

Уахит Рабиға Сейтбатталқызы

**8D09101 «Ветеринарлық медицина»
философия докторы (PhD) дәрежесі үшін**

АННОТАЦИЯ

Диссертация тақырыбы бойынша: «Қазақстанның солтүстік және орталық бөлігіндегі қасқыр гельминттерін эпизоотологиялық бақылау және молекулалық-генетикалық талдау»

Астана – 2025 жыл

1. Жұмыстың жалпы сипаттамасы.

Жұмыс Қазақстанның солтүстік және орталық аймақтарында мекендейтін қасқыр гельминттерін ветеринариялық паразитология саласында кешенді эпизоотологиялық және молекулалық-генетикалық зерттеуге арналған.

2. Тақырыптың өзектілігі:

Қасқыр, түлкі және қарсақ сияқты жабайы жыртқыштар адамдар мен жануарларға қауіп төндіретін паразиттердің көптеген түрлерінің табиғи иесі болып табылады [1-3].

Қасқырлар (*Canis lupus*) тұяқты жануарлардың санын сақтау және өлген жануарларды қайта өңдеу сияқты табиғи экожүйелерде маңызды рөл атқарады. [4,5]. Дегенмен, қасқырлар да көптеген паразиттік шабуылдардың табиғи тасымалдаушысы және таратушысы болып табылады [6,7]. Олардың ішінде тениоз, эхинококкоз, токсокароз және трихиноз адам денсаулығына үлкен қауіп төндіреді.

Қазақстандағы гельминтоздардың өзіне тән эпизоотиялық және эпидемиологиялық сипаттамалары бар, олар нақты климаттық және әлеуметтік-экономикалық жағдайларға байланысты. Республиканың бүкіл аумағы гельминттердің әртүрлі түрлерінің жаппай таралуына қолайлы [8].

Осы уақытқа дейін республикада паразитологиялық зерттеулер негізінен морфологиялық әдістерге негізделді, олардың түрлерді анықтаудағы дәлдігі шектеулі және паразиттердің генотипін анықтауға мүмкіндік бермейді. Бұл эпизоотологиялық мониторинг пен гельминтоздардың алдын алудың тиімді стратегиясын әзірлеуді қиындатады.

Қазіргі уақытта жабайы жыртқыштардың паразиттік фаунасын зерттеу туралы тек оқшау есептер бар. Қолда бар әдеби деректерге қарағанда Қазақстанда кездесетін паразиттер *Trichocephalida*, *Taeniidae*, *Cyclophyllidae*, *Toxocarida*, *Opistharchidae* тұқымдасына жатады. Бұл деректер молекулярлық биотехнологиялық әдістермен салыстырғанда бірқатар кемшіліктері мен шектеулері бар морфологиялық сипаттамалар негізінде алынды [9, 10]. Молекулярлық-генетикалық және биоинформатикалық тәсілдерді қолдану паразиттердің таксономиялық тиістілігін дәл анықтауға ғана емес, сонымен қатар түр ішілік генетикалық өзгергіштікті анықтауға мүмкіндік береді.

Жануарлардың табиғи мекендеу ортасындағы гельминттердің инвазиясының тұрақты мониторингі және алдын алу экожүйелердегі паразиттердің таралуын бақылауға және ауыл шаруашылығы мен денсаулық сақтау саласына қауіптерді азайтуға мүмкіндік береді. Сондықтан жануарлар мен адамдар үшін қауіпті қасқырлардың гельминтоздарының қоздырғыштарының генетикалық биоәртүрлілігін және эпидемиологиясын зерттеу Қазақстанның қазіргі ветеринария, медицина және экология үшін өзекті болып табылады [11, 12].

Рибосомалық РНК гендерінің және митохондриялық гендердің (*cox1*, *nad1*, *ITS*) секвенирлеуін қоса алғанда, заманауи молекулярлық әдістер патогендердің түрлері мен генотиптерін дәл анықтауға сенімді негіз береді. Бұл озық әдістер бұрын танылмаған генотиптер мен гаплотиптерді анықтауды жеңілдетіп қана қоймайды, сонымен қатар жұғу жолдарын тиімдірек анықтауға және инфекция көздерін анықтауға мүмкіндік береді. Бұл әртүрлі эпидемиологиялық заңдылықтар мен ауруларды басқарудағы қиындықтарға әкелуі мүмкін *Echinococcus* түрлерінің

жоғары географиялық өзгермелілігін ескере отырып, әсіресе маңызды [11].

Жоғарыда айтылғандарға байланысты диссертацияда эпидемиологиялық мониторинг және табиғи экожүйелердегі паразитоздардың алдын алу стратегиясын жасау үшін *C. lupus* гельминттері фаунасын зерттеудің молекулярлық-генетикалық әдістері қолданылады [13, 14].

Түйін сөздер: қасқыр (*Canis lupus*), гельминтоздар, эпизоотологиялық мониторинг, молекулалық-генетикалық талдау, паразиттер, ПТР, секвенирлеу, биоинформатика, генотиптеу, зооноздар.

3. Зерттеудің мақсаты мен міндеттері

Жұмыстың мақсаты – солтүстік және орталық Қазақстандағы қасқырлардағы гельминтоздардың эпизоотологиялық мониторингі және молекулярлық диагностикасы.

Осы мақсатқа жету үшін келесі *міндеттер* қойылды:

- морфологиялық белгілеріне қарай қасқыр паразиттерінің түр құрамын және таксономиялық тиесілігін анықтау;
- гельминттердің зақымдану көрсеткіштерін анықтау, қасқырлардағы гельминтоздарға эпизоотологиялық мониторинг жүргізу;
- генотиптеу үшін оқшауланған гельминттердің молекулярлық-генетикалық талдауын жүргізу;
- қасқыр гельминттерінің ДНҚ-сын эталондық аналогтармен салыстырғанда биоинформатикалық талдау, анықталған паразиттердің филогенетикалық ағаштарын құру;
- қасқыр гельминттерін молекулалық идентификациялау бойынша әдістемелік ұсыныстар әзірлеу.

4. Зерттеу объектісі мен пәні

Зерттеу объектісі – Қазақстанның солтүстік және орталық аймақтарында мекендейтін қасқырлар (*Canis lupus*) гельминттері. Зерттеу пәні – анықталған гельминттердің эпизоотологиялық ерекшеліктері, таксономиялық құрылымы және молекулярлық-генетикалық сипаттамалары.

5. Материалдар мен әдістер:

Жұмыс 2019 жылдың қаңтары мен 2024 жылдың сәуірі аралығында жүргізіліп, бес облыстан 81 қасқырдың ішкі ағзалары зерттелді, оның ішінде Павлодардан 3 сынама, Қарағандыдан 48 сынама, Ұлытаудан 9 сынама және Қостанай облыстарынан 21 сынама алынды. Бұл үлгілер қасқырларды табиғи мекендеу ортасынан алып тастаудың реттелетін лимиттерін сақтайтын лицензиясы бар аңшылық объектілерінен алынды.

Жеткізілген материал К.И. Скрыбиннің әдістемесі бойынша толық және/немесе толық емес гельминтологиялық ашып тексеру әдістерімен зерттелді [15, 16]. Зерттеу нәтижесінде гельминттердің коллекциясы құрылып, паразиттердің морфологиялық белгілеріне сәйкес классикалық анықтамалықтар бойынша олардың таксономиялық тиістілігі анықталды [17]. Қосымша ретінде бұлшықет тіндері компрессиялық диагностика және жасанды қорыту әдістерімен зерттелді, сондай-ақ нәжіс үлгілері бойынша гельминттердің бар-жоғына копрологиялық зерттеулер жүргізілді. Алынған деректердің статистикалық өңделуіне негізделі отырып, солтүстік және орталық Қазақстан экожүйелеріндегі қасқырлар

гельминтоздарына кешенді талдау және эпизоотологиялық мониторинг жүргізілді [18].

Анықталған гельминттердің түрлік сәйкестігін молекулалық генотиптеу әдістері арқылы нақтылады. Осы мақсатта гельминт үлгілерінен ДНҚ бөлу әдістері модификацияланып, коммерциялық жиынтықтар мен фенол-хлороформды әдіс қолданылды; әр түрге генетикалық материалды экстракциялауға арналған гомогенизация, температуралық режим, буфер мен реагенттердің көлемі мен концентрациясы сияқты реакция параметрлері оңтайландырылды. Анықталған паразиттердің биологиялық әртүрлілігі *ITS1*, *ITS2*, *cox1*, *18s rRNA* сияқты маркерлі бөліктерге арналған, әр түрге тән арнайы праймерлерді қолдану арқылы зерттелді. Зерттеудің келесі кезеңінде әрбір маркерлі ген үшін ПЦР талдауының параметрлері оңтайландырылды. Кейін алынған ампликондар геннің маркерлік бөлігіне секвенирленіп, түрлік идентификация жүргізілді.

Кейін нуклеотидтік тізбектерге биоинформатикалық талдау жүргізілді. Ол үшін алынған тізбектердің танымал референттік аналогтармен сәйкестігі BLASTn бағдарламасы арқылы анықталды. Бұдан кейін идентификацияланған түрлердің филогенетикалық ағаштары MEGA11 бағдарламалық қамтамасыз етуінде [19] ClustalW арқылы көптік туралау және максималды ықтималдық әдісіне негізделген математикалық модельдеу көмегімен құрылды..

6. Жұмыстың ғылыми жаңалығы:

Солтүстік және орталық Қазақстан жағдайында алғаш рет молекулалық-генетикалық әдістерді қолдана отырып, қасқырлардың гельминтофаунасына кешенді зерттеу жүргізілді. Бұл паразиттердің түрлік тиістілігін, генетикалық әртүрлілігін және филогенетикалық байланыстарын нақтылауға мүмкіндік берді. Зерттеу барысында республика аумағында алғаш рет қасқырлардан *Trichinella nativa* және *Dirofilaria repens* түрлерінің айналымы расталып, олардың нуклеотидтік тізбектері GenBank базасына тіркелді. Сонымен қатар, *Echinococcus granulosus* түрінің бұрын зерттелген экожүйелерде сипатталмаған бес бірегей гаплотипі анықталды. Алынған мәліметтер Қазақстандағы жабайы жыртқыш жануарлардың паразитофаунасының таксономиялық құрылымын едәуір толықтырып, эпизоотологиялық мониторинг пен зоонозды инфекциялардың алдын алуда молекулалық әдістердің маңыздылығын айқын көрсетеді.

7. Қорғауға шығарылатын негізгі тұжырымдар:

1. Қасқырлардан анықталған гельминттердің таксономиялық тиістілігі олардың морфологиялық белгілері негізінде анықталды.

2. Солтүстік және орталық Қазақстан аумағында қасқырлардың гельминттермен зақымдану деңгейі зерттеліп, гельминтоздардың эпизоотологиялық мониторингі жүргізілді.

3. Қасқырларда кездесетін гельминттер молекулалық-генетикалық әдістер арқылы түрлік деңгейде идентификацияланды.

4. Анықталған гельминт түрлерінің ДНҚ-ң биоинформатикалық әдістермен талданылды.

8. Тәжірибелік маңызы

Республиканың солтүстік және орталық аймақтарында қасқырлардағы

гельминтоздардың таралуы мен эпизоотологиялық жағдайы зерттелді. Фенол-хлороформ изоамил және коммерциялық жинақтар (Gene Jet геномдық ДНҚ тазарту жинағы, Biolabmix ДНҚ экстракция жинағы, Monarch ДНҚ тазарту жинағы) арқылы паразиттердің геномдық ДНҚ-сын оқшаулаудың негізгі әдістері әзірленді. Гельминттерді генотиптеу үшін геномның маркер аймақтары үшін түрге және тұқымға спецификалық праймерлер таңдалды..

Әзірленген хаттамалардың негізінде гельминт түрлерін генетикалық сәйкестендіру бойынша әдістемелік ұсыныстар даярланды: *Echinococcus granulosus*, *Taenia hydatigena*, *Mesocystoides spp.*, *Toxascaris leonina*, *Trichinella nativa*, *Alaria alata* и *Dirofilaria repens*.

Алынған нәтижелер солтүстік және орталық Қазақстанның экожүйелеріндегі жабайы қасқыр популяциясының гельминтоздарымен күресу және басқарудың тиімді стратегиясын әзірлеуге негіз болады. Нәтижелер ветеринария, санитарлық эпидемиология, жабайы табиғатты сақтау және халықтың денсаулығы үшін маңызды. Деректерді эхинококкоздың алдын алу және оған қарсы күрес жөніндегі ұлттық бағдарламаларды әзірлеу үшін пайдалануға болады.

9. Негізгі зерттеу нәтижелері, қорытындылар

Қорытынды 1: Қасқыр популяцияларындағы паразиттік жүктемеге жүргізілген таксономиялық талдау мен эпизоотологиялық мониторинг зерттелген экожүйелерде гельминтозбен жалпы залалдану деңгейінің жоғары екенін көрсетті – 72,4%. Зарарлану деңгейі өңірге байланысты едәуір айырмашылық көрсетті. Ең жоғары паразиттік жүктеме далалы және шөлейтті экожүйелерде тіршілік ететін қасқырларда байқалды, бұл табиғи жағдайлардың гельминттердің айналымына қолайлы болуымен түсіндіріледі. Мысалы, орталық Қазақстан аумағында Қарағанды облысында залалдану деңгейі 42%, Ұлытау ауданында – 12,3% құрады. Солтүстік Қазақстан аумағында Қостанай облысында – 21%, ал ең төменгі көрсеткіштер Павлодар облысында тіркелді – 4%, бұл, болжам бойынша, таңдап алынған үлгілер санының аз болуына байланысты. Солтүстік Қазақстан облысында қасқырларды алу лимиттері бекітілмегендіктен, бұл өңір бойынша деректер ұсынылмаған. Алынған нәтижелер жабайы жыртқыштар арасында гельминтоздардың таралуына экологиялық факторлардың әсерін айқын көрсетеді.

Қорытынды 2: Зерттеу нәтижесінде қасқырлардың гельминттер фаунасы үш типке жататын төрт паразиттік класпен ұсынылғаны анықталды: *Platyhelminthes* (жалпақ құрттар), *Nemathelminthes* (жіп тәрізді құрттар), және *Acanthocephala* (ірі қармақтылар). Оларға сәйкес келетін кластары: *Trematoda*, *Cestoda*, *Nematoda* және *Archiacanthocephala*. Анықталған гельминт түрлерінің құрамы келесідей: *Alaria alata* (трематода), *Echinococcus granulosus*, *Taenia hydatigena*, *Mesocystoides spp.* (цестодалар), *Toxascaris leonina*, *Trichinella nativa*, *Dirofilaria repens* (нематодалар) және *Oncicola spp.* (акантоцефалалар). Ең жиі кездесетін паразиттер — цестодалар, олардың экстенсивті инвазия деңгейі 54,3%-ға жетті, ал тениидтер – 50%, орташа инвазия интенсивтілігі 31,1 дана болды. Соның ішінде *Echinococcus granulosus* 4,3% жағдайда анықталып, инвазия интенсивтілігі орта есеппен 20,5 данаға жетті. Бұл көрсеткіштер цестодалардың, әсіресе тениидтердің, қасқырлардағы паразиттік жүктемені қалыптастырудағы жетекші рөлін айқын көрсетеді.

Қорытынды 3: Зерттеу нәтижесінде гельминттік инвазияға ең бейім

қасқырлар жасы 1 жылдан 4 жылға дейінгі дарақтар екені анықталды – олардың залалдану деңгейі 88%-ды құрады. Ал 3 айдан 1 жасқа дейінгі жас қасқырлар әлдеқайда төмен залалдану көрсеткішін көрсетті – бар болғаны 20%. Сонымен қатар, аталықтар (70%) аналықтарға қарағанда (30%) көбірек инвазияланған, бұл олардың үйір ішіндегі үстем әлеуметтік мәртебесімен түсіндіріледі. Зерттеу көрсеткендей, далалы және шөлейтті аймақтарда мекендейтін қасқырлар гельминттермен залалдануға бейім. Атап айтқанда, шөлейтті Қарағанды облысы гельминттік инфекциялардың ең жоғары таралу деңгейіне ие болды. Бұл аталған өңірдегі экологиялық жағдайлардың паразиттердің таралуы мен айналымына ерекше қолайлы екенін дәлелдейді..

Қорытынды 4: Молекулалық-генетикалық талдау *Trichinella* spp. түрлік құрамын нақтылау мақсатында жүргізілді. Бұл зерттеу аясында қасқырлардың 81 бұлшықет тінінің үлгісі талданды, олардың ішінен 17 үлгісі (21%) трихинеллаларға оң нәтиже көрсетті. Түрлік идентификация мультиплекстік ПЦР арқылы ESV, ITS1 және ITS2 гендерінің амплификациясы негізінде [20], сондай-ақ 5s rDNA және ITS1 ген учаскелеріне арналған ПЦР жүргізу арқылы іске асырылды [21], әрі қарай алынған ампликондар секвенирленді. Алынған нуклеотидтік тізбектер негізінде филогенетикалық ағаш салынды, оның нәтижесі бойынша Қазақстан аумағындағы қасқырлар арасында *Trichinella nativa* түрінің циркуляциясы расталды (GenBank рұқсат нөмірлері: OP829905, OP829904).

Қорытынды 5: Қасқырлардың 81 талданған үлгісінің ішінен 8 дарақта (9,6%) *Toxascaris leonina* нематодасына шалдыққан жағдай тіркелді. Анықталған жағдайлар Қостанай (4 дарақ), Ұлытау (2 дарақ) және Қарағанды (2 дарақ) облыстарынан алынған. Бұл зерттеулер молекулалық идентификация нәтижелерімен расталды (GenBank рұқсат нөмірлері: OR647588, OR647594). Рибосомдық ДНҚ-ны NC5/NC2 праймерлерінің көмегімен талдау [22] паразиттің түрлік сәйкестігін сенімді түрде растауға ғана емес, сондай-ақ үш айқын филогенетикалық кладаны анықтауға мүмкіндік берді. Олардың қатарында қасқырлардан бөлінген *T. leonina* дербес клад ретінде ерекшеленеді. Бұл мәліметтер аталған нематоданың өңірдегі жабайы жыртқыштар арасында тұрақты циркуляциясын көрсетіп қана қоймай, үй жануарлары мен адам үшін де әлеуетті қауіп төндіретінін көрсетеді. Айта кетерлік жайт, жыртқыштар арасында кең таралған *Toxocara canis* түрі осы зерттеуде анықталмаған, бұл солтүстік және орталық Қазақстандағы нематодоздардың таралуының аймақтық ерекшеліктерін көрсетуі мүмкін..

Қорытынды 6: Зерттелген қасқырлардың арасында эхинококкозбен инфицирленген төрт дарақ анықталды – Қарағанды және Қостанай облыстарының әрқайсысынан екі сынамадан. Барлығы жеті қоздырғыш үлгісі бөлініп алынды. Эхинококкозбен залалдану деңгейі 4,3%-ды құрады, бұл аталған аймақтарда тұрақты табиғи ошақтардың бар екенін растайды. *Echinococcus granulosus* түрінің генетикалық әртүрлілігін бағалау мақсатында митохондриялық маркерлер – *cox1* және *nad1* [23] қолданылып, олардың параметрлері зерттелген биоматериалдың ерекшеліктеріне бейімделді. Амплификацияланған фрагменттерді секвенирлеу нәтижесінде бес түрлі гаплотип анықталды (GenBank: OM319836, OM319830, OM319844, OM640352, OM640353, OM640354), бұл паразиттің ішкі түрлік жоғары

вариабельділігін көрсетеді. Алынған мәліметтер Қазақстандағы *E. granulosus* популяцияларының генетикалық құрылымын түсіну үшін маңызды және бұл деректер жабайы және үй жануарларындағы эхинококкозды бақылау мен тиімді профилактикалық стратегияларды әзірлеу үшін негіз бола алады. Зерттеу нәтижелері бұл патогеннің негізгі резервуарлық иелері – әсіресе қасқырлар – арасындағы таралуы жөнінде маңызды олқылықтарды толтырады..

Қорытынды 7: Молекулалық-генетикалық әдістерді қолдану арқылы алғаш рет қасқыр жүрегінен *Dirofilaria repens* түрінің бар екені расталды. Бұл дерек Қазақстандағы жабайы жыртқыштар арасында осы паразиттің циркуляциясын дәлелдейтін маңызды көрсеткіш болып табылады. Түрлік идентификация SSU рРНҚ учаскесінің амплификациясына негізделіп, түрспецификалық праймерлердің көмегімен жүргізілді, ал алынған нуклеотидтік тізбек GenBank мәліметтер базасына MT877205 нөмірімен енгізілді.

Сонымен қатар, зерттеу барысында қасқырлардан табылған трематодтардың рибосомалық геніне талдау жүргізіліп, *Alaria alata* түрі анықталды. Оның ДНҚ тізбегі де GenBank базасына енгізілді (қол жеткізу нөмірі: ON358106). Аталған нәтижелер өңірдің жабайы етқоректі жануарларын зақымдайтын гельминттердің түрлік құрамын кеңейтіп, зооноздық қауіп тудыруы мүмкін патогендерді нақты анықтауда молекулалық диагностиканың маңыздылығын айқындайды.

Қорытынды 8: Биоинформатикалық талдау қасқырлардан алынған гельминттердің молекулалық-генетикалық зерттеулері нәтижесінде алынған нуклеотидтік тізбектердің түрлік сәйкестігін және олардың белгілі референттік штаммдармен филогенетикалық байланыстарын растады. Рибосомалық учаскелер негізінде құрылған филогенетикалық ағаштар трихинеллаларға оң нәтиже берген барлық үлгілердің *Trichinella nativa* түрімен біртұтас тұқымды құрайтынын көрсетті, бұл паразиттің Қазақстандағы қасқырлар арасында циркуляциясын растайды. Нематодаларға жүргізілген тізбек талдауы үш айқын филогенетикалық кладаны анықтады, олардың ішінде *Toxascaris leonina* дербес топ ретінде бөлініп шықты. Митохондриялық учаскелердің секвенирленуі *Echinococcus granulosus* түрінің бес бірегей гаплотипін анықтауға мүмкіндік берді, бұл зерттелген экожүйелерде қоздырғыштың жоғары генетикалық әртүрлілігін көрсетеді. Сонымен қатар, *Dirofilaria repens* және *Alaria alata* түрлерінің филогенетикалық сәйкестігі Еуразияның көршілес аймақтарындағы аналогтарымен дәлме-дәл сәйкес келетіні анықталды. Бұл мәліметтер паразиттік аурулардың табиғи ошақтарын эпидемиологиялық мониторингте биоинформатикалық әдістерді пайдаланудың өзектілігін дәлелдейді.

10. Ғылыми-зерттеу жұмыстармен және мемлекеттік бағдарламалармен байланысы

Зерттеу Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитетінің қаржылай қолдауымен 2020–2022 жылдарға арналған AP08052252 жобасы аясында орындалды: «Жабайы етқоректі жануарлар арасында кең таралған паразиттердің түрлік тиістілігін молекулалық биотехнология әдістері арқылы анықтау тәсілін әзірлеу». Жоба жетекшісі – PhD, ассоц. профессор Киян В.С.

11. Алынған нәтижелердің сенімділігі мен негізділігі

Алынған нәтижелердің сенімділігі мен негізділігі гельминттерді морфологиялық идентификациялауды, эпизоотологиялық талдау әдістерін, сондай-ақ ПТР, секвенирлеу және биоинформатикалық талдау сияқты молекулалық-генетикалық тәсілдерді қамтитын заманауи және классикалық зерттеу әдістерінің кешенін қолданумен расталады. Барлық әдістер тәжірибелердің бірнеше рет қайталануы және теріс және оң үлгілерді бақылау арқылы қайталану стандарттарына сәйкес жүргізілді. Паразиттердің түр сәйкестігін растау үшін зерттеу барысында алынған нуклеотидтер тізбегі де енгізілген валидацияланған праймерлер және халықаралық деректер базалары (NCBI GenBank) пайдаланылды. Филогенетикалық ағаштар жалпы қабылданған бағдарламалық қамтамасыз етуді (MEGA11) пайдаланып тұрғызылды, бұл анықталған паразиттердің эталондық штаммдарымен эволюциялық байланыстарын сенімді анықтауға мүмкіндік берді. Сонымен қатар, алынған деректер алдыңғы халықаралық және отандық зерттеулердің нәтижелерімен сәйкес келеді, бұл тұжырымдардың ғылыми негізділігін одан әрі растайды.

Алынған нәтижелер импакт-факторы жоғары журналдардағы жарияланымдармен және Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігінің білім беру сапасын қамтамасыз ету комитеті ұсынған жарияланымдарда, алыс және жақын шетелдерде өткен халықаралық ғылыми конференциялар материалдарында расталды.

12. Негізгі нәтижелер бойынша жарияланымдар туралы ақпарат

1. Uakhit R, Smagulova A, Lider L, Leontyev S and Kiyan V (2024) Epizootiological monitoring of wolf helminths in Northern and Central Kazakhstan, *Veterinary World*, 17(7): 1648–1654. DOI: 10.14202/vetworld.2024.1648-1654.

Процентиль: 82%; Q2

2. Uakhit, R., Mayer-Scholl, A., Shin, C., Smagulova, A., Lider, L., Leontyev, S. & Kiyan, V. (2023) Genetic identification of *Trichinella* species found in wild carnivores from the territory of Kazakhstan. *Front Vet Sci*. 10: 1266561. doi: <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1266561>. **Процентиль: 92%; Q1**

3. Uakhit R, Smagulova A, Lider L, Shevtsov A, Berber AA, Berber AP, Bauer C and Kiyan V (2024) Molecular identification of *Baylisascaris melis* (Gedoelst, 1920) from the Eurasian badger (*Meles meles*) and ascarids from other wild carnivores in Kazakhstan. *Front. Vet. Sci.* 11:1452237. doi: <https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1452237> **Процентиль: 92%; Q1**

4. Uakhit, R., Smagulova, A., Syzdykova, A., Abdrakhmanov, S. & Kiyan, V. (2022) Genetic diversity of *Echinococcus* spp. in wild carnivorous animals in Kazakhstan. *Vet World*. 15(6): 1489-1496. doi: <https://doi.org/10.14202/vetworld.2022.1489-1496>. **Процентиль: 82%; Q1**

5. Uakhit, R.S., Lider, L.A., Smagulova, A.M., Leontyev, S.V., Abdrakhmanov, S.K., & Kiyan, V.S. (2021). First molecular identification of *Dirofilaria repens* found in a wolf heart in Kazakhstan. *Adv. Anim. Vet. Sci.* 9(9): 1342-1346. <https://doi.org/10.17582/journal.aavs/2021/9.9.1342.1346>. **Процентиль: 47%; Q3**

13. Диссертацияның нәтижелерін сынақтан өткізу

1. Уахит Р.С., Жумалин А.Х., Сыздыкова А.С., Смагулова А.М., Мигушин А.А., Леонтьев С.В. Қазақстанның далалық аймағының жабайы жыртқыштардың

гельминт фаунасы. Қазақстан Республикасы Тәуелсіздігінің 30 жылдығына арналған «Сейфуллин оқулары – 17: «Қазіргі ауыл шаруашылығы ғылымы: цифрлық трансформация» атты халықаралық ғылыми-теориялық конференция материалдары.- 2021. – 1-том, 1-бөлім – 316-318-б..

2. Uakhit R.S., Lider L.A., Kan M. Advantages of the staining method for studying the morphological characteristics of cestodes. Сейфуллин оқулары – 18(2): «XXI ғасыр ғылымы – трансформация дәуірі» халықаралық ғылыми-тәжірибелік конференция материалдары 2022. – Т.И., II бөлім.-Б.205-207..

3. Uakhit R.S., Lider L.A., Kiyan V.S. Molecular identification of cryptic cysticercosis: *Taenia krabbei* in Kazakhstan wild carnivores. European Biotechnology Congress, 2021. Special issue. – P. 32 – 35. DOI: <https://doi.org/10.2478/ebtj-2021-0031>.

4. Rabiga Uakhit, Vladimir Kiyan. Molecular genetic methods in species identification of wolf helminth fauna. 3rd International Scientific and Practical Internet Conference “Integration of education, science and business in modern environment: summer debates”.

5. Rabiga Uakhit, Vladimir Kiyan, Lyudmila Lider. Identification of species *taenia* (Cestoda: Taeniidae) isolates from wolf. «Тәжірибе және ғылым мәселелері» II Халықаралық ғылыми-практикалық конференция. Лондон, Ұлыбритания, 2021, б. 195-198.

6. Uakhit R.S., Kiyan V.S., Smagulova A.M. Genetic identification of helminthiasis in wild carnivores. ҚР МНВО «Зоология институты» РМҚ 90 жылдығына арналған «21 ғасырдағы Қазақстандағы зоологиялық зерттеулер: нәтижелері, мәселелері және болашағы» атты халықаралық ғылыми конференция материалдары. Алматы, 2023. – 101-107 б.

7. Rabiga Uakhit, Lyudmila Lider, Sergey Leontyev, and Vladimir Kiyan. Molecular identification of *Echinococcus* spp. in Kazakhstan wolves. Академик Қаныш Сәтбаевтың 125 жылдығына арналған «XXIV Сәтбаев оқулары» халықаралық ғылыми конференция, Павлодар, 2024, - 340-342-б.

8. Уахит Р.С., Киян В.С., Лидер Л.А., Смагулова А.М. Genetic diversity of echinococcosis in the Republic of Kazakhstan // Медициналық микробиология, клиникалық микология және иммунология бойынша VII Бүкілресейлік конгресс баяндамаларының тезистері (XXVI Кашкин оқулары). – V. 25, No 2. – Санкт-Петербург, 2023. – 123 б.

9. Uakhit R.S., Mannapova N.E., Jazina K.T. Preliminary study of echinococcus species distribution in Kazakhstan // «Сейфуллин оқулары – 19» халықаралық ғылыми-тәжірибелік конференциясының материалдары, Астана, 2023. Т. 1, 2 бөлім, б. 88-90.

10. Алынған ғылыми нәтижелер қасқыр гельминттерін молекулалық идентификациялау әдістері бойынша әдістемелік ұсыныстарды әзірлеуде пайдаланылды, әдістемелік ұсыныстар «Ұлттық биотехнология орталығы» жауапкершілігі шектеулі серіктестігінің ғылыми кеңесінің отырысында 2024 жылғы 16 қазандағы № 20 хаттамамен бекітілді. Уахит Р.С., Киян В.С./ «Ұлттық биотехнология орталығы» ЖШС, Қазақстан Республикасы Денсаулық сақтау министрлігі. – Астана, 2024. – 27 с.

14. Докторантың үлесін сипаттау

Докторант зерттеу барысында биологиялық материалды дайындау және зертханалық зерттеу жұмыстарын тікелей өзі орындады, оған гельминтологиялық ашып тексеру және паразиттердің морфологиялық идентификациясы кірді. Сонымен қатар, әртүрлі гельминт түрлерінен ДНҚ бөлудің протоколдары модификацияланып, ПЦР-амплификация мен секвенирлеу үшін оңтайлы жағдайлар таңдап алынды. Докторант паразиттердің геномындағы маркерлі учаскелерге арналған праймерлерді әзірлеу мен реакция қою үдерісіне қатысып, алынған нуклеотидтік тізбектерге биоинформатикалық талдау және филогенетикалық ағаштарды құру жұмыстарын жүргізді.

Зерттеудің барлық кезеңдері – мақсат қоюдан бастап эпизоотологиялық мониторинг жүргізу, нәтижелерді интерпретациялау және ғылыми мақалалар жазуға дейін – ғылыми жетекшінің бақылауымен, докторанттың белсенді жеке қатысуымен орындалды. Бұл оның ветеринариялық паразитология мен молекулалық диагностика саласындағы жоғары ғылыми біліктілігі мен зерттеушілік дербестігін айқын көрсетеді.

Әдебиеттер тізімі:

1. World Population Review. Gray wolf population by country. World Population Review, 2024. Available at: <https://worldpopulationreview.com/country-rankings/gray-wolf-population-by-country> (Accessed November 10, 2024).
2. World Population Review. Red fox population by country. World Population Review, 2024. Available at: <https://worldpopulationreview.com/country-rankings/fox-population-by-country> (Accessed November 10, 2024).
3. Stronen A.V., Molnar B., Ciucci P., Darimont C.T., Grotoli L., Paquet P.C., Sallows T., Smits J.E.G., Bryan H.M. Cross-continental comparison of parasite communities in a wide-ranging carnivore suggests associations with prey diversity and host density. *Ecol. Evol.*, 2021. – Vol. 11(15): p. 10338–10352. <https://doi.org/10.1002/ece3.7837>.
4. Леонтьев С.В. Состояние волка как биологического ресурса в Казахстане. Вестник НГАУ, 2018. – Вып. 1: с. 80–87.
5. Brandell E.E., Jackson M.K., Cross P.C., Piaggio A.J., Taylor D.R., Smith D.W., Boufana B., Stahler D.R., Hudson P.J. Evaluating noninvasive methods for estimating cestode prevalence in a wild carnivore population. *PLoS One*, 2022. – Vol. 17(11): e0277420.
6. Craig H.L., Craig P.S. Helminth parasites of wolves (*Canis lupus*): a species list and an analysis of published prevalence studies in Nearctic and Palaearctic populations. *Journal of Helminthology*, 2005. – Vol. 79(2): p. 95–103. <https://doi.org/10.1079/joh2005282>.
7. Bagrađe G., Kirjusina M., Vismanis K., Ozoliņš J. Helminth parasites of the wolf (*Canis lupus*) from Latvia. *Journal of Helminthology*, 2009. – Vol. 83(1): p. 63–68.
8. Сулейменов М.Ж., Абдыбекова А.М., Тлепов А.А., Туганбаев А., Джусупбекова Н.М. Распространение возбудителей паразитарных зоонозов в Казахстане // Теория и практика борьбы с паразитарными болезнями. – М. – 2014. – Т. 15. – С. 296-298

9. Ahmed M., Singh M.N., Bera A.K., Bandyopadhyay S., Bhattacharya D. Molecular basis for identification of species/isolates of gastrointestinal nematode parasites // *Asian Pacific Journal of Tropical Medicine*. – 2011. – P. 589-593.
10. Bisset, S.A., Knight, J.S., Bouchet, C.L.G., A multiplex PCR-based method to identify strongylid parasite larval recovered from ovine faecal cultures and/or pasture samples // *Veterinary Parasitol.* – 2014. – P. 117-127.
11. Siyatatpanah A., Pagheh A.S., Daryani A., Sarvi S., Hosseini S.A., Norouzi R., Boundenga L., Tabatabaie F., Pereira M.L., Gholami S., Nissapatorn V. Parasitic helminth infections of dogs, wolves, foxes, and golden jackals in Mazandaran province, North of Iran. *Veterinary World*, 2020. – Vol. 13(12): p. 2643–2648.
12. Juránková J., Hulva P., Bolfíková B.Č., Hrazdilová K., Frgelecová L., Daněk O., Modrý D. Identification of tapeworm species in genetically characterised grey wolves recolonising central Europe. *Acta Parasitologica*, 2021. – Vol. 66(3): p. 1063–1067.
13. Xie Y., Li Y., Gu X., Liu Y., Zhou X., Wang L., He R., Peng X., Yang G. Molecular characterization of ascaridoid parasites from captive wild carnivores in China using ribosomal and mitochondrial sequences. *Parasites & Vectors*, 2020. – Vol. 13(1): 382. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04254-4>.
14. Abdybekova A.M., Torgerson P.R. Frequency distributions of helminths of wolves in Kazakhstan. *Veterinary Parasitology*, 2012. – Vol. 184(2–4): p. 348–351. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2011.09.004>.
15. Skrjabin K.I. Method of complete helminthological dissection of vertebrates, including humans. Moscow: State University, 1928. – p. 40–48.
16. О состоянии волков в Казахстане. Ассоциация сохранения биоразнообразия Казахстана (ACBK), 2022. Доступно по ссылке: <https://www.acbk.kz/article/default/view?id=574>. Дата обращения: 14-03-2024.
17. Lider L.A., Leontyev S.V., Akibekov O.S., Ussenbayev A.E., Seytkamzina D.M., Erzhanova N., Uakhit R. Helminth fauna of wild Canidae in Kazakhstan. Materials of the International Scientific and Practical Conference “Intensification of Hunting and Development of National Types of Hunting”, 2019. – Vol. 1: p. 54–57.
18. Uakhit R., Smagulova A., Lider L., Leont’ev S., Berber A., Kiyan V. Species composition of wolf (*Canis lupus*) helminth fauna in Kazakhstan. *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*, 2022. – Issue 1: p. 49–58. <https://doi.org/10.11134/btp.1.2022.6>.
19. Tamura K., Stecher G., Kumar S. MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 2021. – Vol. 38(7): p. 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>.
20. Karadjian G., Heckmann A., Rosa G., Pozio E., Boireau P., Vallée I. Molecular identification of *Trichinella* species by multiplex PCR: new insight for *Trichinella murrelli*. *Parasite*. (2017) 24:52. doi: 10.1051/parasite/2017053
21. Bilśka-Zajęc E., Różycki M., Chmurzyńska E., Antolak E., Próchniak M., Grądziel-Krukowska K, et al. First case of *Trichinella nativa* infection in wild boar in Central Europe – molecular characterization of the parasite. *Parasitol Res.* (2017) 116:1705–11. doi: 10.1007/s00436-017-5446-6
22. Jacobs DE, Zhu X, Gasser RB, Chilton NB. PCR-based methods for identification of potentially zoonotic ascaridoid parasites of the dog, fox and cat. *Acta Trop.* (1997) 68:191–200. doi: 10.1016/s0001-706x(97)00093-4

23. Bowles, J. and McManus, D.P. (1994) Genetic characterization of the Asian *Taenia*, a newly described taeniid cestode of humans. *Am. J. Trop. Med. Hyg.*, 50(1): 33–44.
- Hüttner, M., Nakao, M., Wassermann, T., Siefert, L., Boomker, J.D., Dinkel, A., Sako, Y., Mackenstedt, U., Romig, T. and Ito, A. (2008) Genetic characterization and phylogenetic position of *Echinococcus felidis* (Cestoda: Taeniidae) from the African lion. *Int. J. Parasitol.*, 38(7): 861–868