the study is to summarize and critically analyse current data on the systematics, distribution and ecological features of the scorpions of Uzbekistan. The work was carried out as a scientific review in accordance with the recommendations of the PRISMA 2020 statement. Publications were searched in the eLIBRARY.RU and CyberLeninka scientific electronic libraries, in Google Scholar, and in the digital archives of specialized zoological journals for 2000–2026. Original taxonomic revisions, faunistic surveys and phylogeographic studies containing data on Central Asia were selected; 22 works on scorpions were included in the final analysis. It is shown that over the last decade the understanding of the faunal composition has changed fundamentally: the genus Olivierus has been restored, the species complex of the genus Mesobuthus has been split into a number of separate species, the genera Anomalobuthus, Liobuthus and Orthochirus have been revised, and species new to science have been described from Uzbekistan. The revision is based on an integrative approach combining morphology with mitochondrial DNA data. Gaps were identified: the absence of a modern annotated species list for the republic, uneven coverage of mountain and oasis territories, and a lack of ecological and quantitative data. The need for an inventory of the scorpion fauna of Uzbekistan based on the modern taxonomic system and molecular methods is substantiated.

Keywords: scorpions, Buthidae, fauna, systematics, distribution, arid ecosystems, Uzbekistan, Central Asia

Введение

Аридные территории занимают большую часть Узбекистана, и их животное население во многом определяется хищными членистоногими, приспособленными к высоким температурам, дефициту влаги и подвижному субстрату. Скорпионы среди них занимают особое место. Это древняя группа паукообразных, которая одновременно служит удобной моделью для зоогеографических реконструкций, участвует в регуляции численности насекомых и других беспозвоночных и имеет медицинское значение из-за ядовитости представителей семейства Buthidae [1; 2].

Долгое время сведения о скорпионах Средней Азии опирались на коллекции, собранные в конце XIX – первой половине XX века, и на сводные каталоги, в которых многие формы рассматривались как подвиды широко распространенных видов [3]. Такой подход давал общую картину, но скрывал реальное разнообразие группы. В последнее десятилетие ситуация изменилась: серия ревизий, выполненных с привлечением молекулярных маркеров, существенно перестроила систему семейства Buthidae в регионе [4-6]. В результате многие сведения, приводимые в региональной литературе, устарели и требуют переосмысления.

Аналогичная проблема характерна и для других групп беспозвоночных Узбекистана. По данным недавних региональных исследований, опубликованные материалы о распространении многих членистоногих остаются фрагментарными, а большинство видов зарегистрировано лишь в отдельных районах страны [7]. Работы по таксономическому составу донных беспозвоночных Центральной Ферганы также показывают, что инвентаризация фауны региона далека от завершения [8]. Для скорпионов этот пробел особенно ощутим, поскольку смена таксономической системы делает некорректным прямое использование старых определений.

Цель исследования – обобщить и критически проанализировать современные данные о систематике, распространении и экологических особенностях скорпионов Узбекистана с учетом таксономических ревизий 2018–2026 годов и определить основные направления дальнейших исследований.

Материалы и методы исследования

Работа выполнена как научный обзор литературы. При планировании поиска, отборе источников и представлении результатов использованы рекомендации протокола PRISMA 2020 (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) [9]. Поиск проводился в научных электронных библиотеках eLIBRARY.RU и «КиберЛенинка», в системе Google Scholar, а также в цифровых архивах журналов, специализирующихся на систематике паукообразных. Глубина поиска составила 2000–2026 годы; в качестве исходной таксономической основы использован мировой каталог скорпионов, изданный в 2000 году [3].

Поисковые запросы формировались на русском и английском языках и включали сочетания терминов «скорпионы», «Scorpiones», «Buthidae», названия родов (*Mesobuthus*, *Olivierus*, *Orthochirus*, *Anomalobuthus*, *Liobuthus*) с географическими терминами «Узбекистан», «Средняя Азия», «Central Asia», «Kyzylkum». Отбор проводился в два этапа: сначала по заглавиям и аннотациям, затем по полным текстам. Критерии включения и исключения приведены в таблице 1.

Из отобранных работ извлекались сведения о составе родов и видов, отмеченных для Узбекистана, о характере таксономических изменений, о применяемых методах и об экологии видов. Принцип опоры на современные каталоги при таксономической идентификации, принятый в региональных фаунистических работах [10], использовался и при интерпретации данных по скорпионам. В итоговый анализ включено 22 работы по скорпионам; еще 5 источников (руководство PRISMA и региональные фаунистические исследования) использованы для методического и регионального контекста. Распределение всех цитируемых источников по периодам публикации показано на рисунке.

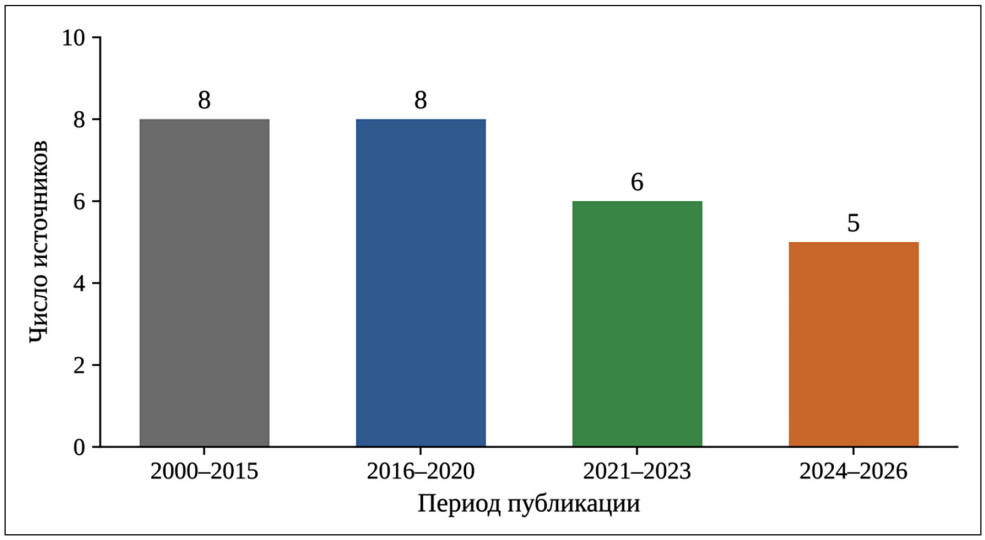
Как видно из рисунка1, около 70% цитируемых работ опубликованы в последние десять лет, что отражает интенсивность современных ревизионных исследований. Работы 2000–2015 годов использованы как исходная таксономическая и биогеографическая основа.

Таблица 1

Критерии отбора источников для анализа

Признак	Критерий включения	Критерий исключения
Тип публикации	Оригинальные таксономические ревизии, фаунистические сводки, филогеографические и молекулярно-генетические исследования	Научно-популярные материалы, учебные пособия, тезисы без проверяемых данных
Территория	Узбекистан или сопредельные районы Средней Азии с указанием находок или ареалов	Работы, не содержащие данных по Средней Азии
Таксономия	Применение современной системы семейства Buthidae или ее обсуждение	Повтор сведений без новых данных
Доступность	Наличие полного текста или достоверного библиографического описания (DOI, EDN, URL)	Источники, наличие которых невозможно проверить

Примечание: составлено автором.



Распределение цитируемых источников по периодам публикации
Примечание: составлено автором по списку литературы данной статьи

Результаты исследования и их обсуждение

Изменения в системе семейства Buthidae

Все роды, рассматриваемые в современных ревизиях применительно к фауне Узбекистана, относятся к семейству Buthidae. Ключевым событием последних лет стал пересмотр родов *Mesobuthus* Vachon, 1950, и *Olivierus* Farzanpay, 1987. Ревизия комплекса «*Mesobuthus caucasicus*» на материале из Средней Азии показала, что *M. caucasicus* в узком смысле ограничен Кавказом, а среднеазиатские популяции принадлежат к ряду самостоятельных видов. Четыре формы повышены до видового ранга, в том числе вид, отмеченный для Таджикистана и Узбекистана, и описаны шесть новых видов [4]. Затем F. Kovařík восстановил род *Olivierus* и перенес в него виды этого комплекса, уточнив диагнозы родов [5]. Молекулярные методы изменили и представления о системе отряда в целом: филогеномные исследования выявили несоответствие ряда традиционных морфологических группировок скорпионов молекулярным данным [11; 12]. Для семейства Buthidae уже первая молекулярная филогения по гену 16S рРНК показала устойчивое объединение родов *Compsobuthus*, *Mesobuthus*, *Liobuthus* и *Kraepelinia*, а также близость родов *Orthochirus* и *Anomalobuthus* [13].

Вторая крупная ревизия касалась собственно рода *Mesobuthus*, прежде всего неформального комплекса «*M. eupeus*», включающего наиболее обычных скорпионов от Турции до Китая. На основе морфологии и маркера COI было описано 14 новых видов, а общее число валидных видов рода достигло 29 [6]. Это означает, что указания на «*M. eupeus*» в региональной литературе прошлых лет фактически относятся к нескольким разным видам и требуют проверки по коллекционным материалам. Неоднородность «*M. eupeus*» отмечалась и ранее: анализ маркера COI у популяций Ирана выявил глубокое расхождение северной и южной клад этого таксона [14].

Последствия этих изменений хорошо видны на примере соседних регионов. Для Восточного Закавказья с учетом новых ревизий фауна скорпионов была пересмотрена и представлена пятью видами из трех родов, при этом *M. caucasicus* перенесен в род *Olivierus*, а для региона отмечены новые виды [15]. В Казахстане на основе фрагментов митохондриальных и ядерных генов показано, что ареалы большинства среднеазиатских видов *Olivierus* перекрываются с ареалами видов *Mesobuthus*; по оценке авторов, род *Olivierus* включает 18 видов, из которых 7 населяют Среднюю Азию [16]. Аналогичной современной сводки для Узбекистана в доступной литературе обнаружить не удалось.

Роды, представленные в фауне Узбекистана

Обобщение данных ревизий позволяет выделить пять родов, для которых в современной литературе приводятся находки на территории республики (табл. 2).

Таблица 2

Роды скорпионов фауны Узбекистана и основные результаты их ревизий

Род	Ключевая ревизия	Основной результат, значимый для Узбекистана	Характер биотопов
Anomalobuthus Kraepelin, 1900	Teruel et al., 2018 [17]	Род включает не менее шести видов; A. krivochatskyi описан из центрального Узбекистана и крайнего юга Казахстана	Пустынные равнины Турана
Liobuthus Birula, 1898	Fet et al., 2026 [18]	Выделено пять видов; L. kessleri подтвержден для юга Узбекистана, L. danovi приводится для Казахстана, севера Туркменистана и Узбекистана	Песчаные пустыни (псаммофилы)
Mesobuthus Vachon, 1950	Kovařík et al., 2022 [6]	Комплекс «M. eupeus» разделен на ряд видов; описано 14 новых видов, всего в роде 29 видов	Широкий спектр аридных биотопов
Olivierus Farzanpay, 1987	Fet et al., 2018 [4]; Kovařík, 2019 [5]; Fet et al., 2021 [19]	Род восстановлен; ряд форм повышен до видового ранга; описаны три новых вида из Казахстана и Узбекистана	Предгорья, долины, песчаные пустыни
Orthochirus Karsch, 1892	Kovařík et al., 2020 [20]	Из Узбекистана описан O. grosseri; O. melanurus приводится для Казахстана и Узбекистана; название O. scrobiculosus ограничено юго-западом Туркменистана	Глинистые и каменистые пустыни

Примечание: составлено автором на основе источников, указанных в столбце «Ключевая ревизия».

Ревизия рода *Anomalobuthus*, долгое время рассматривавшегося как монотипический, показала, что он включает не менее шести видов; один из новых видов описан из центрального Узбекистана [17]. Редкий псаммофильный род *Liobuthus* был пересмотрен совсем недавно: с помощью трех методов разграничения видов по митохондриальной ДНК в нем выделено пять видов, причем подтверждено и своеобразное дополнительное увеличение числа трихоботрий на педипальпах [18]. Особенно показательна ситуация с родом *Orthochirus*: название *O. scrobiculosus*, долгое время применявшееся как «зонтичное» для разных популяций Средней Азии, теперь относится лишь к немногим популяциям юго-запада Туркменистана, а из Узбекистана описан новый вид [20].

Распространение и биогеографические закономерности

Молекулярные данные позволили объяснить, почему разнообразие скорпионов Средней Азии оказалось выше, чем предполагалось. Для песчаных скорпионов пустынь Каракум и Кызылкум выявлены скрытые виды и совместная диверсификация нескольких групп [21]. Филогеографический анализ совместно обитающих дюнных видов показал, что река Амударья давно служит важным биогеографическим рубежом в регионе [22]. В ревизии комплекса *O. caucasicus* обсуждаются два основных сценария формирования разнообразия: фрагментация популяций в горных долинах и расселение по песчаным пустыням [4]. Первые молекулярные филогении рода *Mesobuthus* были получены еще в начале 2000-х годов [23], однако только накопление данных по многим популяциям сделало возможной современную ревизию. Молекулярное датирование показало, что диверсификация мезобутид началась в конце среднего миоцена (около 12,5 млн лет назад) и была связана с поэтапной аридизацией внутренних районов Азии, причем Средняя Азия рассматривается как предковая область для ряда линий [24]. Для пустынного скорпиона *Mesobuthus mongolicus* реконструировано расселение из Средней Азии на восток через Джунгарскую впадину [25].

Для территории Узбекистана из этого следуют два практических вывода. Во-первых, Кызылкум и долина Амударьи должны рассматриваться как самостоятельные зоны с собственными линиями песчаных скорпионов. Во-вторых, горные и предгорные районы востока республики, включая окраины Ферганской долины, могут скрывать слабо изученные изолированные популяции видов *Olivierus*.

Экологические особенности

Скорпионы Узбекистана являются ночными хищниками, проводящими день в укрытиях. Их экологическая специализация во многом совпадает с родовыми границами (табл. 2). Род *Liobuthus* является облигатно псаммофильным и связан с песча-

ными пустынями [18]; виды *Anomalobuthus* населяют пустынные равнины Турана [17]. По литературным данным, виды *Orthochirus* тяготеют к глинистым и каменистым участкам, тогда как *Mesobuthus* и *Olivierus* более эвритопны. Для *O. caucasicus* в Закавказье отмечены использование камней, трещин и построек в качестве укрытий и склонность к синантропизации [15]; сходное поведение можно ожидать и у среднеазиатских видов рода, что важно для оценки контактов с человеком в населенных пунктах. Это имеет и практическое значение: около 95% случаев поражения людей скорпионами связано с представителями семейства Buthidae [2], ежегодное число ужалений в мире превышает 1,2 млн [1], а число видов, признанных медицински значимыми, достигает 104 [26]. При этом ошибки в определении видов снижают достоверность эпидемиологических оценок [2; 26], что дополнительно подчеркивает значение точной таксономии.

Скорпионы как хищники встроены в трофические сети аридных экосистем вместе с другими членистоногими. Региональные исследования подчеркивают, что структура сообществ беспозвоночных Узбекистана определяется комплексом абиотических факторов [7], а сами членистоногие выполняют важные экосистемные функции, в том числе в горных экосистемах [27]. Для скорпионов же количественные данные о плотности популяций, сезонной активности и питании на территории Узбекистана практически отсутствуют, что ограничивает возможность экологической оценки видов.

Выявленные пробелы

Анализ позволяет выделить основные нерешенные задачи. Отсутствует современный аннотированный список скорпионов Узбекистана, составленный по новой системе семейства. Часть находок известна лишь по немногочисленным экземплярам. Слабо изучены горные районы, оазисы и антропогенно преобразованные территории. Почти нет экологических и количественных данных. Наконец, материалы прошлых лет хранятся в разных коллекциях и нуждаются в переопределении с учетом ревизий [4; 6; 20].

Заключение

Проведенный обзор показывает, что за последнее десятилетие представления о фауне скорпионов Узбекистана изменились коренным образом. Восстановлен род *Olivierus*, разделен комплекс видов рода *Mesobuthus*, пересмотрены роды *Anomalobuthus*, *Liobuthus* и *Orthochirus*, а с территории республики описаны новые для науки виды. Основой этих изменений стал интегративный подход, объединяющий морфологию и анализ митохондриальной ДНК.

Вместе с тем изученность фауны остается неполной. Для Узбекистана необходимы составление аннотированного списка видов по современной системе, переопределение коллекционных материалов, целенаправленные сборы в горных и оазисных районах, а также получение количественных экологических данных. Решение этих задач позволит уточнить видовой состав и ареалы скорпионов, оценить их роль в аридных экосистемах и создать основу для мониторинга и охраны редких видов.

Список литературы

1. Chippaux J.-P., Goyffon M. Epidemiology of scorpionism: a global appraisal // Acta Tropica. 2008. Vol. 107. Is. 2. P. 71–79. DOI: 10.1016/j.actatropica.2008.05.021.

2. Lourenço W. R. The evolution and distribution of noxious species of scorpions (Arachnida: Scorpiones) // Journal of Venomous Animals and Toxins including Tropical Diseases. 2018. Vol. 24. Art. 1. P. 1–12. DOI: 10.1186/s40409-017-0138-3.

3. Fet V., Sissom W. D., Lowe G., Braunwalder M. E. Family Buthidae C. L. Koch, 1837 // Catalog of the Scorpions of the World (1758–1998). New York: New York Entomological Society, 2000. P. 54–286.

4. Fet V., Kovařík F., Gantenbein B., Kaiser R.C., Stewart A.K., Graham M.R. Revision of the *Mesobuthus caucasicus* complex from Central Asia, with descriptions of six new species (Scorpiones: Buthidae) // Euscorpius. 2018. № 255. P. 1–77. URL: https://mds.marshall.edu/euscorpius/vol2018/iss255/1 (дата обращения: 15.06.2026). DOI: 10.18590/euscorpius.2018.vol2018.iss255.1.

5. Kovařík F. Taxonomic reassessment of the genera *Lychas*, *Mesobuthus*, and *Olivierus*, with descriptions of four new genera (Scorpiones: Buthidae) // Euscorpius. 2019. № 288. P. 1–27. URL: https://mds.marshall.edu/euscorpius/vol2019/iss288/1 (дата обращения: 17.06.2026). DOI: 10.18590/euscorpius.2019.vol2019.iss288.1.

6. Kovařík F., Fet V., Gantenbein B., Graham M. R., Yağmur E. A., Šťáhlavský F., Poverennyi N. M., Novruzov N. E. A revision of the genus *Mesobuthus* Vachon, 1950, with a description of 14 new species (Scorpiones: Buthidae) // Euscorpius. 2022. № 348. P. 1–189. URL: https://mds.marshall.edu/euscorpius/vol2022/iss348/1 (дата обращения: 20.06.2026).

7. Беглиев С., Ганджаева Л. Влияние химического состава воды на водных полужесткокрылых (Heteroptera) // Научное обозрение. Биологические науки. 2026. № 2. С. 5–13. URL: https://s.science-biology.ru/pdf/2026/2026_2.pdf (дата обращения: 10.06.2026).

8. Рахимов М. Ш., Хомидова З. М. Таксономический состав и значение макрозообентоса, обитающего в Центральной Фергане (Язъяванском водохранилище) // Научное обозрение. Биологические науки. 2026. № 2. С. 38–43. URL: https://s.science-biology.ru/pdf/2026/2026_2.pdf (дата обращения: 15.06.2026).

9. Page M. J., McKenzie J. E., Bossuyt P. M., Boutron I., Hoffmann T. C., Mulrow C. D., et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews // BMJ. 2021. Vol. 372. P. n71. DOI: 10.1136/bmj.n71.

10. Мамурова М. Х., Назаров М. Ш., Мирзахалилов М. М., Мукимов М. А. Фауна и биоэкологические особенности рыб дренажных канав Ферганской долины // Научное обозрение. Биологические науки. 2026. № 2. С. 14–19. URL: https://s.science-biology.ru/pdf/2026/2026_2.pdf (дата обращения: 20.06.2026).

11. Sharma P. P., Fernández R., Esposito L. A., González-Santillán E., Monod L. Phylogenomic resolution of scorpions reveals multilevel discordance with morphological phylogenetic signal // Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences. 2015. Vol. 282. Is. 1804. Art. 20142953. DOI: 10.1098/rspb.2014.2953.

12. Santibáñez-López C. E., Ojanguren-Affilastro A. A., Sharma P. P. Another one bites the dust: taxonomic sampling of a key genus in phylogenomic datasets reveals more non-monophyletic groups in traditional scorpion classification // Invertebrate Systematics. 2020. Vol. 34. Is. 2. P. 133–143. DOI: 10.1071/IS19033.

13. Fet V., Gantenbein B., Gromov A. V., Lowe G., Lourenço W. R. The first molecular phylogeny of Buthidae (Scorpiones) // Euscorpius. 2003. № 4. P. 1–10. URL: https://mds.marshall.edu/euscorpius/vol2003/iss4/1 (дата обращения: 15.06.2026). DOI: 10.18590/euscorpius.2003.vol2003.iss4.1.

14. Mirshamsi O., Sari A., Elahi E., Hosseinie S. Phylogenetic relationships of *Mesobuthus eupeus* (C.L. Koch, 1839) inferred from COI sequences (Scorpiones: Buthidae) // Journal of Natural History. 2010. Vol. 44. Is. 47-48. P. 2851–2872. DOI: 10.1080/00222933.2010.512400.

15. Новрузов Н. Э. Биоразнообразие и распространение скорпионов и сольпуг (Arachnida, Scorpiones, Solifugae) в Восточном Закавказье // Зоологический журнал. 2023. Т. 102. № 6. С. 631–642. URL: https://sciencejournals.ru/view-article/?j=zool&y=2023&v=102&n=6&a=Zool2305009Novruzov (дата обращения: 17.06.2026). DOI: 10.31857/S0044513423050094. EDN: RIUZMT.

16. Поверенный Н. М., Аникин В. В. Филогенетический анализ скорпионов рода *Mesobuthus* (Vachon, 1950), обитающих на территории Казахстана, на основании анализа фрагментов митохондриальных и ядерных генов // Известия Саратовского университета. Новая серия. Серия: Химия. Биология. Экология. 2023. Т. 23. Вып. 3. С. 331–336. DOI: 10.18500/1816-9775-2023-23-3-331-336.

17. Teruel R., Kovařík F., Fet V. Revision of the Central Asian scorpion genus *Anomalobuthus* Kraepelin, 1900, with descriptions of three new species and a generic synonymy (Scorpiones: Buthidae) // Euscorpius. 2018. № 270. P. 1–45. URL: https://mds.marshall.edu/euscorpius/vol2018/iss270/1 (дата обращения: 18.06.2026). DOI: 10.18590/euscorpius.2018.vol2018.iss270.1.

18. Fet V., Kovařík F., Lowe G., Graham M. R. A revision of the psammophilic genus *Liobuthus* Birula, 1898 (Scorpiones: Buthidae), with a description of four new species from Central Asia // Euscorpius. 2026. № 427. P. 1–67. URL: https://mds.marshall.edu/euscorpius/vol2026/iss427/1 (дата обращения: 15.06.2026). DOI: 10.33470/1536-9307.1464.

19. Fet V., Kovařík F., Gantenbein B., Graham M. R. Three new species of *Olivierus* (Scorpiones: Buthidae) from Kazakhstan and Uzbekistan // Zootaxa. 2021. Vol. 5006. Is. 1. P. 54–72. DOI: 10.11646/zootaxa.5006.1.9.

20. Kovařík F., Fet V., Yağmur E. A. Further review of *Orthochirus* Karsch, 1892 (Scorpiones: Buthidae) from Asia: taxonomic position of *O. melanurus*, *O. persa*, *O. scrobiculosus*, and description of six new species // Euscorpius. 2020. № 318. P. 1–73. URL: https://mds.marshall.edu/euscorpius/vol2020/iss318/1 (дата обращения: 20.06.2026).

21. Graham M. R., Myers E. A., Kaiser R. C., Fet V. Cryptic species and co-diversification in sand scorpions from the Karakum and Kyzylkum deserts of Central Asia // Zoologica Scripta. 2019. Vol. 48. Is. 6. P. 801–812. DOI: 10.1111/zsc.12381.

22. Graham M. R., Oláh-Hemmings V., Fet V. Phylogeography of co-distributed dune scorpions identifies the Amu Darya River as a long-standing component of Central Asian biogeography (Scorpiones: Buthidae) // Zoology in the Middle East. 2012. Vol. 55. P. 95–110. DOI: 10.1080/09397140.2012.10648924.

23. Gantenbein B., Fet V., Gromov A. V. The first DNA phylogeny of four species of *Mesobuthus* (Scorpiones: Buthidae) from Eurasia // The Journal of Arachnology. 2003. Vol. 31. P. 412–420. DOI: 10.1636/H01-23.

24. Shi C.-M., Ji Y.-J., Liu L., Wang L., Zhang D.-X. Impact of climate changes from Middle Miocene onwards on evolutionary diversification in Eurasia: insights from the mesobuthid scorpions // Molecular Ecology. 2013. Vol. 22. Is. 6. P. 1700–1716. DOI: 10.1111/mec.12205.

25. Shi C.-M., Zhang X.-S., Liu L., Ji Y.-J., Zhang D.-X. Phylogeography of the desert scorpion illuminates a route out of Central Asia // Current Zoology. 2023. Vol. 69. Is. 4. P. 442–455. DOI: 10.1093/cz/zoac061.

26. Ward M.J., Ellsworth S. A., Nystrom G. S. A global accounting of medically significant scorpions: epidemiology, major toxins, and comparative resources in harmless counterparts // Toxicon. 2018. Vol. 151. P. 137–155. DOI: 10.1016/j.toxicon.2018.07.007.

27. Усанов У. Н., Халимов Ф. З., Умиров Н. У. Влияние насекомых-опылителей на семенную продуктивность видов *Ferula samarkandica* Korovin и *Ferula dshizakensis* Korovin в горных экосистемах // Научное обозрение. Биологические науки. 2026. № 2. С. 44–49. URL: https://s.science-biology.ru/pdf/2026/2026_2.pdf (дата обращения: 15.06.2026).

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest.

Финансирование: Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования.

Financing: The research was performed without external funding.