

А.Д. Орақбаева¹, Қ.Ж. Досыбаев*^{1,2,3,4}, Ш.Р. Адылканова¹
А.Т.Қожахмет^{2,3,4}, М.Ш.Ермекова^{2,3,4}, Қапасұлы Т^{2,3,4}, Амандықова М.Д^{2,3,4}

¹Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті Алматы қаласы, Қазақстан Республикасы, ainura_manat@mail.ru, sholpan.adylkanova@kaznaru.edu.kz,
kairat1987_11@mail.ru

²ҚР ЖБҒМ ҒК «Генетика және физиология институты» РМК, Алматы қ., Қазақстан,
³Әл-Фараби атындағы Қазақ Ұлттық Университеті,

⁴Қазақ мал шаруашылығы және жеміс-өнімдері өндірісі ғылыми зерттеу институты,
Алматы қаласы, Қазақстан Республикасы kairat1987_11@mail.ru, altynaitg@gmail.com,
nurii_90@mail.ru, tilek.kapas@mail.ru, makpal_30.01@mail.ru

ҚЫЛШЫҚ ЖҮНДІ ҚҰЙРЫҚТЫ САРЫАРҚА ҚОЙ ТҰҚЫМЫНДА (ЖАҢААРҚА ТИПІ) ӨНІМДІЛІГІМЕН БАЙЛАНЫСТЫ КАНДИДАТ ГЕНДЕРДІ ТАЛДАУ

Аңдатпа

Сарыарқа қой тұқымы Қазақстанда өсірілетін құйрықты қылшық жүнді қой тұқымдарының бірі, жоғары ет өнімділігімен және өсімталдығымен ерекшеленеді. Қойлардың тірі салмағы мен морфометриялық көрсеткіштері селекциялық жұмыста, әсіресе ет бағытындағы өнімділікті арттыруда маңызды фенотиптік белгілер болып табылады. Бұл зерттеу жұмысы Сарыарқа құйрықты қой тұқымында тірі салмақ және сегіз негізгі дене өлшемдерін (шоқтығының биіктігі, құймышақ биіктігі, кеуде ені, кеуде тереңдігі, тұрқының қиғаш ұзындығы, сербек аралық ені, кеуде орамы, жіліншік орамы) бойынша *SNP* маркерлерімен геномдық ассоциацияны (GWAS) анықтауға бағытталды. Зерттеуге 60 қойдың қан үлгілері алынып, олардан геномдық ДНҚ молекуласы бөлінді және *OvineSNP50 Genotyping BeadChip* арқылы генотиптеу жүргізілді. Анықталған *SNP* маркерлері *BioMart* платформасы арқылы *Ovis aries* (*Oar_v3.1*) геномына сәйкестендірілді. Қорытындысында тірі салмақ пен төрт морфологиялық көрсеткішке байланысты алты кандидат ген анықталды: *IGFBP6*, *ST7*, *SCD5*, *DTNBP1*, *KYNU* және *FTO*. Зерттеу нәтижелері Сарыарқа қой тұқымында ет өнімділігімен байланысты молекулалық маркерлерді анықтауға мүмкіндік беріп, маркерлік селекцияны дамыту үшін нақты ғылыми негіз қалыптастырады. Бұл болашақта қой шаруашылығында мақсатты және тиімді генетикалық іріктеу жұмыстарын жүргізуге жол ашады.

Кілт сөздер: Сарыарқа құйрықты қылшық жүнді қой тұқымы, *SNP*, ет өнімділігі, GWAS, кандидат гендер

Кіріспе

Геномдық селекция қой шаруашылығында өнімділік қасиеттерін жетілдірудің тиімді құралына айналды. Бұл әдіс ДНҚ деңгейінде жануарлардың асыл тұқымдық құндылығын дәл бағалауға мүмкіндік береді, нәтижесінде жоғары генетикалық әлеуетке ие дараларды ерте іріктеп, селекция тиімділігін арттыруға жол ашады [1]. Сарыарқа құйрықты қылшық жүнді қой тұқымы Қазақстанның бірегей генетикалық ресурсы ретінде геномдық зерттеулерге негізделген селекция әдістерін қолдану арқылы өнімділік қасиеттерін жақсартуға зор маңыздылыққа ие. Соңғы жылдары жоғары өткізу қабілеттілігімен жүргізілетін бір нуклеотидті полиморфизмдерді генотиптеу технологияларының дамуы жануарлар селекциясында геном ауқымында ассоциативтік зерттеулерді кеңінен қолдануға жол ашты [2]. GWAS әдісі фенотиптік белгілерге әсер ететін кандидаттық гендерді анықтап, асылдандыру бағдарламаларының тиімділігін арттыруға септігін тигізеді [3].

GWAS әдісі өнімділікке қатысты белгілермен статистикалық байланысы бар SNP-маркерлерді анықтау арқылы қой тұқымдарын геномдық селекцияға қолдануға мүмкіндік береді. Бұл әдістің нәтижелері болашақта мақсатты геномдық өңдеу және тиімді селекциялық стратегиялар құруда маңызды рөл атқарады [4]. Қой шаруашылығында GWAS нәтижелерін сақтау, визуализациялау және талдау қажеттілігіне байланысты әзірленген GWAS-Map платформасы 80-нен астам белгілер бойынша 34 миллионнан аса ассоциативтік деректерді қамтиды [5].

Соңғы жылдары GWAS әдісі арқылы мал өнімділігін жақсартуға бағытталған геномдық зерттеулер белсенді жүргізілуде, осыған байланысты Bolormaa әріптестерімен 10 000-нан астам қой үлгісінде жүргізілген GWAS барысында ет өнімділігіне қатысты 23 локус шеңберіндегі 70-тен астам маңыздылығы жоғары SNP маркерін анықтады [5].

Әртүрлі популяцияларда өнімділікке әсер ететін кандидат гендер маңындағы SNP маркерлерді анықтау көптеген ғалымдардың назарында, Zhang және әріптестері *Illumina* *OvineSnp50 BeadChip* платформасын қолданып, 644 қойда өсім мен ет өнімділігіне байланысты 9 SNP маркерді тапты [6]. Сонымен қатар, Riggio және әріптестері жүргізген зерттеу де дене салмағы, жүн және тері сипаттарымен байланысты SNP маркерлерді сипаттады, бұл қой шаруашылығындағы әртүрлі бағыттарда генетикалық іріктеуді жетілдіруге мүмкіндік береді [7]. Қазақстандағы қой шаруашылығы – елдің агроөнеркәсіп кешенінің жетекші саласы. 2023 жылы қой саны 18 миллионнан асты, бұл Қазақстанды әлемдегі ірі қой өсіруші елдердің қатарына қосады [8].

Қойлардың сыртқы дене өлшем белгілерімен байланысқан SNP маркерлерін анықтау селекция жұмыстарының дәлдігін арттырып отыр, Jiang және әріптестері Ни тұқымды қойларда дене биіктігі, кеуде орамы, дене ұзындығы, құйрық ұзындығы мен ені сияқты белгілерге байланысты SNP маркерлерін анықтап, *KITLG*, *CADM2*, *MCTP1* және *COL4A6* гендерін функционалды кандидат гендер ретінде ұсынды [9]. Abdoli және әріптесі Lori-Bakhtiari тұқымды қойларда репродуктивті және өсу белгілеріне байланысты бірнеше SNP маркерлерді анықтады. Олардың арасында *INHBE*, *INHBC*, *TEX12*, *BCO2* және *WDR70* гендері негізгі кандидаттар ретінде ұсынылды [10].

Қой шаруашылығында GWAS қолданылуы әлі шектеулі болғанымен, SheepQTLdb базасында 800-ден астам QTL тіркелген. Солардың аз бөлігі ғана ет өнімділігімен байланысты. Бұл бағытта нақты GWAS зерттеулер қажет. Соның бірі Al-Mamun және әріптестері (2015) жүргізген зерттеу, онда 1781 австралиялық меринос қойы негізінде BW-пен байланысты SNP маркерлер мен QTL аймақтары сипатталған [11]. Сонымен қатар, қазіргі кезде GWAS әдісін тереңдетілген биоинформатикалық сараптамалармен біріктіру арқылы зерттеу тиімділігін арттыру мүмкіндігі қарастырылуда. Мысалы, Ghasemi және әріптестері ет бағытындағы белгілерге байланысты жоғары ықтималдықты SNP аймақтарын мультифакторлық модельдер арқылы анықтап, өнім сапасына әсер ететін негізгі локустарды нақтылап көрсетті [12].

Ағылшын зерттеушісі Kijas және әріптестерімен бірге 74 түрлі қой тұқымын зерттей отырып, тұқымшылдық генетикалық әртүрлілік пен өнімділік бағыттарының эволюциясын сипаттаған [13]. Andersson және әріптестері жүргізген зерттеулерінде өнімділік пен физиологиялық ерекшеліктерді анықтайтын QTL аймақтарын бірнеше түрде салыстырмалы GWAS жүргізу арқылы анықтап, жануарлар геномындағы ортақ сигналдарды сипаттады [14]. Маркерлік селекцияның ғылыми негіздерін сипаттаған Meuwissen және т.б. зерттеушелер жұмысы геномдық селекцияның тиімділігін дәлелдейтін іргелі зерттеу ретінде кеңінен танылған [15]. Осы ғылыми мәліметтерге сүйене отырып, Сарыарқа қой тұқымының генетикалық әлеуетін толық іске асыру және ет өнімділігіне жауапты кандидат гендерді анықтау мақсатында GWAS зерттеуін жүргізу өзекті болып табылады.

Зерттеу материалы мен әдістемесі

Зерттелген жануарлар және фенотиптік деректерді жинау. Бұл зерттеу үшін Ұлытау облысы, Жаңаарқа ауданы «Жеңіс» асыл тұқымды зауытында өсірілетін 60 бас қылшық жүнді құйрықты сарыарқа қой тұқымы (жаңаарқа типі) таңдалып алынды.

Жануарлардың тірі салмағы (ТС) мен сегіз дене өлшемдерінің көрсеткіші оның ішінде Шоқтық биіктігі (ШБ), Құймышақ биіктігі (ББ), Кеуде ені (КЕ), Кеуде тереңдігі (КТ), Тұрқының қиғаш ұзындығы (ТҚҰ), Сербек аралық ені (САЕ), Кеуде орамы (КО), Жіліншік шеңбері (ЖШ), өлшеуіш таяқпен, сантиметрлік таспамен, циркульмен және электронды таразымен өлшенді. Әрбір көрсеткіштің сипаттамасы [16] 1-кестеде келтірілген.

Кесте 1- Сарыарқа құйрықты қой тұқымының зерттелген физикалық сипаттамалары

№	Физикалық сипаттама	Сипаттамасы
1	Тірі салмақ	Мал бордақылау мен бағу аяқталғаннан кейінгі салмағы
2	Шоқтық биіктігі	Малдың шоқтығының ең биік нүктесінен жерге дейінгі тік қашықтық
3	Құймышақ биіктігі	құйымшақтың ең биігінен жерге дейін
4	Кеуде ені	жауырын тұсындағы кеуденің енділігі
5	Кеуде тереңдігі	шоқтықтың ең биігінен жауырын сыртын жанай төс сүйегінің ең төменгі нүктесіне дейінгі қашықтық
6	Тұрқының қиғаш ұзындығы	жауырын мен тоқпан (қол) жіліктің қосылысы буынының алдыңғы бұдырынан жамбасының шонданаы сүйегінің артқы бұдырына дейін
7	Сербек аралық ені	мықын сүйектерінің алшақтығы
8	Кеуде орамы	жауырын сыртынан орап өлшейді
9	Жіліншік сүйек орамы (шеңбері)	сирақтың ең жіңішке жерінен орап өлшейді

Дене өлшемдерінің кластерінің графигі PCA (Басты компоненттерді талдау) әдісімен талданды. Қан үлгілерін алу ветеринарлармен арнайы 9 мл көлеміндегі ЭДТА-вакуумды пробиркаларға (Лёвен, Бельгия) жүргізілді. Үлгілер салқындатқышпен жабдықталған термокорпадарда «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Молекулалық-генетикалық талдау зертханасына жеткізілді.

ДНҚ бөліп алу және сапасын бақылау. ДНҚ-ны бөлу *Thermo Scientific* компаниясының *GeneJET Genomic DNA Purification Kit* жиынтығы арқылы өндіруші нұсқаулығына сәйкес жүргізілді. Оқшауланған ДНҚ сапасын бағалау *NanoDrop One* спектрофотометрі және *Qubit* флуориметрі (*Thermo Scientific*, АҚШ) көмегімен іске асты. SNP-генотиптеу үшін ДНҚ концентрациясы 50–100 нг/мкл аралығында стандартталды.

SNP генотиптеу. SNP-генотиптеу *Illumina* компаниясының *iScan* жүйесінде *OvineSNP50 Genotyping BeadChip* арқылы (54 241 SNP қамтитын) жүргізілді. Генотиптік деректер тар және red форматтарында сақталып, сапаны бақылау *PLINK* 1.90 бағдарламасы арқылы жүргізілді [17].

GWAS талдауы *PLINK* 1.90 бағдарламасы көмегімен жүргізілді [17], жеке даралар арасындағы генетикалық туыстық және популяция құрылымы ескерілді. Әрбір фенотиптік белгіге байланысты маңыздылығы жоғары SNP белгілері *Ovis aries* геномының (*Oar_v3.1*) негізінде *BioMart* платформасы арқылы анықталды [18]. *Manhattan* диаграммасы *R* (v4.4.1) пакеті арқылы жүзеге асырылды [19].

Нәтижелер. Фенотиптік деректер бойынша сарыарқа қойының 60-бас дарасына (18 айлық) дене өлшемдер мен тірі салмақ бойынша зерттеу жүргізілді. Тірі салмақ 44,2–57,9 кг аралығында ауытқып, орташа мәні $55,9 \pm 0,69$ кг болды.

Морфометриялық көрсеткіштер бойынша шоқтық биіктігі – 71,1 см, құймышақ биіктігі – 71,7 см, кеуде ені – 21,9 см, кеуде тереңдігі – 30,6 см, тұрқының қиғаш ұзындығы – 82,8 см, сербек аралық ені – 22,4 см, кеуде орамы – 94,5 см, ал жіліншік шеңбері – 9,3 см шамасында болды. Бұл көрсеткіштер зерттелген популяцияда морфологиялық белгілердің айтарлықтай өзгергіштігін көрсетті (2-кесте).

Кесте 2- Зерттеуге алынған қойлардың морфометриялық сипаттамалары (n=60)

№	Физикалық сипаттама	Орташа мән ±	Ең төменгі мән	Ең жоғары мән
1	Тірі салмақ (ТС), кг	55,9 ± 0,69	44,2	57,9
2	Шоқтық биіктігі (ШБ), см	71,1 ± 1,4	67,0	73,8
3	Құймышақ биіктігі (ҚБ), см	71,7 ± 1,7	65,0	74,2
4	Кеуде ені (КЕ), см	21,9 ± 1,5	18,0	24,0
5	Кеуде тереңдігі (КТ), см	30,6 ± 1,8	25,0	35,0
6	Тұрқының қиғаш ұзындығы (ТҚҰ), см	82,8 ± 3,7	72,0	90,0
7	Сербек аралық ені (САЕ), см	22,4 ± 2,1	19,0	27,0
8	Кеуде орамы (КО), см	94,5 ± 4,1	86,0	102,0
9	Жіліншік шеңбері (ЖШ), см	9,3 ± 0,8	8,0	11,0

SNP сапасын бақылау нәтижелері. 60 бастан алынған генотиптеу нәтижесінде бастапқыда 51 135 *SNP* маркері алынып, олар сапалық бақылау кезеңдерінен өткізілді. Генотип сапасы мен минорлық аллель жиілігі төмен маркерлер және Харди–Вайнберг тепе-теңдігінен ауытқитын *SNP* алынып тасталды. Нәтижесінде *GWAS* талдауы үшін 32 000-*SNP* қалды.

Зерттеу барысында Сарыарқа қылшық жүнді құйрықты қой тұқымының (жаңаарқа типі) алты негізгі дене өлшемдері белгісі (тірі салмақ, сербек аралық ені, кеуде орамы, жіліншік шеңбері, кеуде ені, және т.б.) бойынша геномдық ассоциациялық талдау (*GWAS*) жүргізілді. Талдауға 60 бас қой және 32 000 сапалы *SNP* маркері алынды. *Manhattan* диаграммасы 26 хромосомада орналасқан *SNP* маркерлердің $-\log_{10}(p)$ мәндері бойынша таралуын көрсетті. Маңыздылық шегі $1,0 \times 10^{-5}$ деңгейінде орнатылды. *SNP* маркерлердің күтілетін және нақты *p*-мәндері арасындағы сәйкестік *Q-Q* диаграммасы арқылы бағаланды.

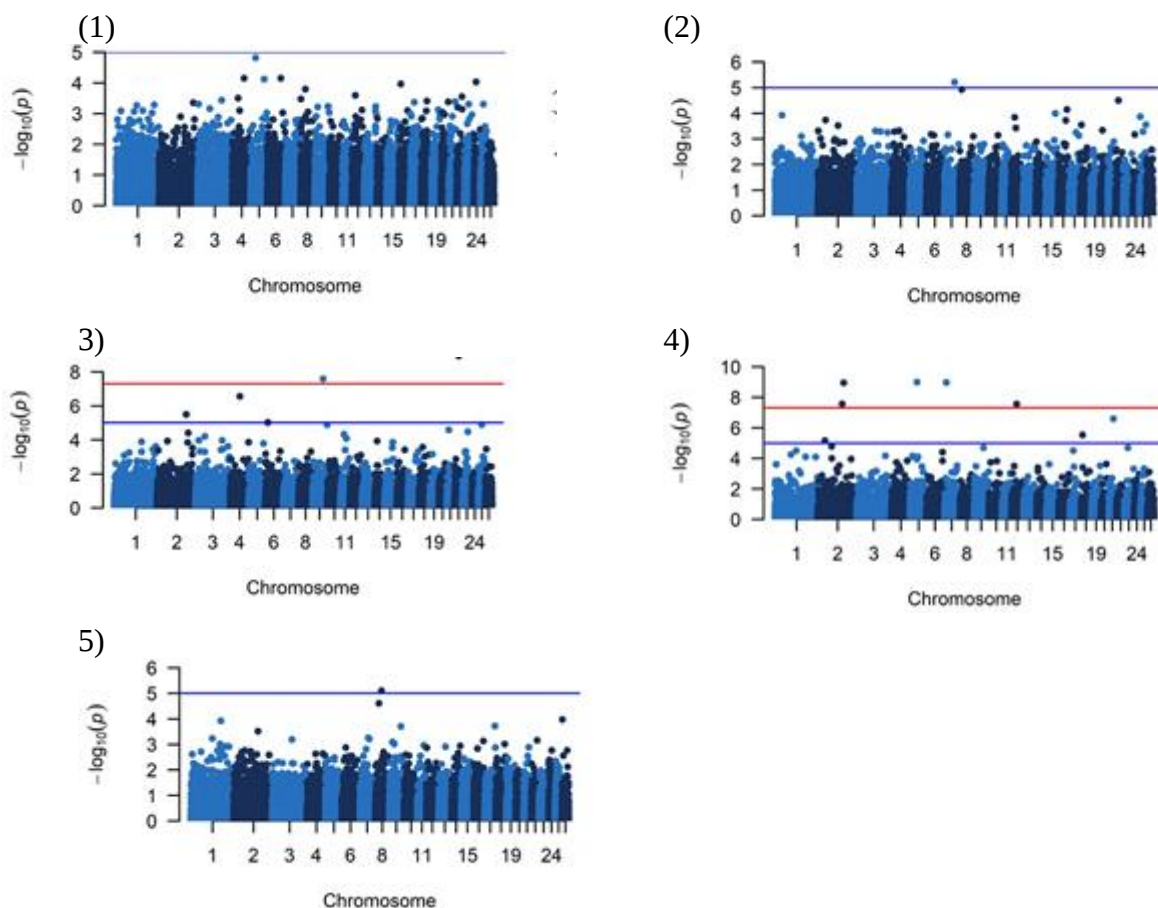
Жалпы инфляция коэффициенті (λ) 0,89–1,20 аралығында болып, зерттеуде популяциялық стратификация әсері шамалы болғанын көрсетті. Нәтижесінде, 6 маңызды *SNP* маркері тірі салмақ және морфологиялық белгілермен ассоциация көрсетті. Бұл маркерлер келесі функционалдық кандидат гендермен байланысты: *IGFBP6*, *ST7*, *SCD5*, *DTNBP1*, *KYNU* және *FTO*. Осы гендердің әрқайсысы қойдың өсу қарқыны, дене құрылымы және майлылық сипаттарына әсер ететінін көрсетті. Олар алдағы уақытта маркерлік селекцияда қолдану үшін маңызды болып саналады.

Тірі салмақ пен негізгі морфометриялық белгілер бойынша *GWAS* нәтижесінде 6 кандидат ген анықталды. Бұл гендер келесі белгілермен ассоциацияланған (кесте 3).

Кесте 3- Зерттеу нәтижесінде анықталған кандидат гендердің сипаттамасы

№	Ген атауы	Байланысты белгі	Функциясы
1	<i>IGFBP6</i>	Тірі салмақ	Инсулин тәрізді өсу факторын реттейді, өсу мен даму қарқынына әсер етеді
2	<i>ST7</i>	Кеуде ені	Жасушалық өсу мен дифференциацияны шектейтін ісік басушы ген
3	<i>SCD5</i>	Сербек аралық ені	Май алмасуына қатысатын стеаройл-КоА десатураза ферментін кодтайды
4	<i>DTNBP1</i>	Сербек аралық ені	Акуыз синтезіне және тіндік құрылымға әсер ететін ген
5	<i>KYNU</i>	Кеуде орамы	Триптофан метаболизмін реттейді, иммундық жауап пен өсуге қатысады
6	<i>FTO</i>	Жіліншік шеңбері	Май тінінің түзілуімен және дене салмағымен байланысты ген

Анықталған *SNP* маркерлері 26 хромосома бойынша таралған және олардың бірқатары нақты функционалдық гендермен байланысты болды. Жалпы, алты фенотиптік белгімен байланысқан маңызды *SNP* маркерлері келесі кандидат гендермен сәйкестендірілді: *IGFBP6* (тірі салмақ), *ST7* (КЕ), *SCD5* және *DTNBP1* (САЕ), *KYNU* (КО), *FTO* (жіліншік шеңбері). Бұл гендер малдың өсуі, май тіндерінің метаболизмі, дене құрылымының қалыптасуы және иммундық жауап сияқты маңызды биологиялық процестермен байланысты екені белгілі.



Ескерту: *SCD5 және DTNBP1 екеуі де бір белгі – Сербек аралық ені (CAE) байланысты, сондықтан екеуі бір диаграммада (3) көрініс табады.*

Сурет 2- Сарыарқа құйрықты қой тұқымының алты морфометриялық белгісі бойынша GWAS нәтижелерін *Manhattan* диаграммалары бойынша сипаттау:

- (1) Тірі салмақ ;(2) Кеуде ені;(3) Сербек аралық ені;
(4) Кеуде орамы; (5) Жіліншік шеңбері. **Көлденең қызыл сызық** геномдық маңыздылық шегі ($p < 1 \times 10^{-5}$). Қызыл сызықтан жоғары орналасқан SNP маркерлері геном деңгейінде статистикалық маңызға ие маркерлер болып табылады.

Бұл диаграммаларда *IGFBP6*, *ST7*, *SCD5*, *DTNBP1*, *KYNU* және *FTO* гендерімен байланысты маңызды ассоциациялар көрсетілген. Аталған гендер қойлардың өнімділік, дене құрылысы және май тінінің қалыптасуына әсер ететін функционалды кандидат гендер ретінде қарастырылды.

1. Тірі салмақ. Төрт *SNP* маркері тірі салмақпен статистикалық тұрғыда байланыс көрсеткенімен, олардың үшеуі нақты ген аймағымен аннотацияланбаған. Алайда *s20793.1* маркері 3-хромосомада орналасып, *IGFBP6* (инсулин тәрізді өсу факторының байланыстырушы ақуызы 6) генінің құрамында табылды ($p=0.001312$).

2. Кеуде ені. Бұл морфометриялық көрсеткішпен **OAR4_54217431.1** *SNP* маркері байланыс көрсетті және ол *ST7* (ісіктің пайда болуын тежейтін ген) аймағында орналасқан.

3. Сербек аралық ені. Сербек аралық енділігі бойынша бірнеше *SNP* маркерлері маңызды және ұсынылатын деңгейде ассоциация көрсетті. Олардың ішінде **s25229.1** және **s01175.1** маркерлері тиісінше *SCD5* (стеаройл-КоА десатураза 5) және *DTNBP1* (дистробревинмен байланысатын ақуыз 1) гендерінің ішінде орналасқан.

4. Кеуде орамы. Сегіз *SNP* маркерінің біреуі – **OAR2_175574781.1** – *KYNU* (кинурениназа) генінің құрамында анықталды. Бұл ген триптофан алмасуына қатысады және жануарлардың өсуі мен иммундық жауап процесіне әсер етеді. *KYNU* гені триптофан метаболизмінің ферменті ретінде маңызды рөл атқарады.

5. Жіліншік шеңбері. Бұл белгімен байланысты **s15415.1** *SNP* маркері *FTO* (семіздікпен байланысты ақуыз) генінің құрамында анықталды. Бұл ген май тіндерінің түзілуі мен дене салмағының реттелуінде маңызды рөл атқарады.

Қорытынды

Бұл зерттеу Сарыарқа құйрықты қой тұқымы бойынша тірі салмақ пен дене өлшемдерінің белгілеріне байланысты геном бойынша ассоциациялық талдау (GWAS) жүргізу арқылы функционалды *SNP* маркерлерін анықтауға бағытталды. Талдауға алынған алты негізгі белгі бойынша маңызды немесе ұсынылатын деңгейдегі *SNP* маркерлер табылды. Жалпы алғанда, алты кандидат ген анықталды *IGFBP6*, *ST7*, *SCD5*, *DTNBP1*, *KYNU* және *FTO*. *IGFBP6* гені тірі салмақпен байланысты болып, өсу қарқыны мен метаболикалық белсенділікке ықпал етеді. *ST7* гені алғаш рет қой тұқымында кеуде енімен ассоциациялануы анықталды және бас сүйек құрылымын қалыптастыруда рөл атқаруы мүмкін. *SCD5* және *DTNBP1* гендері сербек аралық енділігімен байланысқан және май алмасуы мен тіндік құрылымға қатысады.

KYNU гені көкірек шеңберімен (кеуде орамы) ассоциацияланып, триптофан метаболизмі арқылы өсу мен иммундық жауапқа әсер етеді. *FTO* гені жіліншік шеңберімен байланысы біздің зерттеуде анықталды, аталған ген май тінінің түзілуі мен дене салмағын реттеуге қатысады. Бұл нәтижелер Сарыарқа қой тұқымының (жаңаарқа типі) дене құрылымы мен өнімділігіне әсер ететін генетикалық әсері алғаш рет дәлелдеді. Анықталған гендер қой шаруашылығында маркерлік селекцияны жетілдіру, жоғары өнімді мал алу және селекциялық процестерді ғылыми негізде жүргізу үшін перспективалы молекулалық маркерлер ретінде қарастырылады. Зерттеудің бір тұқыммен шектелуі және үлгі санының шектеулілігі кейбір нәтижелердің жалпылануына ықпал етуі мүмкін. Бұл зерттеу жұмысының нәтижелері отандық мал шаруашылығын ғылыми негізде дамытуға, генетикалық іріктеудің дәлдігін арттыруға және өнімділікке жауап беретін белгілерді молекулалық деңгейде басқаруға жол ашады.

Қаржыландыру. Бұл зерттеу жұмысы 2023-2025 жылдарға арналған ғылыми, ғылыми-техникалық бағдарламалар бойынша бағдарламалық-нысаналы қаржыландыруға арналған конкурс негізінде AP19577108 «Анализ филогенетических связей и эволюционных демографических событий курдючных грубошерстных пород овец, разводимых в Казахстане» атты жоба аясында жүзеге асырылды.

Әдебиеттер тізімі

1. Адылканова Ш. Р., Садыкулов Т. С., Орақбаева А. Д., Сансызбаева Б. Қ. Формирование мясной продуктивности ягнят сарыаркинской курдючной породы овец (внутрипородный жанааркинский тип) // Ізденістер, нәтижелер– 2023. – № 4 (100). – С. 20–27. – DOI: <https://doi.org/10.37884/4-2023/03>
2. Visscher P.M., Wray N.R., Zhang Q., Sklar P., McCarthy M.I., Brown M.A., Yang J. 10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation // *Nature Reviews Genetics*. – 2017. – Vol. 18, No. 2. – P. 117–127.
3. Kirichenko A.V., Zlobin A.S., Shashkova T.I., Volkova N.A., Iolchiev B.S., Bagirov V.A., Borodin P.M., Karssen L.S., Tsepilov Y.A., Aulchenko Y.S. The GWAS-MAP|ovis platform for aggregation and analysis of genome-wide association study results in sheep. – 2022. – Preprint.
4. Kirichenko A.V., Zlobin A.S., Shashkova T.I., Volkova N.A., Iolchiev B.S., Bagirov V.A., Borodin P.M., Karssen L.S., Tsepilov Y.A., Aulchenko Y.S. The GWAS-MAP|ovis platform for aggregation and analysis of genome-wide association study results in sheep. – 2022. – Preprint.
5. Bolormaa S., et al. A genome-wide association study of meat and carcass traits in sheep // *Genetics Selection Evolution*. – 2016. – Vol. 48. – P. 38.
6. Zhang L., Liu J., Zhao F., Ren H., Xu L., Lu J., Zhang S., Zhang X., Wei C., Lu G., Zheng Y., Du L. Genome-wide association studies for growth and meat production traits in sheep // *PLOS ONE*. – 2013. – Vol. 8(6). – e66569.
7. Riggio V., Pong-Wong R., Sallé G., et al. A genome-wide association study for wool, skin, and body weight traits in sheep // *PLOS ONE*. – 2013. – Vol. 8(12). – e81956.

8. Садықұлов Т. С., Адылканова Ш. Р. Селекционно-генетические аспекты совершенствования курдючных пород овец: монография. – Алматы: Альманах, 2022. – 180 с.
9. Jiang J., Cao Y., Shan H., Wu J., Song X., Jiang Y. The GWAS analysis of body size and population verification of related SNPs in Hu sheep // *Animals*. – 2022. – Vol. 12(20). – P. 2792. <https://doi.org/10.3390/ani12202792>
10. Abdoli R., Mirhoseini S.Z., Ghavi Hossein-Zadeh N., Zamani P., Ferdosi M.H., Gondro C. Genome-wide association study of four composite reproductive traits in Iranian fat-tailed sheep // *Reproduction, Fertility and Development*. – 2019. – Vol. 31(8). – P. 1305–1314. <https://doi.org/10.1071/RD18282>
11. Al-Mamun H.A., Kwan P., Clark S.A., Ferdosi M.H., Tellam R., Gondro C. Genome-wide association study of body weight in Australian Merino sheep reveals an orthologous region on OAR6 to human and bovine genomic regions affecting height and weight // *Genetics Selection Evolution*. – 2015. – Vol. 47. – P. 66.
12. Ghasemi M., Hossein-Zadeh N.G., Zamani P. Identification of candidate genes and pathways affecting meat quality traits in sheep using GWAS and bioinformatics analysis // *Animal Genetics*. – 2020. – Vol. 51. – P. 678–689
13. Kijas J.W., Lenstra J.A., Hayes B., Boitard S., et al. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection // *PLOS Biology*. – 2012. – Vol. 10(2). – e1001258.
14. Andersson L., Archibald A.L., Bottema C.D., et al. Coordinated international action to accelerate genome-to-phenome with FAANG, the Functional Annotation of Animal Genomes project // *Genome Biology*. – 2015. – Vol. 16. – P. 57.
15. Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2013). Accelerating improvement of livestock with genomic selection. *Annual Review of Animal Biosciences*, 1, 221–237.
16. Садықұлов Т.С., Ким Г.Л., Жазылбеков Қ.З., Имашев С.Д., Бұралқиев Б.А. Ауыл шаруашылық жануарларын өсіру және селекциялау: оқу құралы. – Павлодар: Кереку, 2003. – 29–34-66.
17. PLINK1.9Home. Available online: <https://www.cog-genomics.org/plink/> (accessed on 14 April 2025)
18. Ensembl. Available online: <http://www.ensembl.org/biomart/martview/> (accessed on 14 April 2025).
19. The R Project for Statistical Computing. Available online: <https://www.r-project.org/> (accessed on 14 April 2024)

References

1. Adylkanova SH. R., Sadykulov T. S., Oraқbaeva A. D., Sansyzbaeva B. Қ. Formirovanie myasnoj produktivnosti yagnyat saryarkinskoj kurdyuchnoj porody ovets (vnutriporodnyj zhanaarkinskij tip) // *Izdenister, nәtizheler*– 2023. – № 4 (100). – S. 20–27. – DOI: <https://doi.org/10.37884/4-2023/03> [in Russian].
2. Visscher P.M., Wray N.R., Zhang Q., Sklar P., McCarthy M.I., Brown M.A., Yang J. 10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation // *Nature Reviews Genetics*. – 2017. – Vol. 18, No. 2. – P. 117–127 [in English].
3. Kirichenko A.V., Zlobin A.S., Shashkova T.I., Volkova N.A., Iolchiev B.S., Bagirov V.A., Borodin P.M., Karssen L.S., Tsepilov Y.A., Aulchenko Y.S. The GWAS-MAP|ovis platform for aggregation and analysis of genome-wide association study results in sheep. – 2022. – Preprint [in English].
4. Kirichenko A.V., Zlobin A.S., Shashkova T.I., Volkova N.A., Iolchiev B.S., Bagirov V.A., Borodin P.M., Karssen L.S., Tsepilov Y.A., Aulchenko Y.S. The GWAS-MAP|ovis platform for aggregation and analysis of genome-wide association study results in sheep. – 2022. – Preprint [in English].
5. Bolormaa S., et al. A genome-wide association study of meat and carcass traits in sheep // *Genetics Selection Evolution*. – 2016. – Vol. 48. – P. 38 [in English].

6. Zhang L., Liu J., Zhao F., Ren H., Xu L., Lu J., Zhang S., Zhang X., Wei C., Lu G., Zheng Y., Du L. Genome-wide association studies for growth and meat production traits in sheep // PLOS ONE. – 2013. – Vol. 8(6). – e66569 [in English].
7. Riggio V., Pong-Wong R., Sallé G., et al. A genome-wide association study for wool, skin, and body weight traits in sheep // PLOS ONE. – 2013. – Vol. 8(12). – e81956 [in English].
8. Sadykulov T.S., Adylkanova S.H.R. - Selekcionno-geneticheskie aspekty sovershenstvovaniya kurdyuchnyh porod ovec, monografiya Al'manah, 2022– P.180 [in Russian].
9. Jiang J., Cao Y., Shan H., Wu J., Song X., Jiang Y. The GWAS analysis of body size and population verification of related SNPs in Hu sheep // Animals. – 2022. – Vol. 12(20). – P. 2792. <https://doi.org/10.3390/ani12202792> [in English].
10. Abdoli R., Mirhoseini S.Z., Ghavi Hossein-Zadeh N., Zamani P., Ferdosi M.H., Gondro C. Genome-wide association study of four composite reproductive traits in Iranian fat-tailed sheep // Reproduction, Fertility and Development. – 2019. – Vol. 31(8). – P. 1305–1314. <https://doi.org/10.1071/RD18282> [in English].
11. Al-Mamun H.A., Kwan P., Clark S.A., Ferdosi M.H., Tellam R., Gondro C. Genome-wide association study of body weight in Australian Merino sheep reveals an orthologous region on OAR6 to human and bovine genomic regions affecting height and weight // Genetics Selection Evolution. – 2015. – Vol. 47. – P. 66 [in English].
12. Ghasemi M., Hossein-Zadeh N.G., Zamani P. Identification of candidate genes and pathways affecting meat quality traits in sheep using GWAS and bioinformatics analysis // Animal Genetics. – 2020. – Vol. 51. – P. 678–689 [in English].
13. Kijas J.W., Lenstra J.A., Hayes B., Boitard S., et al. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection // PLOS Biology. – 2012. – Vol. 10(2). – e1001258 [in English].
14. Andersson L., Archibald A.L., Bottema C.D., et al. Coordinated international action to accelerate genome-to-phenome with FAANG, the Functional Annotation of Animal Genomes project // Genome Biology. – 2015. – Vol. 16. – P. 57 [in English].
15. Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2013). Accelerating improvement of livestock with genomic selection. Annual Review of Animal Biosciences, 1, 221–237 [in English].
16. Sadykulov T.S., Kim G.L., ZHazylybekov K.Z., Imashev S.D., Buralkiev B.A. Auyly sharuashylyq zhanuarlaryn osiru zhane selekciyalau. – Pavlodar: Kereku, 2003. – 29–34-bb [in Kazakh].
17. PLINK1.9Home. Available online: <https://www.cog-genomics.org/plink/> (accessed on 14 April 2025) [in English].
18. Ensembl. Available online: <http://www.ensembl.org/biomart/martview/> (accessed on 14 April 2025) [in English].
19. The R Project for Statistical Computing. Available online: <https://www.r-project.org/> (accessed on 14 April 2024) [in English].

А.Д. Орақбаева¹, К.Ж. Досыбаев*^{1,2,3,4}, Ш.Р. Адылканова¹

А.Т.Қожахмет^{2,3,4}, М.Ш.Ермекова^{2,3,4}, Қапасұлы Т^{2,3,4}, Амандықова М.Д^{2,3,4}

*¹Казахский национальный аграрный исследовательский университет, г. Алматы
Республика Казахстан, ainura_manat@mail.ru, sholpan.adylkanova@kaznaru.edu.kz,
kairat1987_11@mail.ru,*

*²РГП на ПХВ Институт генетики и физиологии КН МОН РК, г. Алматы Республика
Казахстан*

*³Казахский национальный университет имени Аль-Фараби, ⁴КазНИИЖик, г. Алматы
Республика Казахстан, kairat1987_11@mail.ru, altynaitg@gmail.com, nurii_90@mail.ru,
tilek.kapas@mail.ru, makpal_30.01@mail.ru*

АНАЛИЗ КАНДИДАТНЫХ ГЕНОВ, СВЯЗАННЫХ С ПРОДУКТИВНОСТЬЮ У САРЫАРКИНСКОЙ КУРДЮЧНОЙ ГРУБОШЕРСТНОЙ ПОРОДЫ ОВЕЦ (ЖАНААРКИНСКИЙ ТИП)

Аннотация

Порода овец Сарыарка - относится к числу казахстанских курдючных грубошерстных пород, отличающихся высокой мясной продуктивностью и плодовитостью. Живая масса животных и морфометрические показатели представляют собой важные фенотипические признаки, используемые в селекционной работе, особенно при совершенствовании мясной продуктивности. В данном исследовании проведено выявление ассоциаций между геномными SNP-маркерами и показателями живой массы, а также восьмью основными промерами тела (высота в холке, высота в крестце, ширина груди, глубина груди, косая длина туловища, ширина в маклоках, обхват груди и обхват голени) у курдючных овец породы Сарыарка. Для анализа было отобрано 60 проб крови, из которых выделена геномная ДНК, после чего выполнено генотипирование с использованием чипа *OvineSNP50 Genotyping BeadChip*. Полученные SNP-маркеры были аннотированы и сопоставлены с геномом *Ovis aries* (Oar_v3.1) через платформу BioMart. В результате установлено, что с живой массой и четырьмя морфологическими признаками ассоциированы шесть кандидатных генов: **IGFBP6**, **ST7**, **SCD5**, **DTNBP1**, **KYNU** и **FTO**. Таким образом, полученные данные позволили выявить молекулярные маркеры, связанные с мясной продуктивностью у овец породы Сарыарка, что формирует научную основу для развития маркер-ассоциированной селекции. Это открывает перспективы для целенаправленного и более эффективного генетического отбора в овцеводстве.

Результаты исследования позволили идентифицировать молекулярные маркеры, связанные с мясной продуктивностью у овец породы сарыарка, что формирует научную основу для развития маркерной селекции.

Ключевые слова: курдючная грубошерстная порода Сарыарка, SNP, мясная продуктивность, GWAS, кандидатные гены

A.D. Oraqbaeva¹, Q.Zh. Dosybaev^{*1,2,3,4}, Sh.R. Adylkanova¹

A.T.Kozhakhmet^{2,3,4}, M.Sh.Ermekova^{2,3,4}, Kapasuly T^{2,3,4}, Amandykova M.D^{2,3,4}

¹Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Republic of Kazakhstan, ainura_manat@mail.ru, sholpan.adylkanova@kaznaru.edu.kz, kairat1987_11@mail.ru

² Institute of Genetics and Physiology, Committee of Science, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Republic of Kazakhstan

³Al-Farabi Kazakh National University, ⁴Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging, Almaty, Republic of Kazakhstan, kairat1987_11@mail.ru, altynaitg@gmail.com, nurii_90@mail.ru, tilek.kapas@mail.ru, makpal_30.01@mail.ru

ANALYSIS OF CANDIDATE GENES ASSOCIATED WITH PRODUCTIVITY IN THE SARYARKA FAT-TAILED COARSE-WOOLED SHEEP BREED (INTRA-BREED ZHANAARKA TYPE)

The Saryarka sheep breed is one of the fat-tailed, coarse-wool sheep breeds raised in Kazakhstan, known for its high meat productivity and fertility. Live weight and morphometric traits (body indices) are essential phenotypic indicators in breeding programs, especially for improving meat yield. This study aimed to identify genome-wide associations (GWAS) between SNP markers and live weight as well as five major morphometric traits (interzygomatic width, loin width, chest girth, and cannon bone girth) in the Saryarka sheep breed. Blood samples were collected from 60 animals, genomic DNA was extracted, and genotyping was performed using the *OvineSNP50 Genotyping BeadChip*. GWAS analysis identified significant SNP markers associated with each trait. The identified markers were annotated to the *Ovis aries* genome (Oar_v3.1) using the BioMart platform. As a result, six candidate genes **IGFBP6**, **ST7**, **SCD5**, **DTNBP1**, **KYNU**, and **FTO** were found to be associated with live weight and four morphometric traits. These genes are involved in growth regulation, lipid metabolism, tissue development, and immune responses, and are consistent

with findings from similar studies in other sheep breeds. The results of this study provide molecular markers associated with meat productivity in the Saryarka sheep breed, establishing a scientific foundation for the development of marker-assisted selection. This opens the way for targeted and efficient genetic improvement in sheep breeding.

Keywords: Saryarka fat-tailed coarse-wool sheep breed, SNP, meat productivity, GWAS, candidate genes

Вклад авторов: ОА АШ и ДК: осуществили разработку концепции исследования, определили его научное направление и структуру, оформили теоретико-методологические основы.

ЕМ: выполнили комплексную обработку полученных данных, провели детальный статистический анализ и интерпретацию результатов, обеспечив достоверность и объективность выводов.

КА и КТ: непосредственно участвовали в проведении практических и экспериментальных исследований, обеспечили сбор первичных данных и их систематизацию.

АМ и ДК: сосредоточились на выполнении углублённого биоинформатического анализа и последующей обработке экспериментальных данных.

Все авторы совместно участвовали в обсуждении результатов, внесли существенные правки в текст рукописи и единодушно одобрили её окончательную версию перед подачей к публикации.

FTAXP 68.39.31

DOI <https://doi.org/10.37884/3-2025/07>

*А.Д. Орақбаева¹, Ш.Р. Адылканова *¹, Т.С. Садыкулов¹, Б.К. Сансызбаева¹,
А.М. Койшибаев¹, Қ.Ж. Досыбаев¹*

¹Казахский национальный аграрный исследовательский университет, г. Алматы, Республика Казакстан, ainura_manat@mail.ru sholpan.adylkanova@kaznaru.edu.kz, tuleukhan.sadykulov@kaznaru.edu.kz, bibigul.19_93@mail.ru, k_azamat-81@mail.ru, kairat1987_11@mail.ru

ПРОДУКТИВНЫЕ И НЕКОТОРЫЕ БИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ОВЕЦ САРЫАРКИНСКОЙ ПОРОДЫ (ВНУТРИПОРОДНЫЙ ЖАНААРКИНСКИЙ ТИП)

Аннотация

Сарыаркинская порода овец относится к числу высокопродуктивных мясошерстных генотипов, обладающих ценными адаптивными свойствами, обеспечивающими устойчивость к экстремальным факторам континентального климата и эффективное использование пастбищных угодий. Порода характеризуется высокой реализацией продуктивного потенциала как по мясным, так и по шерстным признакам, что делает её значимым объектом в системе ресурсосберегающего овцеводства Казахстана. Целью данного исследования является анализ продуктивных и биологических особенностей овец сарыаркинской породы (жанааркинский тип) для повышения эффективности их выращивания и использования в с.х. секторе. для более всесторонней характеристики овец, наряду с оценкой их продуктивных качеств, в настоящем исследовании нами были проведены анализы морфологических и биохимических параметров крови.

Объектом исследования служили овцы сарыаркинской породы овец. При проведении работ руководствовались общепринятыми зоотехническими методиками. Продуктивность общего поголовья изучали посредством определения живой массы и настрига шерсти.