

Zhambyl regions. Since the pathogen spores persist in the soil for long periods in these regions, the risk of recurrence is high. On average, 8-15 new outbreaks were identified annually, with increases in incidence observed in 2016, 2018, and 2022. Anthrax occurs primarily in cattle (60-65%), but 20-25% of cases occur in sheep and goats, 10% in horses, and 5% in camels. Seasonally, the risk of disease transmission is highest in the summer and fall months, as grazing animals often come into contact with grass and soil contaminated with spores.

For prevention, routine vaccination is carried out annually, covering an average of 5-6 million head of cattle. However, in some regions, incomplete vaccination has led to new outbreaks. The study results showed that anthrax remains a pressing epizootic problem, requiring enhanced monitoring, improved laboratory diagnostics, full vaccination coverage, and enhanced veterinary control.

Keywords: Anthrax, *Bacillus anthracis*, epizootic, vaccination, monitoring, zoonotic infection, spore.

Авторлардың үлесі. Ұ.Рахым — зерттеу мен мәтін жазу, деректерді талдау, мақала дайындау; А.Р. Сансызбай —мақала дизайнын құрастыру; Е.Қ. Пазылов - зерттеу тұжырымдамасы, М.А. Бердикулов, Г.К. Мусаева — редакцияға беру, тексеру; визуализация. Барлық авторлар мақаланы дайындауға айтарлықтай үлес қосты және барлығымен мақұлдады.

FTAXP 68.41.53

DOI <https://doi.org/10.37884/4-2025/07>

Ж.М. Орал^{1,2}, А.Р. Сансызбай², Е.Қ. Пазылов¹, М.А.Бердикулов¹, Г.К.Мусаева^{*1}

¹ҚР АШМ ВБЖҚК «Ветеринария бойынша Ұлттық Референттік Орталық»,
Қазақстан, қ.Алматы, musaeva___1984@mail.ru*

²Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, Қазақстан, қ.Алматы.

ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ *BACILLUS ANTHRACIS* ШТАМДАРЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ

Аңдатпа

Бұл мақалада *Bacillus anthracis* штамдарының молекулярлық-генетикалық ерекшеліктерінің соңғы жылдардағы ағымы мен өзгерістері, жаңа әдістердің тиімділігі мен әртүрлі дәлелденген зерттеу жұмыстарының нәтижелерінің салыстыруға негізделген. Әлемдік филогенетикалық құрылымда *B. anthracis* үш негізгі генетикалық топқа ажыратады: А, В және С. штаммдардың үш тобының таралуы біркелкі емес: шамамен 90% А тобына жатса, 10 % – В және 0,1 % – С тобы аз бөлігін құрайды. Негізгі генетикалық А тобындағы 35 нәруыздың 8 өзгермелі, қалғандары – референс-штаммдар, Spo0J – бір ген, бірақ Tsiankovskii-1 штаммының гені SNP 705T→C осы генмен синонимдес. Spo0M – мөлшерлері 252 және 251 а.к. гендерінің соңғысы делециямен ерекшеленеді T67, генінің делециясы 198-200. SpoIID – екі ген, референтті және штаммнан ерекшелейтін 351/520 (canSNP-топ A.Br.Aust94) синонимдес мына генмен SNP 927C→T сәйкес. SpoVAD – гомологиялық емес екі нұсқаның мөлшерлемесі жағынан 338 а.к. барлық А топтағы штаммдарда кездеседі. *B. anthracis* штаммдарының топтарында консерватизм SpoIIE, II кезең sporulation protein P, SpoIIR, SpoIIIAA, SpoIIAB, SpoIIAE, SpoIIAG, SpoIIID, SpoIVFA, SpoIVFB, SpoVAA, SpoVAE, SpoVID, CdaS, YlbJ, KinA ақуыздарына да тән. керісінше, KinB екінші негізгі сенсорлық гистидинкиназа А тобында *B. anthracis* штаммдарында үш генде бар.

Кілт сөздер: *Bacillus anthracis*, GenBank NCBI, штамм, ген, ақуыздар, делеция.

Kіpіcne

Сібір жарасы (*Bacillus anthracis*) – адам мен жануарлар арасында табиғи жолмен таралатын аса қауіпті зооноздық инфекция. Бұл ауру Солтүстік аймақтардың бір бөлігін, Жаңа Зеландияны және шағын арал аумақтарын қоспағанда, әлемнің барлық дерлік өңірлерінде кездеседі. Инфекцияның кең таралуы оның қоздырғышының жоғары тұрақтылығымен, қоршаған орта факторларына төзімділігімен және ұзақ уақыт бойы топырақта сақталу қабілетімен түсіндіріледі. Сібір жарасының қоздырғышы — *Bacillus anthracis*, спора түзетін аэробты бактерия, ол топырақта ондаған жыл бойы тіршілік қабілетін жоғалтпай сақтала алады.

Қазақстан Республикасының Ауыл шаруашылығы министрлігінің 2021–2025 жылдарға арналған баспасөз релиздеріне сәйкес, соңғы жылдары сібір жарасы төрт облыста — Ақмола, Жамбыл, Түркістан және Қарағанды аймақтарында тіркелген. Дегенмен, ауруға шалдыққан жануарлардың нақты саны мен түрлік құрылымы туралы мәліметтер көп жағдайда көрсетілмейді [1]. Бұл эпизоотиялық жағдайдың толық мониторингі мен статистикалық талдауын қиындатады.

Bacillus anthracis қоздырғышының қауіптілігі оның табиғи ошақтарда ұзақ уақыт бойы сақталып, қолайлы экологиялық жағдай туындаған кезде қайта белсенділену қабілетімен байланысты. Бұл фактор аурудың табиғи этиологиялық өршуіне, малдың жаппай өліміне және адамдар арасында аурудың таралуына әкеледі [2]. Споралар топырақта, малдың өлекселері мен көмілу орындарында ондаған жылдар бойы сақталып, ауа райының өзгерісі немесе антропогендік әсерлер кезінде қайтадан эпизоотиялық қауіп төндіреді.

Сібір жарасының ерекшелігі – қоздырғыштың морфологиялық және биохимиялық қасиеттерінің *Bacillus* тұқымдасының басқа өкілдеріне ұқсастығында. Бұл жағдай зертханалық диагностиканы күрделендіреді және ауруды дұрыс анықтау үшін молекулалық-генетикалық әдістердің қолданылуын талап етеді. *Bacillus anthracis* бактериясы морфологиялық, мәдени және биохимиялық сипаттамалары бойынша *Bacillus cereus* тобына жататын басқа микроорганизмдермен – *B. cereus*, *B. thuringiensis*, *B. mycoides*, *B. pseudomycoides*, *B. weihenstephanensis* түрлерімен – айтарлықтай ұқсастыққа ие [3]. Осыған байланысты, бұл топ «*Bacillus cereus sensu lato*» деп аталатын бірыңғай таксономиялық бірлестікке біріктірілген.

Аталған микроорганизмдердің барлығы экологиялық тұрғыдан алуан түрлі және түрлі салада маңызды рөл атқарады. Мысалы, *B. thuringiensis* және *B. segeis* түрлерінің кейбір штаммдары ауыл шаруашылығында инсектицидтік биопрепараттар ретінде кеңінен қолданылады, өйткені олар насекомдарға патогендік әсер ететін δ-эндотоксиндерді түзе алады. Сондай-ақ, бұл микроорганизмдердің бөлек өкілдері өсімдік өсуін ынталандыратын немесе биологиялық тыңайтқыш ретінде пайдаланылатын қасиеттерімен ерекшеленеді.

Алайда, генетикалық жағынан жақын түрлердің ішінде *Bacillus anthracis* адам мен жануарлар үшін аса қауіпті патоген болып қала береді. Оның патогендік қасиеті екі негізгі плазмидамен – pXO1 және pXO2 – анықталады. Бұл плазмидалар токсиндік кешен мен капсулалық полипептидтің синтезін реттейді, нәтижесінде қоздырғыш макроорганизм иммундық жүйесінен қорғана алады. Мұндай генетикалық ерекшеліктер *Bacillus anthracis*-ті жоғары вирулентті және тұрақты патоген ретінде сипаттайды.

Инфекцияның табиғи ошақтарының тұрақтылығы көбінесе топырақтың физика-химиялық қасиеттерімен, климаттық жағдайлармен және аймақтың экологиялық жағдайымен тығыз байланысты. Қазақстанда сібір жарасының ежелгі ошақтары Солтүстік және Орталық өңірлерде көбірек кездеседі, себебі бұл аймақтардың топырақтары гумуска бай, бейтарап реакциялы және жеткілікті ылғалдылыққа ие. Мұндай орта споралардың ұзақ мерзімді сақталуына және аурудың қайталануына қолайлы жағдай туғызады.

Сібір жарасының эпизоотиялық жағдайына антропогендік факторлар да айтарлықтай әсер етеді. Жер жырту, құрылыс немесе жол салу жұмыстары кезінде топырақтың терең қабаттарындағы споралар бетіне шығып, жаңа эпизоотиялық ошақтардың пайда болуына

себеп болуы мүмкін. Сонымен қатар, мал көму орындарының санитариялық жағдайының нашарлығы мен мониторингтің жеткіліксіздігі аурудың таралу қаупін арттырады.

Соңғы онжылдықта *Bacillus anthracis*-тің жаңа штаммдары мен филогенетикалық топтары анықталып келеді. Геномдық секвенирлеу мен мульти-локустық типтеу әдістері (MLVA, SNP-анализ) қоздырғыштың географиялық таралуын, генетикалық алуан түрлілігін және эволюциялық байланыстарын зерттеуге мүмкіндік берді [4,5]. Мұндай зерттеулер Қазақстан аумағындағы және көршілес елдердегі штаммдардың генетикалық туыстығын айқындап, инфекцияның эпидемиологиялық картасын нақтылауға жағдай жасайды.

Осыған байланысты, сібір жарасы мәселесі тек ветеринариялық тұрғыдан ғана емес, қоғамдық денсаулық сақтау, биотехнология және экологиялық қауіпсіздік салалары үшін де өзекті болып отыр. Инфекцияның табиғи және антропогендік факторлармен байланысын зерттеу, сондай-ақ *Bacillus anthracis*-тің жаңа генетикалық желілерін анықтау аурудың алдын алу мен бақылау стратегияларын жетілдіруге мүмкіндік береді.

Осы зерттеу жұмысының мақсаты – 2015–2025 жылдар аралығындағы Қазақстандағы сібір жарасының эпизоотиялық жағдайын талдау, оның географиялық таралу ерекшеліктерін, молекулалық-генетикалық сипаттамасын және алдын алу шараларының тиімділігін бағалау болып табылады.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Соңғы бес жылдағы Қазақстан аумағындағы *Bacillus anthracis* штамдарының генетикалық сипаттамалары туралы қолда бар әдебиет деректерін жүйелеу. Біз жоғарыда аталған кілт сөздер бойынша GenBank ncbi дерекқорынан *B. anthracis* штамдарының геномдық тізбегін пайдалана отырып, соңғы бес жылдағы ғылыми еңбектер мен мақалаларға әдеби шолу жасадық. Бұл мета-талдау үшін біз *Bacillus anthracis* штамдарының молекулярлық-генетикалық ерекшеліктерінің ағымы мен өзгерістері, жаңа әдістердің тиімділігі мен әртүрлі дәлелденген және «Жануарлардың аса қауіпті ауруларының тізбесін бекіту туралы» ҚР АШМ 30.10.2014 № 7-1 / 559 бұйрығын, сонымен қатар ҚР АШМ 29.06.2015 № 7-1/587 бұйрығымен бекітілген Ветеринариялық қағидаларға сәйкес зерттеу жұмыстарының нәтижелеріне қатысты ең заманауи мәселелер бойынша дәлелді эксперименттік және клиникалық базасы бар мақалаларды қолдандық.

Зерттеу нәтижелерімен талқылаулар

Әлемдік филогенетикалық құрылымда *B. anthracis* үш негізгі генетикалық топқа ажыратады: А, В және С [4]. штаммдардың үш тобының таралуы біркелкі емес: шамамен 90% А класын құрайды, шамамен 10 % – В және 0,1 % – С аз.С класына жататын төрт штамм ғана 1956 жылы Вайоминг пен Луизианада оқшауланған [5]. тағы бір генетикалық тұқым-Батыс Африканың жабайы табиғатынан бөлінетін сібір жарасының қоздырғышы *Bacillus Cereus biovar anthracis* штамдары [6,7]. *B. anthracis* әр түрлі топтардың біркелкі емес таралуының себептері белгісіз. Мұның артында патогенділік дәрежесімен де, споралардың споралануы мен өнуі тиімділігімен де анықталатын әртүрлі бейімделу қабілеті бар деп болжанады. А тобының генотиптерінің жаһандық масштабтағы үстемдігі үлкен репродуктивті және үлкен қашықтыққа таралуда [8]. А тобының штаммдары, жануарларда жасырын инфекцияны тудыратын гипотетикалық қабілетке ие, бұл олардың жаһандық таралуына және В тобының шектеулі таралуына байланысты.

B. anthracis Ames Ancestor анықтамалық штамм геномының *in silico* талдауы споралануға қатысты ақуыздарды кодтайтын 66 геннің болуын көрсетті. 14 canSNP тобына жататын үш *B. anthracis* генетикалық линиясының және *B. Cereus BV anthracis str ci* штаммының штаммдарының үлгісінде 35 ген өзгермелі болды, өзгергіштік SNP, Enels, кодталған ақуыздарда – аминқышқылдарын алмастыру және өлшемдерімен анықталды[9].

Негізгі генетикалық А тобындағы 35 нәруыздың 8 өзгермелі, қалғандары – референс-штамм, Spo0J – бір нұсқа, бірақ Tsiankovskii-1 штаммының гені SNP 705T→C осы генмен синонимдес. Spo0M – екі нұсқа мөлшерлері 252 және 251 а.к., соңғысы делециямен ерекшеленеді T67, генінің делециясы 198-200. SpoIID – екі нұсқа, референтті және штаммнан ерекшелетін 351/520 (canSNP-топ A.Br.Aust94) синонимдес мына генмен SNP 927C→T.

SpoVAD – гомологиялық емес екі нұсқаның мөлшерлемесі жағынан 338 а.к. барлық А топтағы штаммдарда кездеседі. KinB – үш нұсқаның мөлшерлемесі 424 а.к., олардың екеуі M297I (canSNP-тобының штаммдары A.Br.005/006) және R409Q (canSNP-тобының штаммдары A.Br.Vollum), ауыстыруларымен анықтамалық штамм ақуызынан ерекшеленді синонимдес емес бұл штаммдар SNP 891G→A және 1225A→C тобының геніне сәйкес келеді. YtaF – үш-нұсқаның ұзындықтары 203 а.к. және тағы екеуінде ұзындық жағынан 210 а.к., біреуі K (лизин) белгісіз амин қышқылымен немесе ytaF генінде A271R-ді екіұшты алмастырумен бір SNP-мен ерекшеленеді, тек Tangail-1 штаммында болады (canSNP тобы A.Br.001/002). YtvI-үш нұсқа, біреуі тек A. BR.005/006 (Ancient A) canSNP тобының штаммдарында кездеседі және SNP 715A→G (V239I) синонимі жоқ А сызығының қалған тоғыз canSNP тобына тән анықтамалық нұсқадан ерекшеленеді, үшіншісі 927g→C (E309D) синонимі жоқ SNP бар 1390/13 штаммында. YuaC-екі нұсқа, 198 және 199 а.к., соңғысы a576 жойылуымен, генге ataa598-601 енгізілуіне байланысты 200 позициядағы қосымша изолейцинмен ерекшеленеді және Shikan-Niid штаммына жатады (cansnpa.Br. Ames тобы). жалпы алғанда, 35 негізгі А тобы штаммынан алынған 35 үлгі споруляциялық ақуыздың 43 нұсқасы болды. 29 ақуыз үшін тек 1 нұсқа, 4 ақуыз үшін – 2 нұсқа, 2 ақуыз үшін – 3 нұсқа болды. Полиморфизмдердің пайда болу жиілігі SNP үшін 0,205, индельдер үшін 0,05 және 1 штаммға есептегенде а.к. – 0,114 болды[9].

SpoOM негізгі В тобының генетикалық желісі екі нұсқа болып табылады, 251 а.к., екеуінде де делеция T70, генінде делеция 198-200AAC, Kruger В штаммында біркелкі емес ауысу байқалып T67X және SNP 202A→M. Spo0J – синоним емес бір нұсқа SNP 433T→C (C145R). SpoIIM – hyu01, 1386/1,228 және 1284 штаммдарындағы гендегі SNP 513A→G синонимі бар 215 а.к. анықтамалық екі нұсқа, екіншісі – 205 а.к. 1-10 MWRKTWQRV делециясымен және В тобының көптеген штаммдарындағы гендегі 1-30. SpoIID – өзгеріссіз SNP бар бір нұсқа 364G→A (D122N). SpoIIP-екі нұсқа, біреуі референтті, 384 а.к., барлық CanSNP В тобының штаммдарына тән, екіншісі-386 а.к. Kruger В штаммында екі инсерция және бір белгісіз ауысу бар а. к. E374? (SNP генінде A→R). SpoVAD-өлшемі 338 а.к. болатын екі гомологты емес нұсқа В. SpoVT сызығының барлық штаммдарында екі нұсқа, В. BR.CNEVA тобының штаммдарында референтті[10,11], екіншісі В тобының қалған штаммдарында – өзгеріссіз SNP 439G→A (A147T)гені бар. KinB-барлық CanSNP топтарында бар әртүрлі өлшемдегі және әртүрлі аминқышқылдарының құрамындағы екі нұсқа, біреуінде өзгеріссіз SNP 91A→G (T31A)гені бар. В тобының барлық штаммдарындағы әртүрлі өлшемдердің YtaF екі нұсқасы бар. YtvI – екі нұсқа, біреуі барлық canSNP-тобының штаммдарына өзгеріссіз SNP 571A→T (N191Y), ал, екіншісі тек В тобының штаммдарына өзгеріссіз SNP 787G→T (V263I). Br.001/002 және B.Br.Kruger В. Жалпы В негізгі тобының 14 штаммынан алынған 35 үлгі споруляциялық ақуыздың 44 нұсқасы болды. 26 ақуыз үшін тек 1 нұсқа болды, 9-2 нұсқа үшін. Полиморфизмдердің пайда болу жиілігі SNP үшін 0,92, индельдер үшін 0,50 және 1 штаммға қайта есептегенде а.к. – 0,57 болды.

Негізгі генетикалық С тобы үшін. SpoIIM-бұл екі нұсқа, олардың мөлшері, инделдің болуы және бір SNP біреуі негізінен В. anthracis штамдарына тән, екіншісі үлкенірек болғандықтан көптеген басқа бацилла түрлеріне үшін. SpoIIP-мөлшері мен аминқышқылдарының құрамымен ерекшеленетін С тобының барлық штамдарының екі нұсқасы. үлкенірек нұсқа (384 а.к.) бациллалардың әртүрлі түрлерінде кездеседі, кішірек (368 а.к.) – В. cereus тобымен шектелген. SpoVAD - бірдей мөлшердегі екі нұсқа, әр түрлі а. к. құрамды, біреуі С тобының барлық штамдарында, екіншісі – тек 2002013094 штаммында. YtaF-екі нұсқа, әртүрлі өлшемдер және а.к. негізгі С тобының тек бес штамдарында бар, барлығы 35 ақуыздан 39 нұсқа анықталды. 31 ақуыздың тек 1 нұсқасы, 4 ақуыздың 2 нұсқасы анықталды. Полиморфизмдердің пайда болу жиілігі SNP үшін 1,4, индельдер үшін 0,2 және 1 геномға қайта есептегенде а.к. – 1,2 болды[10,12].

Ал келесі бір зерттеулерде А тобының штаммдарында синонимдес A600v және P565S, полиморфизмдердің пайда болу жиілігі SNP үшін 0,411, индельдер үшін 0,06 және 1 штаммға есептегенде а.к. – 0,142 болды. В тобы штаммдары үшін синонимдес нұсқа 2, I433V

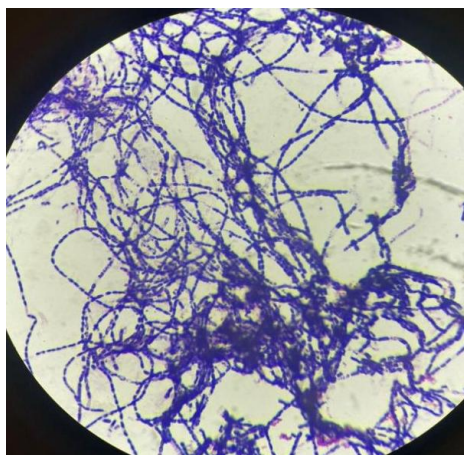
және A600V үшін полиморфизмдердің пайда болу жиілігі SNP үшін 0,418, индельдер үшін 1,0 және 1 штаммға есептегенде а.к. – 0,105 болса, C тобы үшін синонимдес нұсқа сағы 134, SNP 2,381, ал индель 4,1 көрсеткен[11].

B. anthracis штаммдарының топтарында консерватизм SpoIIIE, II кезең sporulation protein P, SpoIIR, SpoIIAA, SpoIIAB, SpoIIAE, SpoIIAG, SpoIIID, SpoIVFA, SpoIVFB, SpoVAA, SpoVAE, SpoVID, CdaS, YlbJ, KinA ақуыздарына да тән. керісінше, KinB екінші негізгі сенсорлық гистидинкиназа A тобында *B. anthracis* штаммдарында үш нұсқада кездеседі.

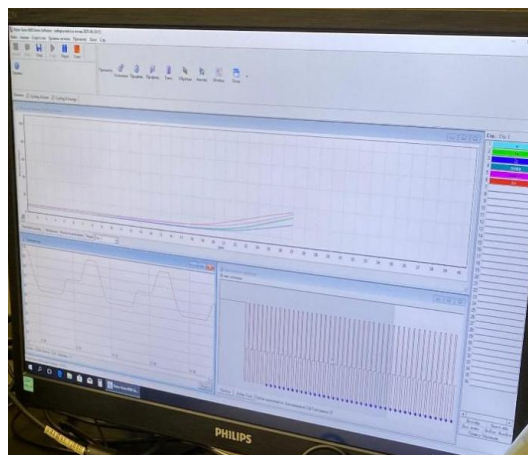
Неге A тобының штаммдары дүниежүзілік таралуға ие, ал B тобының штаммдары керісінше саны мен таралуы жағынан соншалықты шектеулі екені белгісіз. Мұның бір себебі, қоршаған ортада немесе иесінің организмі ішінде тіршілік ету мен көбеюге әсер ететін бейімделушілік генетикалық айырмашылықтарында. Иесінің организмі ішіндегі көбею тиімділігі патогенділік факторларының адаптивті генетикалық айырмашылықтарына байланысты. *B. anthracis* патогендігі негізгі факторларына: екі бинарлы экзотоксин - леталды және қабынушы, сонымен қатар d-глутамилполипептид капсуласына байланысты[14]. Экзотоксиндердің құрамдас бөліктеріне, леталды, қабыну факторлар мен протективті антиген (ПА) Ief, суа және pagA гендерімен кодталады, олар pXO1 плазмидінде орналасқан. Капсула өндірісіне жауап беретін sarBCDAE опероны pXO2 плазмидінде кодталады[12]. Екі плазмидтің кез келген біреуінің жоғалуы штаммдардың авируленттілігіне әкеледі. Сонымен қатар, зертханалық жануарларға арналған вируленттілік тұрғысынан, екі плазмидті қамтитын штаммдар айтарлықтай ерекшеленеді. Carbosar вакцина штаммының әлсіреуі белгілі, pXO1 және pXO2 плазмиділерінің жоғалуымен байланысты емес, ол 50-ден астам гені бар хромосомалық аймақтың жойылуымен анықталады, олардың қызметі вируленттілікке байланысты болуы мүмкін [13].

B. anthracis жеті штаммы 2020 және 2025 жылдар аралығында жиналды және классикалық микробиологиялық әдіс пен нақты уақыттағы ПТР арқылы расталды(сурет-2). Барлық изоляттарды микроскопиялық зерттеу кезінде *B. anthracis* квадрат немесе кесілген ұштары параллель жақтары бар, әдетте жалғыз, жұп немесе ұзын тізбектері бар типтік грам-позитивті, қалың, ұзын, түзу бациллалар табылды(сурет-1). Споралардың болуы цил Нильсен және малахит жасыл әдісімен өзгертілген бояу арқылы да көрсетілді. Мукоидты колониялар табылды және Гимза әдісімен бояу бикарбонат агарында дайындалды. Боялған бациллалар қызғылт-қызыл капсуламен қоршалған қысқа тізбектер түрінде төртбұрышты ұштары бар көк таяқша тәрізді болды[17].

Колумбия агарында колониялар гемолитикалық емес, жалпақ, құрғақ, сұрғылт және төзімді болды. *B. anthracis* изоляттарының колониялары басқа *Bacillus* spp изоляттарынан ерекшеленді. оларға бұйра тәрізді шығыңқы жерлері бар "медузаның басы" тән болды. Нақты уақыттағы ПТР сынағы осы зерттеуде сыналған барлық *B. anthracis* изоляттарында арнайы вируленттілік факторларының (pagA және sarC) гендерінің болуын анықтады[14].



Сурет-1. *B. anthracis*



Сурет-2. ПЦР-мен жұмыс кезінде

Әдебиетте леталды фактор белогындағы аминқышқылдарының алмастырғыштарының каталитикалық белсенділігіне және ПА-мен байланысына әсері туралы мәліметтер бар [15].

Бұл деректер сипатталған гендерге мутация енгізу тәжірибелерінде алынған және мутанттық штамдардың вируленттілігіне әсерін жабайы типтегі штамдармен салыстыру арқылы бағаланды. ПА гені үшін аллельдік полиморфизм, жабайы типтегі табиғи штамдарда 6 аллельдік типі бар,, патогенділік факторларының басқа гендері үшін де сипатталған [16]. Дегенмен, *B. anthracis* вируленттілігіне әсер етуі белгілі немесе болжанатын өнімдерді кодтайтын хромосомалық гендердің өзгергіштігі толық зерттелмеген. Белгілі генетикалық желілердің штамдарына тән полиморфизмдердің сандық және сапалық айырмашылықтары анықталмаған.

Қорытынды

Bacillus anthracis штамдарының молекулярлық-генетикалық ерекшеліктерін анықтау барысында оларды А, В және С тобтарына бөлу арқылы әр топтың полиморфизмдердің пайда болу жиілігі SNP, синонимдес кодтардың болуы индельдер мен бір штаммға есептелген а.к. мөлшеріне байланысты екені анықталып, олардың ауытқуы полиморфизмдердің пайда болу жиілігі SNP үшін А тобында 0,205-0,411, В тобында 0,92-0,418, С тобында 1,4-тен 2,381-ге дейін, ал индель А тобында 0,05-0,06 В тобында 0,50-1,0, С тобында 0,2-тен 4,1-ге дейін өзгерістер байқаймыз.

Алғыс. Авторлар зерттеу жүргізуге деректер бергені және көмек көрсеткені үшін Ветеринария бойынша Ұлттық Референттік Орталықтың зертханасының қызметкерлеріне шын жүректен алғыс білдіреді. Сондай-ақ, авторлар осы зерттеудің нәтижелерін жариялауға мүмкіндік бергені үшін ғылыми журналдың редакциялық алқасына алғыс білдіреді.

Қаржыландыру. Авторлар бұл зерттеу үшін қосымша қаржыландыру алмағанын мәлімдейді.

Пайдаланылған әдебиеттер тізімі

1. Г.Г. Онищенко, И.В. Дармов, С.В. Борисевич. Сібір жарасы: Медициналық қорғаныс құралдарын әзірлеу мен енгізудің өзекті мәселелері/ 2-ші басылым, түзетілген және кеңейтілген. — Санкт-Петербург, 2018. — 592 б.[Sibirskaya yazva: aktual'nye problemy razrabotki i vnedreniya medicinskih sredstv zashchity / pod red. GG Onishchenko, IV Darmova, SV Borisevicha. 2-e izd., ispr. idop. Sankt-Peterburg; 2018. 592 s. (In Russ.)]
2. Rotz, L. D., Khan, A. S., Lillibridge, S. R., Ostroff, S. M., & Hughes, J. M. (2002). Public health assessment of potential biological terrorism agents. *Emerging Infectious Diseases*, 8(2), 225–230. <https://doi.org/10.3201/eid0802.010164>
3. Aikembayev, A. M., Lukhnova, L., Temiraliyeva, G., Meka-Mechenko, T., Pazylov, Y., Zakaryan, S., Denisov, G., Easterday, W. R., Van Ert, M. N., Keim, P., Francesconi, S. C., Blackburn, J. K., Hugh-Jones, M., & Hadfield, T. (2010). Historical distribution and molecular diversity of *Bacillus anthracis*, Kazakhstan. *Emerging Infectious Diseases*, 16(5), 789–796. <https://doi.org/10.3201/eid1605.091427>
4. Bruce, S. A., Schiraldi, N. J., Kamath, P. L., Easterday, W. R., & Turner, W. C. (2020). A classification framework for *Bacillus anthracis* defined by global genomic structure. *Evolutionary Applications*, 13(5), 935–944. <https://doi.org/10.1111/eva.12911>
5. Leendertz, F. H., Ellerbrok, H., Boesch, C., Couacy-Hymann, E., Mätz-Rensing, K., Hakenbeck, R., Bergmann, C., Abaza, P., Junglen, S., Moebius, Y., Vigilant, L., Formenty, P., & Pauli, G. (2004). Anthrax kills wild chimpanzees in a tropical rainforest. *Nature*, 430(6998), 451–452. <https://doi.org/10.1038/nature02722>
6. Klee, S. R., Brzuszkiewicz, E. B., Nattermann, H., Brüggemann, H., Dupke, S., Wollherr, A., Franz, T., Pauli, G., Appel, B., Liebl, W., Couacy-Hymann, E., Boesch, C., Meyer, F. D., Leendertz, F. H., Ellerbrok, H., Gottschalk, G., Grunow, R., & Liesegang, H. (2010). The genome of a *Bacillus* isolate causing anthrax in chimpanzees combines chromosomal properties of *B. cereus* with *B. anthracis* virulence plasmids. *PLoS One*, 5(7), e10986. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0010986>

7. Van Ert, M. N., Easterday, W. R., Huynh, L. Y., Okinaka, R. T., Hugh-Jones, M. E., Ravel, J., Zanecki, S. R., Pearson, T., Simonson, T. S., U'Ren, J. M., Kachur, S. M., Leadem-Dougherty, R. R., Rhoton, S. D., Zinser, G., Farlow, J., Coker, P. R., Smith, K. L., Wang, B., Kenefic, L. J., ... Keim, P. (2007). Global genetic population structure of *Bacillus anthracis*. *PLoS One*, 2(5), e461. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000461>
8. Eremenko, E. I., Pechkovskii, G. A., Pisarenko, S. V., Ryazanova, A. G., Kovalev, D. A., & others. (2021). Phylogenetics of *Bacillus anthracis* isolates from Russia and bordering countries. *Infection, Genetics and Evolution*, 92, 10489. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.104890>
9. Еременко Е. И., Рязанова А. Г., Печковский Г. А., Писаренко С. В., Ковалев Д. А., Аксенова Л. Ю., Семенова О. В., & Куличенко А. Н. (2024). *Bacillus anthracis*-тің негізгі генетикалық желілерінің спора түзу ерекшеліктері. Өте қауіпті инфекциялар мәселелері, 2, 76–82. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2024-2-76-82> [Eremenko, E. I., Ryazanova, A. G., Pechkovskiy, G. A., Pisarenko, S. V., Kovalev, D. A., Aksenova, L. Yu., Semenova, O. V., & Kulichenko, A. N. (2024). Spore formation features of main genetic lineages of *Bacillus anthracis*. *Problems of Particularly Dangerous Infections*, 2, 76–82. [in Russian]]
10. Першина, Е., Иванова, Е., Нагиева, А., Жиенгалиев, А., Чирак, Е., Андронов, Е., Сергалиев, Н. (2016). Сравнительный анализ микробиомов природных и антропогенно нарушенных почв северо-западного Казахстана. *Почвоведение*, 720–732. <https://doi.org/10.7868/S0032180X16060095>
11. Goncharova, Y. O., Bogun, A. G., Bahtejeva, I. V., et al. (2022). Allelic polymorphism of anthrax pathogenicity factor genes as a means of estimating microbiological risks associated with climate change. *Applied Biochemistry and Microbiology*, 58(4), 382–393. <https://doi.org/10.1134/S0003683822040056>
12. И.С. Бейшова, Д.А. Гриценко, М.Х. Шамекова, А.С. Пожарский, Т.В. Ульянова, А.М. Ковальчук. Тұтас геномдық SNP талдауын қолдана отырып, үй жылқы тұқымдарының генетикалық әртүрлілігін зерттеу. *Ізденістер, нәтижелер № (99)2023*, ISSN 2304-3334. 48-50. <https://doi.org/10.37884/3-2023/05>
13. Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
14. Olani, A., Galante, D., Lakew, M., Wakjira, B. S., Mekonnen, G. A., Rufael, T., Teklemariam, T., Kumilachew, W., Dejene, S., Woldemeskel, A., Wakjira, A., Abichu, G., Ashenafi, B., Kebede, N., Haile, A. F., Bari, F. D., Del Sambro, L., & Egual, T. (2025). Identification of *Bacillus anthracis* strains from animal cases in Ethiopia and genetic characterization by whole-genome sequencing. *Pathogens*, 14(1), 39. <https://doi.org/10.3390/pathogens14010039>
15. Cieřlik, P., Knap, J., Kołodziej, M., Mirski, T., Joniec, J., Graniak, G., Żakowska, D., Winnicka, I., & Bielawska-Drózd, A. (2015). Real-time PCR identification of unique *Bacillus anthracis* sequences. *Folia Biologica (Praha)*. <https://doi.org/10.14712/fb2015061050178>
16. Graniak, G., Olender, A., & Naylor, K. (2020). Differentiation of *Bacillus anthracis* and other *Bacillus cereus* group bacterial strains using multilocus sequence typing method. *Acta Universitatis Lodzensis. Folia Biologica et Oecologica*, 16(2). <https://doi.org/10.18778/1730-2366.16.02>
17. Anisimova, E. A., Fakhrutdinov, N. A., Mirgazov, D. A., Dodonova, E. A., Elizarova, I. A., Gorbunova, M. E., Khammadvov, N. I., Zainullin, L. I., & Osyanin, K. A. (2022). *Bacillus anthracis* strain differentiation based on SNP and VNTR loci. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 26(6), 560–567. <https://doi.org/10.18699/VJGB-22-68>

References

1. G.G. Onishchenko, I.V. Darmova, S.V. Borisevicha. *Sibirskaya yazva: aktual'nye problemy razrabotki i vnedreniya medicinskih sredstv zashchity / pod red.2-e izd., ispr. idop.* Sankt-Peterburg; 2018. 592 s.[In Russ.]

2. Rotz, L. D., Khan, A. S., Lillibridge, S. R., Ostroff, S. M., & Hughes, J. M. (2002). Public health assessment of potential biological terrorism agents. *Emerging Infectious Diseases*, 8(2), 225–230. <https://doi.org/10.3201/eid0802.010164>
3. Aikembayev, A. M., Lukhnova, L., Temiraliyeva, G., Meka-Mechenko, T., Pazylov, Y., Zakaryan, S., Denissov, G., Easterday, W. R., Van Ert, M. N., Keim, P., Francesconi, S. C., Blackburn, J. K., Hugh-Jones, M., & Hadfield, T. (2010). Historical distribution and molecular diversity of *Bacillus anthracis*, Kazakhstan. *Emerging Infectious Diseases*, 16(5), 789–796. <https://doi.org/10.3201/eid1605.091427>
4. Bruce, S. A., Schiraldi, N. J., Kamath, P. L., Easterday, W. R., & Turner, W. C. (2020). A classification framework for *Bacillus anthracis* defined by global genomic structure. *Evolutionary Applications*, 13(5), 935–944. <https://doi.org/10.1111/eva.12911>
5. Leendertz, F. H., Ellerbrok, H., Boesch, C., Couacy-Hymann, E., Mätz-Rensing, K., Hakenbeck, R., Bergmann, C., Abaza, P., Junglen, S., Moebius, Y., Vigilant, L., Formenty, P., & Pauli, G. (2004). Anthrax kills wild chimpanzees in a tropical rainforest. *Nature*, 430(6998), 451–452. <https://doi.org/10.1038/nature02722>
6. Klee, S. R., Brzuszkiewicz, E. B., Nattermann, H., Brüggemann, H., Dupke, S., Wollherr, A., Franz, T., Pauli, G., Appel, B., Liebl, W., Couacy-Hymann, E., Boesch, C., Meyer, F. D., Leendertz, F. H., Ellerbrok, H., Gottschalk, G., Grunow, R., & Liesegang, H. (2010). The genome of a *Bacillus* isolate causing anthrax in chimpanzees combines chromosomal properties of *B. cereus* with *B. anthracis* virulence plasmids. *PLoS One*, 5(7), e10986. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0010986>
7. Van Ert, M. N., Easterday, W. R., Huynh, L. Y., Okinaka, R. T., Hugh-Jones, M. E., Ravel, J., Zanecki, S. R., Pearson, T., Simonson, T. S., U'Ren, J. M., Kachur, S. M., Leadem-Dougherty, R. R., Rhoton, S. D., Zinser, G., Farlow, J., Coker, P. R., Smith, K. L., Wang, B., Kenefic, L. J., ... Keim, P. (2007). Global genetic population structure of *Bacillus anthracis*. *PLoS One*, 2(5), e461. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000461>
8. Eremenko, E. I., Ryazanova, A. G., Pechkovskii, G. A., Pisarenko, S. V., Kovalev, D. A., Aksenova, L. Y., Semenova, O. V., & Kulichenko, A. N. (2024). Sporulation features of major genetic lineages of *Bacillus anthracis*. *Problems of Particularly Dangerous Infections*, (2), 76–82. <https://doi.org/10.21055/0370-1069-2024-2-76-82>
9. Eremenko, E. I., Pečkovskij, G. A., Pisarenko, S. V., Râzanova, A. G., Kovalev, D. A., et al. (2021). Phylogenetics of *Bacillus anthracis* isolates from Russia and bordering countries. *Infection, Genetics and Evolution*, 92, 10489. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2021.104890>
10. Pershina, E., Ivanova, E., Nagieva, A., Zhiengaliev, A., Chirak, E., Andronov, E., Sergaliev, N. (2016). Sravnitel'nyi analiz mikrobiomov prirodnykh i antropogenno-narushennykh pochv severo-zapadnogo Kazakhstana. *Pochvovedenie*. 720–732. <https://doi.org/10.7868/S0032180X16060095>
11. Goncharova, Y. O., Bogun, A. G., Bahtejeva, I. V., et al. (2022). Allelic polymorphism of anthrax pathogenicity factor genes as a means of estimating microbiological risks associated with climate change. *Applied Biochemistry and Microbiology*, 58(4), 382–393. <https://doi.org/10.1134/S0003683822040056>
12. Bejšova S., Gricenko D. A., Šamekova M. H., Požarskij A. S., Uljanova T. V., Koval'čuk A. M. Study of genetic diversity of domestic horse breeds using whole genome SNP analysis. *Research, results*. No. 3(99), 2023, ISSN 2304-3334. 48–50. <https://doi.org/10.37884/3-2023/05>
13. Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
14. Olani, A., Galante, D., Lakew, M., Wakjira, B. S., Mekonnen, G. A., Rufael, T., Teklemariam, T., Kumilachew, W., Dejene, S., Woldemeskel, A., Wakjira, A., Abichu, G., Ashenafi, B., Kebede, N., Haile, A. F., Bari, F. D., Del Sambro, L., & Eguale, T. (2025). Identification of *Bacillus anthracis* strains from animal cases in Ethiopia and genetic

characterization by whole-genome sequencing. Pathogens, 14(1), 39. <https://doi.org/10.3390/pathogens14010039>

15. Cieřlik, P., Knap, J., Kołodziej, M., Mirski, T., Joniec, J., Graniak, G., Źakowska, D., Winnicka, I., & Bielawska-Dróžd, A. (2015). Real-time PCR identification of unique *Bacillus anthracis* sequences. Folia Biologica (Praha). <https://doi.org/10.14712/fb2015061050178>

16. Graniak, G., Olender, A., & Naylor, K. (2020). Differentiation of *Bacillus anthracis* and other *Bacillus cereus* group bacterial strains using multilocus sequence typing method. Acta Universitatis Lodziensis. Folia Biologica et Oecologica, 16(2). <https://doi.org/10.18778/1730-2366.16.02>

17. Anisimova, E. A., Fakhrutdinov, N. A., Mirgazov, D. A., Dodonova, E. A., Elizarova, I. A., Gorbunova, M. E., Khammadoov, N. I., Zainullin, L. I., & Osyanin, K. A. (2022). *Bacillus anthracis* strain differentiation based on SNP and VNTR loci. Vavilov Journal of Genetics and Breeding, 26(6), 560–567. <https://doi.org/10.18699/VJGB-22-68>

Ж.М. Орал^{1,2}, А.Р.Сансызбай², Е.Қ.Пазылов¹, М.А.Бердикулов¹, Г.К. Мусаева^{*1}

¹КВК и Н МСХ РК «Референтный центр по ветеринарии» Казахстан, г.Алматы, musaeva___1984@mail.ru*

²Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Казахстан, г.Алматы.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ШТАММОВ *BACILLUS ANTHRACIS* В КАЗАХСТАНЕ

Аннотация

Настоящая статья основана на сравнении результатов различных проверенных исследований и тенденций изменения молекулярно-генетических характеристик штаммов *Bacillus anthracis* за последние годы. В глобальной филогенетической структуре *B. anthracis* делится на три основные генетические группы: А, В и С. Распределение трех групп штаммов неравномерно: около 90% принадлежат к группе А, 10% к группе В и 0,1% к группе С. Из 35 белков в основной генетической группе А 8 являются вариabельными, остальные являются референтными штаммами, Spo0J - это единственный ген, но ген штамма Tsiankovskii-1 SNP 705T→C синонимичен этому гену. Spo0M - это ген с размерами 252 и 251 пн. Последний из генов отличается делецией Т67, делецией генов 198-200. SpoIID - это два гена, референт и штамм 351/520 (canSNP-группа A.Br.Aust94) синонимичны этому гену SNP 927C→T. SpoVAD – негомологичный вариант 338 hpi во всех штаммах группы А. Консерватизм в группах штаммов *B. anthracis* характерен также для белков SpoIIE, белка споруляции фазы II P, SpoIIR, SpoIIAA, SpoIIAB, SpoIIAE, SpoIIAG, SpoIIID, SpoIVFA, SpoIVFB, SpoVAA, SpoVAE, SpoVID, CdaS, YlbJ, KinA. Напротив, KinB, вторая основная сенсорная гистидинкиназа, присутствует в трёх генах штаммов *B. anthracis* группы А.

Ключевые слова: *Bacillus anthracis*, GenBank NCBI, штамм, ген, белки, делеция.

Zh.. Oral^{1,2}, A.R. Sansyzbay², E.K. Pazylov¹, M.A. Berdikulov¹ G.K. Mussayeva¹

¹National Reference Center for Veterinary Medicine of the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Kazakhstan, musaeva___1984@mail.ru*

²Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan.

GENETIC CHARACTERISTICS OF *BACILLUS ANTHRACIS* STRAINS IN KAZAKHSTAN

Abstract

This article is based on a comparison of the course and changes in the molecular and genetic characteristics of *Bacillus anthracis* strains in recent years, the effectiveness of new methods and the results of various proven research papers. In the global phylogenetic structure, *B. anthracis* is divided into three main genetic groups: A, B, and C. The distribution of the three groups of strains is uneven: about 90% belong to group A, while 10% belong to group B and 0.1% belong to group C. They make up a small part. Of the 35 main genetic proteins of group A, 8 are variable, the rest are reference strains, Spo0J is one variant, but the gene of the Tsiankovskii-1 SNP 705t→C strain is

synonymous with this gene. Spo0M has two variants of sizes 252 and 251 hp, the latter is distinguished by a deletion of T67, a deletion of the 198-200 gene. SpoIID is two variants, reference and 351/520 (canSNP group A. Br.Aust94), which is a synonym for SNP 927C→Tc2, respectively. SpoVAD-338 hp. The speed of two non-homologous variants is found in all strains of group A. The conservation of proteins SpoIIE, phase II of sporulation P, SpoIIR, SpoIIAA, SpoIIAB, SpoIIAE, SpoIIAG, SpoIIID, SpoIVFA, SpoIVFB, SpoVAA, SpoVAE, SpoVID, CdaS, YlbJ, and KinA is also characteristic of group strains of *B. anthracis*. In contrast, KinB is present in three genes in group A of the sensor histidine kinases of *B. anthracis* strains.

Key words: *Bacillus anthracis*, GenBank NCBI, strain, gene, proteins, deletion.

Авторлардың үлесі. Ж.М. Орал — зерттеу тұжырымдамасын әзірлеу, деректерді талдау, мәтін жазу, редакциялық алқамен жұмыс істеу, деректерді талдау, мақала дайындау; А.Р. Сансызбай —мақала дизайнын құрастыру; Е.Қ. Пазылов - зерттеу тұжырымдамасы, М.А. Бердикулов, Г.К. Мусаева — редакцияға беру, тексеру; визуализация. Барлық авторлар мақаланы дайындауға айтарлықтай үлес қосты және барлығымен мақұлдады.

MPNТИ 68.39.13

DOI <https://doi.org/10.37884/4-2025/08>

*А.М. Омбаев*¹, И.С.Бейшева², Б.С.Арынгазиев³, К.Б.Омашев⁴*

¹НАК «Казахский национальный аграрный исследовательский университет», город Алматы, Республика Казахстан, abdi_rahman@mail.ru*

²НАК «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», город Уральск, Республика Казахстан, indira_bei@mail.ru

³РГП на ПХВ «Институт генетики и физиологии», город Алматы, Республика Казахстан, berik_aryngaziev@mail.ru

⁴Республиканская палата «Грубошерстное (едилбайская, казахская курдючная грубошерстная, ордабасы, сары-арка) курдючного направления продуктивности овец», город Талдыкорган, Республика Казахстан, okairly@mail.ru

ОСОБЕННОСТИ РОСТА И РАЗВИТИЯ ОРДАБАСИНСКОЙ ПОРОДЫ ОВЕЦ В ЖЕТИСУСКОМ РЕГИОНЕ КАЗАХСТАНА

Аннотация

В статье представлены результаты изучения показателей роста, развития и экстерьера овец ордабасинской породы мясо- сального направления продуктивности в условиях крестьянского хозяйства «Шүкейт-Ата» Панфиловского района Жетысуской области. Проведен комплексный анализ живой массы и биометрических параметров животных разных половозрастных групп, определены индексные показатели телосложения, характеризующие уровень развития костяка, грудной клетки, пропорциональность и сбалансированность строения тела. Установлено, что ордабасинская порода обладает высокой скороспелостью, устойчивым приростом живой массы, крепкой конституцией и ярко выраженными мясными формами, соответствующими требованиям современного овцеводства. Полученные данные подтверждают высокую адаптивность и генетический потенциал породы в условиях пастбищного содержания и позволяют рекомендовать её для дальнейшего разведения в различных природно-климатических зонах Казахстана. Ордабасинская порода представляет собой ценный селекционный ресурс для устойчивого развития овцеводства, обладая высокой продуктивностью, экологической пластичностью и экономической эффективностью.