



ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ
ПРЕЗИДЕНТІНІҢ ЖАНЫНДАҒЫ
ҰЛТТЫҚ ҒЫЛЫМ
АКАДЕМИЯСЫ

№04

ISSN 2304-3334
№04(112)2026



ІЗДЕНІСТЕР, НӘТИЖЕЛЕР

Ғ Ы Л Ы М И Ж У Р Н А Л



ИССЛЕДОВАНИЯ, РЕЗУЛЬТАТЫ

Н А У Ч Н Ы Й Ж У Р Н А Л



RESEARCH, RESULTS

S C I E N T I F I C J O U R N A L

АЛМАТЫ

**KAZAKH NATIONAL AGRARIAN RESEARCH UNIVERSITY
NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF KAZAKHSTAN UNDER THE PRESIDENT OF THE
REPUBLIC OF KAZAKHSTAN**

**ҚАЗАҚ ҰЛТТЫҚ АГРАРЛЫҚ ЗЕРТТЕУ УНИВЕРСИТЕТІ
ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ ПРЕЗИДЕНТІНІҢ ЖАНЫНДАҒЫ
ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ ҰЛТТЫҚ ҒЫЛЫМ АКАДЕМИЯСЫ**

**КАЗАХСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ АГРАРНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ
НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН
ПРИ ПРЕЗИДЕНТЕ РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН**

Research, results	Ізденістер, нәтижелер	Исследования, результаты
Published since 1999.	Издается с 1999 г. Том	Издается с 1999 г.
Volume 28. No.112. 2026	28. No.112. 2026	Том 28. No.112. 2026

Зарегистрировано в Министерстве информации и общественного согласия РК.
Свидетельство об учетной регистрации №482-Ж от 25 ноября 1998 года.
Зарегистрировано в Международном центре регистрации серийных изданий ISSN
(ЮНЕСКО, Париж, Франция). ISSN 2304–3334.

Приказом №148 от 27.12.2022 г. Комитета по обеспечению качества в сфере науки и высшего образования МНВО РК научный журнал «Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты» КазНАИУ включен в Перечень изданий, рекомендуемых для публикации основных результатов научной деятельности (сельскохозяйственные науки).

С целью объединения усилий, продвижения и популяризации результатов научных изысканий казахстанских ученых в мировом сообществе, согласно Соглашения №27 от 15 августа 2023 года НАО «Казахский национальный аграрный исследовательский университет» совместно с НАО «Национальная академия наук Республики Казахстан при Президенте Республики Казахстан» издает научный журнал «Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты».

EDITORIAL BOARD**EDITOR-IN-CHIEF:**

Akhylbek Kazhigulovich Kurishbayev — Editor-in-Chief, Doctor of Agricultural Sciences, Professor, President of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan under the President of the Republic of Kazakhstan, Academician; (Scopus h-9)

DEPUTY EDITOR-IN-CHIEF:

Primkul Sholpankulovich Ibragimov — Deputy Editor-in-Chief, Doctor of Veterinary Sciences, Professor; (Scopus h-3)

EDITORIAL TEAM:

Abilai Ryspaevich Sansyzbay — Doctor of Veterinary Sciences, Professor, Kazakh National Agrarian Research University. (Scopus h-16)

Nurzhan Biltebaikyzy Sarsembayeva — Doctor of Veterinary Sciences, Professor, Kazakh National Agrarian Research University. (Scopus h-8)

Akhmetzhan Akievich Sultanov — Doctor of Veterinary Sciences, Professor, Kazakh National Agrarian Research University, Director of the Department of Science; (Scopus h-12)

Sobiech Przemyslaw Hubert — Doctor of Veterinary Sciences, Professor, University of Warmia and Mazury in Olsztyn, Poland; (Scopus h-12)

Andrey Pavlinovich Bogoyavlensky — Doctor of Biological Sciences, Professor, “Research and Production Center of Microbiology and Virology” LLP; (Scopus h-16)

Iancu Ionica Mihaela — Associate Professor, PhD, Faculty of Veterinary Medicine, Banat University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine “King Michael I of Romania”, Timișoara, Romania. Specialization: veterinary sciences, microbiology, infectious diseases, antimicrobial resistance; (Web of Science - 8).

Jan MICIŃSKI — PhD, University of Warmia and Mazury, Poland; (Scopus h-8)

Aibyn Adepkhanovich Torekhanov — Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Chairman of the Board of “Kazakh Research Institute of Animal Husbandry and Fodder Production” LLP; (Scopus h-3)

Kairat Zhaleluly Iskhan — Candidate of Agricultural Sciences, Professor of the “Department of Animal Biology” named after Academician N.O. Bazanova, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-4)

Sholpan Rakhimbekovna Adykanova — Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Department of Zooengineering and Biotechnology, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-5)

Koray Kırıkçı — Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Department of Animal Science, Faculty of Agriculture, Ahi Evran University, Turkey; (Scopus h-6)

Temirzhan Yerkasovich Aitbayev — Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Academician, Chairman of the Board of “Kazakh Research Institute of Fruit and Vegetable Growing” LLP; (Scopus h-5)

Sholpan Orazovna Bastaubayeva — Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Chairman of the Board of “Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing” LLP; (Scopus h-8)

Bakhytzhan Alisherovich Duisembekov — Candidate of Biological Sciences, Chairman of the Board of “Kazakh Research Institute of Plant Protection and Quarantine named after Zhazken Zhiembaev” LLP; (Scopus h-7)

Erlan Bozanbayuly Dutbayev — Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor at the “Department of Plant Protection and Quarantine”, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-9)

Aigul Absultanovna Zhapparova — Candidate of Agricultural Sciences, Professor at the “Department of Soil Science, Agrochemistry and Ecology”, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-6)

Ashimkhan Toktasynovich Kanaev — Doctor of Biological Sciences, Professor at the “Department of Soil Science, Agrochemistry and Ecology”, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-4)

Fabián G.Fernández — PhD, Professor, University of Minnesota, USA; (Scopus h-28)

Elmira Saljnikov — PhD, Professor, University of Belgrade, Serbia; Professor at the Institute of Multidisciplinary Research; (Scopus h-14)

Askhat Khamitovich Naushabayev — PhD, Associate Professor at the “Department of Soil Science, Agrochemistry and Ecology”, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-4)

Wenfeng Liu - PhD, Professor, China Agricultural University; (Scopus h-39)

Mukhamadkhan Khamidov — Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Tashkent Institute of Irrigation and Agricultural Mechanization Engineers, Uzbekistan; (Scopus h-14)

Ainur Yesirkepovna Aldiyarova — PhD, Associate Professor, Kazakh National Agrarian Research University;

(Scopus h-4)

Kanat Kurmanovich Anuarbekov — PhD, Associate Professor, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-5)

Azamat Sansyrbayevich Madibekov — PhD, Associate Professor, Head of the Laboratory “Hydrochemistry and Environmental Toxicology”, Institute of Geography and Water Security; (Scopus h-8)

Dani Nurgisaevna Sarsekova — Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Dean of the Faculty of Forestry and Land Resources, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-8)

Aizhan Naskenovna Zhildikbayeva — PhD, Associate Professor, Department of Land Resources and Cadastre, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-7)

Daniyar Akhmetovich Dosmanbetov — PhD, Associate Professor, Leading Researcher at the Almaty Branch of the “Kazakh Research Institute of Forestry and Agroforestry named after A.N. Bokeikhan” LLP; (Scopus h-10)

Sezgin AYAN — Professor, PhD, Kastamonu University, Faculty of Forestry, Head of the Department of Silviculture, Turkey (Scopus h-14)

Roman Vladimirovich Shults — PhD, Professor, King Fahd University of Petroleum and Minerals, Saudi Arabia; (Scopus h-11)

Komil Dullievich Astanakulov — Doctor of Technical Sciences, Head of the Department of Agricultural Machinery and Technologies, National Research University “Tashkent Institute of Irrigation and Agricultural Mechanization Engineers”, Uzbekistan; (Scopus h-20)

Saykhat Orazovich Nukeshov — Doctor of Technical Sciences, Professor at S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Department of Technical Mechanics; (Scopus h-8)

Marat Zhalelovich Khazimov — Candidate of Technical Sciences, Professor of the Department of Energy and Electrical Engineering, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-5)

Daskalov Plamen — PhD, Professor, University of Ruse “Angel Kanchev”, Vice-Rector for Development Coordination and Continuing Education, Bulgaria; (Scopus h-10)

Abdurakhim Suleimanovich Berdyshev — Doctor of Technical Sciences, Professor, Department of Energy and Electrical Engineering, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-8)

Anatoly Nikolaevich Ostrikov — Doctor of Technical Sciences, Professor, Voronezh State University of Engineering Technologies, Head of the Department of Processes and Apparatus of Chemical and Food Production; (Scopus h-7)

Liviu Gaceu - Professor, Transilvania University of Braşov, Romania; (Scopus h-9)

Aigul Kulakhmetovna Timurbekova — Candidate of Technical Sciences, Professor of the Department of Food Technology and Safety, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-9)

Maksat Risbekovich Toyshimanov — PhD, Senior Lecturer in the Department of Food Technology and Safety, Kazakh National Agrarian Research University; (Scopus h-8)

Gulmira Serikbaykyzy Kenenbai — Candidate of Technical Sciences, Associate Professor, “Kazakh Research Institute of Processing and Food Industry” LLP (Scopus h-5)

Scientific Journal “Research, Results”

Publication frequency: 6 issues per year

Languages: Kazakh, Russian, English

DOI prefix: 10.37884

ISSN: 2304-3334.

Scope: “Stock-Raising and Veterinary”; “Agriculture, Agrochemical, Feed Production, Agroecology”; “Water, Land, and Forest Resources”; “Agriculture Mechanization and Electrification”.

Distribution: Materials are distributed under the Creative Commons Attribution 4.0

Website: <https://journal.kaznaru.edu.kz>

Founder/Publisher: Kazakh National Agrarian Research University; National Academy of Sciences of Kazakhstan under the President of the Republic of Kazakhstan

Copyright: © Research, Results, 2026

РЕДАКЦИЯ

БАС РЕДАКТОР:

Куришбаев Ахылбек Кажигулович — бас редактор, ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, профессор, ҚР Президенті жанындағы ҚР Ұлттық ғылым академиясының президенті, академик; (Scopus h-9)

БАС РЕДАКТОРДЫҢ ОРЫНБАСАРЫ:

Ибрагимов Примкул Шолпанкулович — бас редактордың орынбасары, ветеринария ғылымдарының докторы, профессор; (Scopus h-3)

РЕДАКЦИЯЛЫҚ АЛҚА:

Сансызбай Абылай Рыспаевич — ветеринария ғылымдарының докторы, профессор. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті; (Scopus h-16)

Сарсембаева Нуржан Білтебайқызы — ветеринария ғылымдарының докторы, профессор. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті; (Scopus h-8)

Султанов Ахметжан Акиевич — ветеринария ғылымдарының докторы, профессор, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, Ғылым департаментінің директоры; (Scopus h-12)

Sobiech Przemyslaw Hubert — ветеринария ғылымдарының докторы, профессор. Олыштындағы Вармин-Мазур университеті, Польша; (Scopus h-12)

Богоявленский Андрей Павлович — биология ғылымдарының докторы, профессор. «Микробиология және вирусология ғылыми-өндірістік орталығы» ЖШС; (Scopus h-16)

Iancu Ionica Mihaela — доцент, PhD., Король Михай I атындағы Банат ауылшаруашылық ғылымдары және ветеринарлық медицина университетінің Ветеринарлық медицина факультеті (Тимишоара, Румыния). Мамандану салалары: ветеринария ғылымдары, микробиология, жұқпалы аурулар, микробқа қарсы төзімділік; (Web of Science-8).

Jan MICIŃSKI — PhD, Вармин-Мазур университеті, Польша; (Scopus h-8)

Тореханов Айбын Адепханович — ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, профессор, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндіру ғылым-зерттеу институты» ЖШС Басқарма төрағасы; (Scopus h-3)

Исхан Кайрат Жәлелұлы — ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, академик Н.О. Базанова атындағы «Жануарлар биологиясы» кафедрасының профессоры; (Scopus h-4)

Адылканова Шолпан Рахимбековна — ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, зооинженерия және биотехнология кафедрасының профессоры; (Scopus h-5)

Корай Кырыкчы — ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы. Ахи Эвран университетінің ауыл шаруашылығы факультетінің зоотехния кафедрасының профессоры (Түркия); (Scopus h-6)

Айтбаев Темиржан Еркасович — ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, профессор, академик, «Қазақ жеміс-көкөніс шаруашылығы ҒЗИ» ЖШС Басқарма төрағасы; (Scopus h-5)

Бастаубаева Шолпан Оразовна — ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор. «Қазақ егіншілік және Өсімдік шаруашылығы ҒЗИ» ЖШС басқарма төрағасы; (Scopus h-8)

Дуйсембеков Бахытжан Әлішерович — биология ғылымдарының кандидаты, «Жазкен Жиембаев атындағы өсімдіктерді қорғау және карантин Қазақ ғылыми-зерттеу институты» ЖШС Басқарма төрағасы; (Scopus h-7)

Дутбаев Ерлан Бозанбайұлы — ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті. Бау-бақша, өсімдіктерді қорғау және карантин кафедрасының қауымдастырылған профессоры; (Scopus h-9)

Жаппарова Айгүл Абсултановна — ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, профессор. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті. Топырақтану, агрохимия және экология кафедрасының профессоры; (Scopus h-6)

Канаев Ашимхан Токтасынович — биология ғылымдарының докторы, профессор. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті. Топырақтану, агрохимия және экология кафедрасының профессоры; (Scopus h-4)

Fabián G.Fernández — философия докторы, профессор. Миннесота университетінің профессоры (Америка Құрама Штаттары); (Scopus h-28)

Elmira Saljnikov — философия докторы, профессор. Белград Университеті, Белград, Сербия. Көпсалалы зерттеулер институтының ғылыми қызметкері (профессор). (Scopus h-14)

Наушабаев Асхат Хамитович — PhD, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті. «Топырақтану, агрохимия және экология» кафедрасының қауымдастырылған профессоры; (Scopus h-4)

Wenfeng Liu — PhD, профессор. Қытай ауылшаруашылық университеті (China Agricultural University); (Scopus h-39)

Хамидов Мухамадхан — ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, профессор. Ташкент суару және ауыл шаруашылығын механикаландыру инженерлері институты, Өзбекстан; (Scopus h-14)

Алдиярова Айнура Есиркеповна — PhD, қауымдастырылған профессор. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті; (Scopus h-4)

Ануарбеков Канат Курманович — PhD, қауымдастырылған профессор. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті; (Scopus h-5)

Мадиев Азамат Сансызбаевич — PhD, қауымдастырылған профессор. «Гидрохимия және экологиялық токсикология» зертханасының жетекшісі, География және су қауіпсіздігі институты; (Scopus h-8)

Сарсекова Дани Нургисаевна — ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, профессор, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, «Орман шаруашылығы және жер ресурстары» факультетінің деканы; (Scopus h-8)

Жилдикбаева Айжан Наскеновна — PhD, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, «Жер ресурстары және кадастр» кафедрасының қауымдастырылған профессоры; (Scopus h-7)

Досманбетов Данияр Ахметович — PhD, қауымдастырылған профессор, «Ә. Н. Бөкейхан атындағы орман шаруашылығы және агроорман шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты» ЖШС Алматы филиалының жетекші ғылыми қызметкері; (Scopus h-10)

Sezgin AYAN — доктор профессор, Кастамону университеті, орман шаруашылығы факультеті, орман шаруашылығы бөлімінің меңгерушісі (Түркия); (Scopus h-14)

Шульц Роман Владимирович — PhD, профессор. Король Фадх атындағы Мұнай және минералдар университеті, Сауд Арабиясы; (Scopus h-11)

Астанакулов Комил Дуллиевич — техника ғылымдарының докторы. Өзбекстанның «Ташкент ирригация және ауыл шаруашылығын механикаландыру инженерлері институты» Ұлттық зерттеу университетінің «Ауыл шаруашылығы техникасы және технологиясы» кафедрасының меңгерушісі; (Scopus h-20)

Нукешов Саяхат Оразович — техника ғылымдарының докторы, профессор. С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті. «Техникалық механика» кафедрасының профессоры; (Scopus h-8)

Хазимов Марат Жалелович — техника ғылымдарының кандидаты. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, «Энергетика және электротехника» кафедрасының профессоры; (Scopus h-5)

Daskalov Plamen — PhD, профессор, Ангел Кънчев атындағы Русе Университеті, даму, үйлестіру және біліктілікті арттыру жөніндегі проректор, Болгария; (Scopus h-10)

Бердышев Абдурахим Сулейманович — техника ғылымдарының докторы, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, «Энергетика және электротехника» кафедрасының профессоры; (Scopus h-8)

Остриков Анатолий Николаевич — техника ғылымдарының докторы, профессор. Воронеж мемлекеттік инженерлік технологиялар университеті (РФ), «Химиялық және тамақ өндірісінің процестері мен аппараттары» кафедрасының меңгерушісі; (Scopus h-7)

Ливню Гачео — профессор Трансильван университетінің профессоры (Брашов к., Румыния); (Scopus h-9)

Тимурбекова Айгуль Кулахметовна — техника ғылымдарының кандидаты. Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, «Тамақ өнімдерінің технологиясы және қауіпсіздігі» кафедрасының профессоры; (Scopus h-9)

Тойшиманов Максат Рисбекович — PhD, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, «Тамақ өнімдерінің технологиясы және қауіпсіздігі» кафедрасының аға оқытушысы; (Scopus h-8)

Кененбай Гүлмира Серікбайқызы — техника ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор (доцент). «Қазақ қайта өңдеу және тамақ өнеркәсібі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС; (Scopus h-5)

«Зерттеулер, нәтижелер» ғылыми журналы

Жиілігі: жылына 6 шығарылым.

Басылым тілі: қазақ, орыс, ағылшын.

Префикс DOI: 10.37884

ISSN: 2304-3334.

Тақырыптық бағыты: «мал шаруашылығы және ветеринария»; «егіншілік, агрохимия, жемшөп өндірісі, агроэкология»; «су, жер және орман ресурстары»; «ауыл шаруашылығын механикаландыру және электрлендіру».

Тарату: материалдар Creative Commons Attribution 4.0 лицензиясы бойынша таратылады

Веб-сайт: <https://journal.kaznaru.edu.kz>

Құрылтайшысы / баспагері: Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті; Қазақстан Республикасы Президентінің жанындағы Қазақстан Республикасының Ұлттық Ғылым академиясы

Авторлық құқық: © Зерттеулер, нәтижелер, 2026

РЕДАКЦИЯ**ГЛАВНЫЙ РЕДАКТОР:**

Куришбаев Ахылбек Кажигулович — главный редактор, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, Президент Национальной академии наук РК при Президенте РК, академик; (Scopus h-9)

ЗАМЕСТИТЕЛЬ ГЛАВНОГО РЕДАКТОРА:

Ибрагимов Примкул Шолпанкулович — заместитель главного редактора, доктор ветеринарных наук, профессор; (Scopus h-3)

РЕДАКЦИОННАЯ КОЛЛЕГИЯ:

Сансызбай Абылай Рыспаевич — доктор ветеринарных наук, профессор. Казахский национальный аграрный исследовательский университет; (Scopus h-16)

Сарсембаева Нуржан Білтебайқызы — доктор ветеринарных наук, профессор. Казахский национальный аграрный исследовательский университет; (Scopus h-8)

Султанов Ахметжан Акиевич — доктор ветеринарных наук, профессор, Казахский национальный аграрный исследовательский университет, директор департамента науки; (Scopus h-12)

Sobiech Przemyslaw Hubert — доктор ветеринарных наук, профессор. Варминьско-Мазурский университет в Ольштыне, Польша; (Scopus h-12)

Богоявленский Андрей Павлинович — доктор биологических наук, профессор. ТОО «Научно-производственный центр микробиологии и вирусологии»; (Scopus h-16)

Iancu Ionica Mihaela — доцент, PhD. Факультет ветеринарной медицины Университета сельскохозяйственных наук и ветеринарной медицины Баната имени короля Михая I (г. Тимишоара, Румыния). Области специализации: ветеринарные науки, микробиология, инфекционные заболевания, антимикробная резистентность; (Web of Science – 8).

Jan MICIŃSKI — PhD, Варминьско-Мазурский университет, Польша; (Scopus h-8)

Тореханов Айбын Адепханович — доктор сельскохозяйственных наук, профессор, Председатель правления ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства»; (Scopus h-3)

Исхан Кайрат Жәлелұлы — кандидат сельскохозяйственных наук. Казахский национальный аграрный исследовательский университет, профессор кафедры «Биология животных» имени академика Н. О. Базановой; (Scopus h-4)

Адылканова Шолпан Рахимбековна — доктор сельскохозяйственных наук. Казахский национальный аграрный исследовательский университет, профессор кафедры зооинженерии и биотехнологии; (Scopus h-5)

Корай Кырыкчы — доктор сельскохозяйственных наук. Профессор кафедры зоотехнии факультета сельского хозяйства Университета Ахи Эвран (Турция); (Scopus h-6)

Айтбаев Темиржан Еркасович — доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик, Председатель Правления ТОО «Казахский НИИ плодовоовощеводства»; (Scopus h-5)

Бастаубаева Шолпан Оразовна — кандидат сельскохозяйственных наук, ассоциированный профессор. Председатель правления ТОО «Казахский НИИ земледелия и растениеводства»; (Scopus h-8)

Дүйсембеков Бахытжан Әлішерович — кандидат биологических наук, Председатель правления ТОО «Казахский научно-исследовательский институт защиты и карантина растений имени Жазкена Жиембаева»; (Scopus h-7)

Дутбаев Ерлан Бозанбайұлы — кандидат сельскохозяйственных наук. Казахский национальный аграрный исследовательский университет. Ассоциированный профессор кафедры плодовоовощеводства, защиты и карантина растений; (Scopus h-9)

Жаппарова Айгул Абсултановна — кандидат сельскохозяйственных наук, профессор. Казахский национальный аграрный исследовательский университет. Профессор кафедры почвоведения, агрохимии и экологии; (Scopus h-6)

Канаев Ашимхан Токтасынович — доктор биологических наук, профессор. Казахский национальный аграрный исследовательский университет. Профессор кафедры почвоведения, агрохимии и экологии; (Scopus h-4)

Fabián G.Fernández — доктор философии, профессор. Профессор Университета Миннесоты (Соединённые Штаты Америки); (Scopus h-28)

Elmira Saljnikov — доктор философии, профессор. Университет Белграда, Белград, Сербия. Научный сотрудник (профессор) Института многопрофильных исследований; (Scopus h-14)

Наушабаев Асхат Хамитович — PhD, Казахский национальный аграрный исследовательский университет. Ассоциированный профессор кафедры «Почвоведение, агрохимия и экология»; (Scopus h-4)

Wenfeng Liu — PhD, профессор. Китайский сельскохозяйственный университет (China Agricultural University); (Scopus h-39)

Хамидов Мухамадхан — доктор сельскохозяйственных наук, профессор. Ташкентский институт инженеров ирригации и механизации сельского хозяйства, Узбекистан; (Scopus h-14)

- Алдиярова Айнура Есиркеповна** — PhD, ассоциированный профессор. Казахский национальный аграрный исследовательский университет; (Scopus h-4)
- Ануарбеков Канат Курманович** — PhD, ассоциированный профессор. Казахский национальный аграрный исследовательский университет; (Scopus h-5)
- Мадиебеков Азамат Сансызбаевич** — PhD, ассоциированный профессор. Руководитель лаборатории «Гидрохимия и экологическая токсикология», Институт географии и водной безопасности; (Scopus h-8)
- Сарсекова Дани Нургисаевна** — доктор сельскохозяйственных наук, профессор, Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Декан факультета «Лесное хозяйство и земельные ресурсы»; (Scopus h-8)
- Жилдикбаева Айжан Наскеновна** — PhD, Казахский национальный аграрный исследовательский университет, ассоциированный профессор кафедры «Земельные ресурсы и кадастр»; (Scopus h-7)
- Досманбетов Данияр Ахметович** — PhD, ассоциированный профессор, ведущий научный сотрудник Алматинского филиала ТОО «Научноисследовательский институт лесного хозяйства и агролесомелиорации имени Э.Н. Бөкейхана»; (Scopus h-10)
- Sezgin AYAN** — доктор профессор, Кастамону университет, факультет лесного хозяйства, заведующий отделом лесоводства (Турция); (Scopus h-14)
- Шульц Роман Владимирович** — PhD, профессор. Университет нефти и минералов имени короля Фадха, Саудовская Аравия; (Scopus h-11)
- Астанакулов Комил Дуллиевич** — доктор технических наук. Заведующей кафедры «Сельскохозяйственные техники и технологии» Национального исследовательского университета «Ташкентского института инженеров ирригации и механизации сельского хозяйства», Узбекистан; (Scopus h-20)
- Нукешов Саяхат Оразович** — доктор технических наук, профессор. Казахский агротехнический исследовательский университет имени С. Сейфуллина. Профессор кафедры «Техническая механика»; (Scopus h-8)
- Хазимов Марат Жалелович** — кандидат технических наук. Казахский национальный аграрный исследовательский университет, профессор кафедры «Энергетика и электротехника»; (Scopus h-5)
- Daskalov Plamen** — PhD, профессор, Университет Русе имени Ангела Кънчева, проректор по вопросам развития, координации и повышения квалификации, Болгария; (Scopus h-10)
- Бердышев Абдурахим Сулейманович** — доктор технических наук, Казахский национальный аграрный исследовательский университет, профессор кафедры «Энергетика и электротехника»; (Scopus h-8)
- Остриков Анатолий Николаевич** — доктор технических наук, профессор. Воронежский государственный университет инженерных технологий (РФ), заведующий кафедрой «Процессы и аппараты химических и пищевых производств»; (Scopus h-7)
- Ливию Гачео** — профессор Трансильванского университета (г. Брашов, Румыния); (Scopus h-9)
- Тимурбекова Айгуль Кулахметовна** — кандидат технических наук. Казахский национальный аграрный исследовательский университет, профессор кафедры «Технология и безопасность пищевых продуктов»; (Scopus h-9)
- Тойшиманов Максат Рисбекович** — PhD, Казахский национальный аграрный исследовательский университет, старший преподаватель кафедры «Технология и безопасность пищевых продуктов»; (Scopus h-8)
- Кененбай Гүлмира Серікбайқызы** — кандидат технических наук, ассоциированный профессор (доцент). ТОО «Казахский научноисследовательский институт перерабатывающей и пищевой промышленности»; (Scopus h-5)

Научный журнал «Исследования, результаты»

Периодичность: 6 выпусков в год.

Язык издания: казахский, русский, английский.

Префикс DOI: 10.37884

ISSN: 2304-3334.

Тематическая направленность: «животноводство и ветеринария»; «земледелие, агрохимия, кормопроизводство, агроэкология»; «водные, земельные и лесные ресурсы»; «механизация и электрификация сельского хозяйства».

Распространение: материалы распространяются по лицензии Creative Commons Attribution 4.0

Веб-сайт: <https://journal.kaznaru.edu.kz>

Учредитель/издатель: Казахский национальный аграрный исследовательский университет; Национальная академия наук Республики Казахстан при Президенте Республики Казахстан

Авторские права: © Исследования, результаты, 2026

CONTENTS

STOCK-RAISING AND VETERINARY

G.G. Gabit, D.M. Bekenov, J. Micinski THE INFLUENCE OF REPRODUCTION METHOD ON MEAT PRODUCTIVITY AND SLAUGHTER CHARACTERISTICS OF HEREFORD BULLS	8
K. Dossybayev, S. Dikhanbay, A.T. Kozhakhmet, U.A. Akhmetov ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY AND POPULATION STRUCTURE OF ADAI HORSE POPULATIONS BASED ON STR MARKERS	21
G.M. Zhumagaliyeva, B.K. Sansyzybayeva, R. Kadyken, A.D. Orakbayeva EARLY PRELIMINARY ASSESSMENT OF BREEDING QUALITIES OF SOUTH KAZAKH MERINO SHEEP	37
T.N. Karymsakov, A.A. Torehanov, B.B. Yergali, D.D. Atageldiyev ASSESSMENT OF THE BODY TYPE OF BREEDING BULL CALVES WHEN TESTING THEM FOR THEIR OWN PRODUCTIVITY	49

AGRICULTURE, AGROCHEMICAL, FEED PRODUCTION, AGROECOLOGICAL

Zh. Abilda, Z. Sapakhova, I. Isgandarov, I. Klein, M. Shamekova THE USE OF COMPUTATIONAL METHODS FOR MODELING WATER-SOIL EROSION: THE CASE OF UST-KAMENOGORSK	63
D.E. Yerzhan, A.K. Kurishbayev, V.I. Kiryushin, Zh.S. Almanova AGROECOLOGICAL VERIFICATION OF NDVI PRODUCTIVITY ZONES OF SOUTHERN CHERNOZEMS	74
M.M. Zhanzakov, K.A. Myrzabek, K.B. Begaliev, R.D. Nurymova TECHNOLOGY OF CULTIVATING AND PROPAGATING BANANAS RHIZOMES A POLYCARBONATE GREENHOUSE COMPLEX	90
G.N. Kairova, G.A. Suleimanova, A.N. Makhambetov, Recep Ay, G.Z. Zholdasbek PREVALENCE AND DEVELOPMENT CHARACTERISTICS OF THE ORIENTAL FRUIT MOTH (GRAPHOLITA MOLESTA (BUSCK)) IN THE SOUTH-EAST OF KAZAKHSTAN	104
M.T. Kumarbayeva, A.M. Kokhmetova, Zh.S. Keishilov, A.I. Kharipzhanova, N.M. Kovalenko FIELD EVALUATION OF KASIB WHEAT GERMPLASM FOR DROUGHT TOLERANCE IN KAZAKHSTAN	117
A.I. Sidorik, G.A. Zvyagin, K.P. Buzovskiy, A.D. Sidorik COMPARATIVE ASSESSMENT OF SPRING WHEAT RESPONSE TO FOLIAR TREATMENTS IN THE KOSTANAY REGION	129

WATER, LAND AND FOREST RESOURCES

G.L. Akhimbekov, S.A. Konarova, G.K. Ismailova, A.N. Aldiyarova GIS-BASED ASSESSMENT OF IRRIGATED AGRICULTURAL LAND PRODUCTIVITY USING SENTINEL-2 NDVI, ESBK, AND FDEI INDICATORS: A CASE STUDY OF SARYAGASH DISTRICT, TURKESTAN REGION, KAZAKHSTAN	146
N.M. Ashimkhan, A.K. Igembaeva, A.N. Zhildikbaeva, R. Puziene ANALYSIS OF THE SYSTEM OF EFFECTIVE USE OF AGRICULTURAL LAND IN ALMATY REGION BASED ON GEOINFORMATION TECHNOLOGY	157
A.M. Yermenbay, A.Zh. Zhakibaeva, G.E. Tukeshova, A.M. Jabassov, A.K. Alimgazina JUSTIFICATION FOR THE CREATION OF LARGE UNDERGROUND RESERVOIRS IN CENTRAL KAZAKHSTAN USING MANAGED AQUIFER RECHARGE	168
B.I. Nurmukhambetova, Ye.Zh. Murtazim, S.R. Tazhiyev, M.Zh. Akynbayeva ON THE EFFICIENT EXTRACTION OF LITHIUM FROM NATURAL BRINES	179
A. Tangirbergenova, K. Kaliyeva, Sh. Kapar, Zh. Zhakupova EFFICIENCY OF PHYSICOCHEMICAL METHODS FOR IMPROVING WELL WATER QUALITY	191
D.A. Tlesh, B. Khalkhabay APPLICATION OF SLOW SAND FILTRATION FOR PROVIDING DRINKING WATER IN SMALL SETTLEMENTS	200

AGRICULTURE MECHANIZATION AND ELECTRIFICATION

K. Kalym, Sh.T. Duisenova, S.T. Demesova, A.K. Zhunusova EXPERIMENTAL EQUIPMENT FOR STORING SOYBEAN GRAINS WITH ACTIVE VENTILATION	208
D. Karmanov, Zh. Zhumagulov, Y. Sarkynov, R. Kassimova ENGINEERING OPTIMIZATION AND EXPERIMENTAL INVESTIGATION OF A ROTARY UNIT FOR PRE-SOWING SOIL TILLAGE AND SEED SOWING FOR SOILS OF SOUTHERN KAZAKHSTAN	221

МАЗМҰНЫ

МАЛ ШАРУАШЫЛЫҒЫ ЖӘНЕ ВЕТЕРИНАРИЯ

Г.Г. Ғабит, Д.М. Бекенов, Ян Мичинский ГЕРЕФОРД ТҰҚЫМДЫ БҰҚАШЫҚТАРДЫҢ ЕТ ӨНІМДІЛІГІ МЕН СОЙЫС САПАСЫНА КӨБЕЮ ӘДІСІНІҢ ӘСЕРІ	8
К.Ж. Досыбаев, С. Диханбай, А.Т. Қожахмет, У.А. Ахметов STR МАРКЕРЛЕРІ НЕГІЗІНДЕ АДАЙ ЖЫЛҚЫСЫ ПОПУЛЯЦИЯЛАРЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӨРТҮРЛІЛІГІ МЕН ПОПУЛЯЦИЯЛЫҚ ҚҰРЫЛЫМЫН БАҒАЛАУ	21
Г.М. Жумағалиева, Б.Қ. Сансызбаева, Р. Қадыкен, А.Д. Орақбаева ОҢТҮСТІК ҚАЗАҚ МЕРИНОС ҚОЙ ТҰҚЫМЫНЫҢ АСЫЛ ТҰҚЫМДЫҚ ҚАСИЕТТЕРІН ЕРТЕ ЖАСТАН АЛДЫН АЛА БАҒАЛАУ	37
Т.Н. Карымсаков, А.А. Төреханов, Б.Б. Ерғали, Д.Д. Атагелдиев ӨНІМДІЛІГІН СЫНАУ КЕЗІНДЕ ӨСІРУГЕ АРНАЛҒАН БҰҚА ТӨЛДЕРІНІҢ ДЕНЕ БІТІМІН БАҒАЛАУ	49

АУЫЛ ШАРУАШЫЛЫҒЫ, АГРОХИМИЯ, АЗЫҚ ӨНДІРУ, АГРОЭКОЛОГИЯ

Ж. Әбілда, З. Сапахова, И. Игандаров, И. Кляйн, М. Шамекова ӨСКЕМЕН ҚАЛАСЫ МЫСАЛЫНДА СУ ТОПЫРАҚ ЭРОЗИЯСЫН МОДЕЛЬДЕУДІҢ ЕСЕПТІК ӘДІСТЕМЕЛЕРІН ҚОЛДАНУ	63
Д.Е. Ержан, А.К. Қуришбаев, В.И. Кирюшин, Ж.С. Алманова ОҢТҮСТІК ҚАРА ТОПЫРАҚТАРДАҒЫ NDVI БОЙЫНША ӨНІМДІЛІК АЙМАҚТАРЫН АГРОЭКОЛОГИЯЛЫҚ ВЕРИФИКАЦИЯЛАУ	74
М.М. Жанзақов, К.А. Мырзабек, Қ.Б. Бегалиев, Р.Д. Нұрымова БАНАН ӨСІМДІГІН ПОЛИКАРБОНАТТЫ ЖЫЛЫЖАЙДА ӨСІРУ ЖӘНЕ ТАМЫРӨСКІНІМЕН КӨБЕЙТУ	90
Г.Н. Каирова, Г.А. Сулейманова, Ә.Н. Махамбетов, Реджеп Ай, Г.Ж. Жолдасбек ҚАЗАҚСТАННЫҢ ОҢТҮСТІК-ШЫҒЫСЫНДАҒЫ ШЫҒЫС ЖЕМІС ЖЕМІРІНІҢ (GRAPHOLITA MOLESTA (BUSCK)) ТАРАЛУЫ МЕН ДАМУ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ	104
М.Т. Кумарбаева, А.М. Кохметова, Ж.С. Кеишилов, А.І. Харіпжанова, Н.М. Коваленко ҚАЗАҚСТАНДА КАСИБ БИДАЙ КОЛЛЕКЦИЯСЫНЫҢ ҚҰРҒАҚШЫЛЫҚҚА ТӨЗІМДІЛІГІН ДАЛАЛЫҚ БАҒАЛАУ	117
А.И. Сидорик, Г.А. Звягин, К.П. Бузовский, А.Д. Сидорик ҚОСТАНАЙ ОБЛЫСЫНДА ЖАЗДЫҚ БИДАЙДЫҢ ЖАПЫРАҚТЫҚ ӨНДЕУЛЕРГЕ ЖАУАП РЕАКЦИЯСЫН САЛЫСТЫРМАЛЫ БАҒАЛАУ	129

СУ, ЖЕР ЖӘНЕ ОРМАН РЕСУРСТАРЫ

Ғ.Л. Ахилбеков, С.А. Конарова, Г.К. Исмаилова, А.Е. Алдиярова SENTINEL-2 NDVI, ESBK ЖӘНЕ FDEI КӨРСЕТКІШТЕРІ НЕГІЗІНДЕ СУАРМАЛЫ АУЫЛ ШАРУАШЫЛЫҒЫ ЖЕРЛЕРІНІҢ ӨНІМДІЛІГІН ГАЖ АРҚЫЛЫ БАҒАЛАУ: ТҮРКІСТАН ОБЛЫСЫ САРЫАҒАШ АУДАНЫ МЫСАЛЫНДА	146
Н.М. Әшімхан, А.К. Игембаева, А.Н. Жилдикбаева, Р. Пузнене ГЕОАКПАРАТТЫҚ ТЕХНОЛОГИЯ НЕГІЗІНДЕ АЛМАТЫ ОБЛЫСЫНДАҒЫ АУЫЛШАРУАШЫЛЫҚ ЖЕРЛЕРІН ТИІМДІ ПАЙДАЛАНУ ЖҮЙЕСІН ТАЛДАУ	157
А.М. Ерменбай, А.Ж. Жакибаева, Г.Е. Тукешова, А.М. Джабасов, А.К. Әлімғазина ОРТАЛЫҚ ҚАЗАҚСТАНДА ЖАСАНДЫ ТОЛЫҚТЫРУ ӘДІСТЕРІН ҚОЛДАНА ОТЫРЫП, ІРІ ЖЕР АСТЫ СУ ҚОЙМАЛАРЫН ҚҰРУДЫҢ НЕГІЗДЕМЕСІ	168
Б.И. Нұрмұхамбетова, Е.Ж. Мұртазин, С.Р. Тажиев, М.Ж. Акынбаева ТАБИҒИ ТҮЗДЫ СУЛАРДАН ЛИТИЙДІҢ ТИІМДІ АЛУ ТУРАЛЫ	179
А.С. Тангирбергенова, К.Е. Калиева, Ш.К. Капар, Ж.З. Жакупова ҚҰДЫҚ СУЫНЫҢ САПАСЫН ЖАҚСАРТУДА ФИЗИКА-ХИМИЯЛЫҚ ӘДІСТЕРДІҢ ТИІМДІЛІГІ	191
Д.Ә. Тлеш, Б. Халхабай ШАҒЫН ЕЛДІ МЕКЕНДЕРДІ АУЫЗ СУМЕН ҚАМТАМАСЫЗ ЕТУ ҮШІН БАЯУ ҚҰМДЫ СҮЗГІЛЕРДІ ҚОЛДАНУ	200

АУЫЛ ШАРУАШЫЛЫҒЫН МЕХАНИКАЛАНДЫРУ ЖӘНЕ ЭЛЕКТРЛЕНДІРУ

К. Калым, Ш.Т. Дуйсенова, С.Т. Демесова, А.К. Жунусова БЕЛСЕНДІ ЖЕЛДЕТУ ЖҮЙЕСІ БАР СОЯ ДӨНДЕРІН САҚТАУҒА АРНАЛҒАН ЭКСПЕРИМЕНТТІК ЖАБДЫҚ	208
Д.К. Карманов, Ж.Б. Жумагулов, Е. Саркынов, Р.М. Касимова ОҢТҮСТІК ҚАЗАҚСТАН Өңірінің топырақтарына арналған егіс алдындағы топырақ өңдеу және тұқым се- буге арналған роторлы агрегатты инженерлік оңтайландыру және эксперименттік зерттеу	221

СОДЕРЖАНИЕ ЖИВОТНОВОДСТВО И ВЕТЕРИНАРИЯ

Г.Г. Ғабит, Д.М. Бекенов, Ян Мичинский ВЛИЯНИЕ СПОСОБА ВОСПРОИЗВОДСТВА НА МЯСНУЮ ПРОДУКТИВНОСТЬ И УБОЙНЫЕ КАЧЕСТВА БЫЧКОВ ГЕРЕФОРДСКОЙ ПОРОДЫ	8
К.Ж. Досыбаев, С. Диханбай, А.Т. Кожакмет, У.А. Ахметов ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ПОПУЛЯЦИОННОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ ЛОШАДЕЙ ПОРОДЫ АДАЙ НА ОСНОВЕ STR-МАРКЕРОВ	21
Г.М. Жумагалеева, Б.Қ. Сансызбаева, Р. Қадыкен, А.Д. Орақбаева РАННЯЯ ПРЕДВАРИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ПЛЕМЕННЫХ КАЧЕСТВ ОВЕЦ ЮЖНО-КАЗАХСКОЙ МЕРИНОСНОЙ ПОРОДЫ	37
Т.Н. Карымсаков, А.А. Тореханов, Б.Б. Ергали, Д.Д. Атагелдиев ОЦЕНКА ТИПА ТЕЛОСЛОЖЕНИЯ РЕМОНТНЫХ БЫЧКОВ ПРИ ИСПЫТАНИИ ПО СОБСТВЕННОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ	49

ЗЕМЛЕДЕЛИЕ, АГРОХИМИЯ, КОРМОПРОИЗВОДСТВО, АГРОЭКОЛОГИЯ

Ж. Абилда, З. Сапахова, И. Исгандаров, И. Кляйн, М. Шамекова ИСПОЛЬЗОВАНИЕ РАСЧЕТНЫХ МЕТОДИК МОДЕЛИРОВАНИЯ ВОДНОЙ ПОЧВЕННОЙ ЭРОЗИИ НА ПРИМЕРЕ Г. УСТЬ-КАМЕНОГОРСК	63
Д.Е. Ержан, А.К. Куришбаев, В.И. Кирюшин, Ж.С. Алманова АГРОЭКОЛОГИЧЕСКАЯ ВЕРИФИКАЦИЯ NDVI-ЗОН ПРОДУКТИВНОСТИ ЮЖНЫХ ЧЕРНОЗЁМОВ	74
М.М. Жанзаков, К.А. Мырзабек, К.Б. Бегалиев, Р.Д. Нурымова ТЕХНОЛОГИЯ ВОЗДЕЛЫВАНИЯ И РАЗМНОЖЕНИЯ БАНАНА КОРНЕВИЩАМИ В ПОЛИКАРБОНАТНОМ ТЕПЛИЧНОМ КОМПЛЕКСЕ	90
Г.Н. Каирова, Г.А. Сулейманова, А.Н. Махамбетов, Реджеп Ай, Г.Ж. Жолдасбек РАСПРОСТРАНЕННОСТЬ И ОСОБЕННОСТИ РАЗВИТИЯ ВОСТОЧНОЙ ПЛОДОЖОРКИ (GRAPNOLITA MOLESTA (BUSCK)) НА ЮГО-ВОСТОКЕ КАЗАХСТАНА	104
М.Т. Кумарбаева, А.М. Кохметова, Ж.С. Кеншилов, А.І. Харіпжанова, Н.М. Коваленко ПОЛЕВАЯ ОЦЕНКА ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ КОЛЛЕКЦИИ ПШЕНИЦЫ КАСИБ В КАЗАХСТАНЕ	117
А.И. Сидорик, Г.А. Звягин, К.П. Бузовский, А.Д. Сидорик СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ОТКЛИКА ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ НА ЛИСТОВЫЕ ОБРАБОТКИ В КОСТАНАЙСКОЙ ОБЛАСТИ ...	129

ВОДНЫЕ, ЗЕМЕЛЬНЫЕ И ЛЕСНЫЕ РЕСУРСЫ

Ғ.Л. Ахилбеков, С.А. Конарова, Г.К. Исмаилова, А.Е. Алдиярова ГИС-ОЦЕНКА ПРОДУКТИВНОСТИ ОРОШАЕМЫХ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ УГОДИЙ НА ОСНОВЕ ИНДИКАТОРОВ SENTINEL-2 NDVI, ESBK И FDEI: НА ПРИМЕРЕ САРЯГАШСКОГО РАЙОНА ТУРКЕСТАНСКОЙ ОБЛАСТИ	146
Н.М. Әшімхан, А.К. Игембаева, А.Н. Жилдикбаева, Р. Пузиене АНАЛИЗ СИСТЕМЫ ЭФФЕКТИВНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ЗЕМЕЛЬ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННОГО НАЗНАЧЕНИЯ В АЛМАТИНСКОЙ ОБЛАСТИ НА ОСНОВЕ ГЕОИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ	157
А.М. Ерменбай, А.Ж. Жакибаева, Г.Е. Тукешова, А.М. Джабасов, А.К. Алимгазина ОБОСНОВАНИЕ СОЗДАНИЯ КРУПНЫХ ПОДЗЕМНЫХ ВОДОХРАНИЛИЩ В ЦЕНТРАЛЬНОМ КАЗАХСТАНЕ МЕТОДАМИ ИСКУССТВЕННОГО ВОСПОЛНЕНИЯ ЗАПАСОВ	168
Б.И. Нурмухамбетова, Е.Ж. Муртазин, С.Р. Тажиев, М.Ж. Акынбаева ОБ ЭФФЕКТИВНОМ ИЗВЛЕЧЕНИИ ЛИТИЯ ИЗ ПРИРОДНЫХ РАССОЛОВ	179
А.С. Тангирбергенова, К.Е. Калиева, Ш.К. Капар, Ж.З. Жакупова ЭФФЕКТИВНОСТЬ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИХ МЕТОДОВ УЛУЧШЕНИЯ КАЧЕСТВА КОЛОДЕЗНОЙ ВОДЫ	191
Д.Ә. Тлеш, Б. Халхабай ПРИМЕНЕНИЕ МЕДЛЕННОЙ ПЕСЧАНОЙ ФИЛЬТРАЦИИ ДЛЯ ОБЕСПЕЧЕНИЯ ПИТЬЕВОЙ ВОДОЙ МАЛЫХ НАСЕЛЕННЫХ ПУНКТОВ	200

МЕХАНИЗАЦИЯ И ЭЛЕКТРИФИКАЦИЯ СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА

К. Калым, Ш.Т. Дуйсенова, С.Т. Демесова, А.К. Жунусова ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЕ ОБОРУДОВАНИЕ ДЛЯ ХРАНЕНИЯ СОЕВЫХ ЗЕРЕН С АКТИВНОЙ ВЕНТИЛЯЦИЕЙ	208
Д.К. Карманов, Ж.Б. Жумагулов, Е. Саркынов, Р.М. Касимова ИНЖЕНЕРНАЯ ОПТИМИЗАЦИЯ И ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ РОТОРНОГО АГРЕГАТА ДЛЯ ПРЕДПОСЕВНОЙ ОБРАБОТКИ ПОЧВЫ И ПОСЕВА СЕМЯН ДЛЯ ПОЧВ ЮЖНОГО РЕГИОНА КАЗАХСТАНА	221



K. Dossybayev^{1,2,3}, S. Dikhanbay^{1,3}, A.T. Kozhakhmet^{1,2,3}, U.A. Akhmetov^{1*}

¹Kazakh Research Institute of Animal Breeding and Fodder Production, Almaty, Kazakhstan;

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

³Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan.

E-mail: akhmetualikhan@gmail.com

ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY AND POPULATION STRUCTURE OF ADAI HORSE POPULATIONS BASED ON STR MARKERS

Dossybayev K.Zh., PhD «Kazakh Research Institute of Livestock and Fodder Production» LLP, 51 Zhandosov St., Almaty 050035, Kazakhstan; Al-Farabi Kazakh National University, 71 Al-Farabi Ave., Almaty, Kazakhstan
E-mail: kairat1987_11@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1136-833X>;

Dikhanbay S., Laboratory Assistant, LLP «Kazakh Research Institute of Livestock and Forage Production», 51 Zhandosov St., Almaty, 050035, Kazakhstan; Al-Farabi Kazakh National University, 71 Al-Farabi Ave., Almaty, Kazakhstan
E-mail: sagilev71@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0009-8926-3993>;

Kozhakhmet A.T. Master of Science, LLP «Kazakh Research Institute of Livestock and Forage Production», 51 Zhandosov St., Almaty, 050035, Kazakhstan; Al-Farabi Kazakh National University, 71 Al-Farabi Ave., Almaty, Kazakhstan
E-mail: altynaitg@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7872-4752>;

Akhmetov U.A. – Master of Agricultural Sciences, LLP «Kazakh Research Institute of Livestock and Forage Production», 51 Zhandosov St., Almaty, 050035, Kazakhstan
E-mail: akhmetualikhan@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0004-9399-6763>.

Abstract. The Adai horse represents one of Kazakhstan's valuable local genetic resources; however, molecular genetic data on the genetic diversity and population structure of individual farm populations remain limited. Therefore, this study aimed to assess the genetic diversity of three Adai horse populations and characterize their genetic structure using microsatellite markers. A total of 166 horses from the Mukhit (n=67), Darkhan (n=56), and Islam (n=43) farms were genotyped at 17 STR loci. Genetic diversity parameters were calculated using GenAlEx, while genetic relationships among the populations were assessed using factorial correspondence analysis (FCA) and Bayesian clustering. All investigated STR loci were polymorphic; the mean number of alleles was 8.510 ± 0.298 , the mean effective number of alleles was 5.008 ± 0.209 , and Shannon's information index was 1.750 ± 0.040 . Observed heterozygosity ranged from 0.746 to 0.805 across populations, whereas expected heterozygosity ranged from 0.772 to 0.784. The overall FIS value indicated no pronounced heterozygote deficiency, while $F_{ST}=0.018$ indicated a low level of genetic differentiation among the populations. A total of 29 private alleles were identified across the three populations. FCA and STRUCTURE analyses revealed weak genetic substructure among the populations; in the STRUCTURE analysis, $K=3$ was identified as the most likely model, with shared genetic components and Admixture observed in all populations. The results indicate that a high level of genetic diversity and a shared genetic background are maintained in the studied Adai horse populations, while local genetic characteristics have also developed. These findings may be used to support the conservation of Adai horse genetic resources, monitor genetic diversity within populations, and facilitate scientifically informed breeding programs.

Keywords: Adai horse, STR markers, genetic diversity, microsatellites, heterozygosity, F_{ST} , population

structure, STRUCTURE, admixture

For citation: Dossybayev K., Dikhanbay S., Kozhakhmet A.T., Akhmetov U.A. (2026). Assessment of genetic diversity and population structure of adai horse populations based on STR markers // Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты. Vol. 28. Is. 4. Number 112. Pp. 21–36. <https://doi.org/10.37884/4-2026/02> [In Kaz.].

Conflict of interest: The authors declare no conflicts of interest.

Funding: This study was funded by the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan, under the program BR22885681 «Improvement of existing methods for managing the genetic resources of Adai and Kostanay horses while preserving the gene pool of the Kostanay breed».

К.Ж. Досыбаев^{1,2,3}, С. Диханбай^{1,3}, А.Т. Қожахмет^{1,2,3}, У.А. Ахметов^{1*}

¹Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми зерттеу институты, Алматы, Қазақстан;

²ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты», Алматы, Қазақстан;

³Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан.

E-mail: akhmetualikhan@gmail.com

STR МАРКЕРЛЕРІ НЕГІЗІНДЕ АДАЙ ЖЫЛҚЫСЫ ПОПУЛЯЦИЯЛАРЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘРТҮРЛІЛІГІ МЕН ПОПУЛЯЦИЯЛЫҚ ҚҰРЫЛЫМЫН БАҒАЛАУ

Досыбаев К.Ж., PhD, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Жандосов көшесі, 51, Алматы, 050035, Қазақстан; әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, әл-Фараби даңғылы, 71, Алматы, Қазақстан

E-mail: kairat1987_11@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1136-833X>;

Диханбай С., лаборант, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Жандосов көшесі, 51, Алматы қ., 050035, Қазақстан; әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, әл-Фараби даңғылы, 71, Алматы, Қазақстан

E-mail: sagilev71@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0009-8926-3993>;

Қожахмет А.Т., жаратылыстану ғылымдарының магистрі, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Жандосов көшесі, 51, Алматы қ., 050035, Қазақстан; әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, әл-Фараби даңғылы, 71, Алматы, Қазақстан

E-mail: altynaitg@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7872-4752>;

Ахметов У.А., ауыл шаруашылығы ғылымдарының магистрі, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Жандосов көшесі, 51, Алматы, 050035, Қазақстан

E-mail: akhmetualikhan@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0004-9399-6763>.

Аннотация. Адай жылқысы Қазақстанның жергілікті генетикалық ресурстарының бірі болып табылады, алайда оның жекелеген шаруашылық популяцияларындағы генетикалық әртүрлілік пен популяциялық құрылым туралы молекулалық-генетикалық деректер шектеулі. Осыған байланысты зерттеудің мақсаты Адай жылқысының үш популяциясындағы генетикалық әртүрлілікті бағалау және олардың генетикалық құрылымдану ерекшеліктерін микросателлиттік маркерлер негізінде анықтау болды. Зерттеуге Мұхит (n=67), Дархан (n=56) және Ислам (n=43) шаруашылықтарынан барлығы 166 жылқы алынып, 17 STR локусы бойынша генотиптелді. Генетикалық әртүрлілік көрсеткіштері GenAlEx бағдарламасында есептелді, ал популяциялар арасындағы генетикалық қатынастар факторлық сәйкестік талдауы (AFC) және Bayesian кластерлеу әдісімен бағаланды. Барлық зерттелген STR локустары полиморфты болды; аллельдердің орташа саны 8,510±0,298, эффективті аллельдер саны 5,008±0,209, ал Шеннонның ақпараттық индексі 1,750±0,040 құрады. Популяциялар бойынша байқалған гетерозиготалық 0,746–0,805, ал күтілетін гетерозиготалық 0,772–0,784 аралығында өзгерді. Жалпы FIS мәні айқын гетерозигота тапшылығының байқалмағанын, ал FST=0,018 популяциялар арасындағы генетикалық дифференциацияның төмен екенін көрсетті. Үш популяцияда барлығы 29 дара аллель анықталды. AFC және STRUCTURE нәтижелері популяциялар арасында әлсіз генетикалық субқұрылымның бар екенін көрсетті; STRUCTURE талдауында K=3 ең ықтимал модель болып, барлық популяцияларда ортақ генетикалық компоненттер мен Admixture байқалды. Нәтижелер зерттелген Адай жылқысы популяцияларында жоғары генетикалық әртүрлілік пен ортақ генетикалық не-

гіздің сақталғанын, сонымен қатар жергілікті генетикалық ерекшеліктердің қалыптасқанын көрсетті. Алынған деректер Адай жылқысының генетикалық ресурстарын сақтау, популяциялардағы генетикалық әртүрлілікті мониторингтеу және селекциялық жұмыстарды ғылыми негізде жоспарлау үшін пайдаланылуы мүмкін.

Түйін сөздер: Адай жылқысы, STR маркерлер, генетикалық әртүрлілік, микросателлиттер, гетерозиготалық, FST, популяциялық құрылым, STRUCTURE, admixture

Дәйексөз үшін: Досыбаев К.Ж., Диханбай С., Қожахмет А.Т., Ахметов У.А. (2026). STR маркерлері негізінде адай жылқысы популяцияларының генетикалық әртүрлілігі мен популяциялық құрылымын бағалау // Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты. Т. 28. Is. 4. Number 112. Рр. 21–36. <https://doi.org/10.37884/4-2026/02> [In Kaz.].

Мүдделер қақтығысы: авторлар осы мақалада мүдделер қақтығысы жоқ деп мәлімдейді.

Алғыс: бұл ғылыми-зерттеу жұмысы 2024–2026 жылдарға арналған ғылыми, ғылыми-техникалық бағдарламалар бойынша бағдарламалық-нысаналы қаржыландыруға арналған конкурс (ҚР АШМ) негізінде «BR22885681 - Қостанай тұқымының генофондын сақтай отырып, Адай және Қостанай жылқыларының генетикалық ресурстарын басқарудың қолданыстағы әдістерін жетілдіру» атты жобасы аясында жүргізілген.

К.Ж. Досыбаев^{1,2,3}, С. Диханбай^{1,3}, А.Т. Қожахмет^{1,2,3}, У.А. Ахметов^{1*}

¹Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства, Алматы, Казахстан;

²Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, Алматы, Казахстан;

³Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан.

E-mail: akhmetualikhan@gmail.com

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ПОПУЛЯЦИОННОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ ЛОШАДЕЙ ПОРОДЫ АДАЙ НА ОСНОВЕ STR-МАРКЕРОВ

Досыбаев К.Ж., PhD, ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», ул. Жандосова, 51, Алматы, 050035, Казахстан; Казахский национальный университет имени аль-Фараби, проспект аль-Фараби, 71, Алматы, Казахстан

E-mail: kairat1987_11@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1136-833X>;

Диханбай С., лаборант, ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», ул. Жандосова, 51, Алматы, 050035, Казахстан; Казахский национальный университет имени аль-Фараби, проспект аль-Фараби, 71, Алматы, Казахстан

E-mail: sagilev71@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0009-8926-3993>;

Қожахмет А.Т., магистр естественных наук, ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», ул. Жандосова, 51, Алматы, 050035, Казахстан; Казахский национальный университет имени аль-Фараби, проспект аль-Фараби, 71, Алматы, Казахстан

E-mail: altynaitg@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7872-4752>;

Ахметов У.А., магистр сельскохозяйственных наук, ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», ул. Жандосова, 51, Алматы, 050035, Казахстан

E-mail: akhmetualikhan@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0004-9399-6763>.

Аннотация. Адайская лошадь является одним из ценных местных генетических ресурсов Казахстана, однако молекулярно-генетические данные о генетическом разнообразии и популяционной структуре отдельных хозяйственных популяций остаются ограниченными. В связи с этим целью исследования являлась оценка генетического разнообразия трех популяций адайских лошадей и выявление особенностей их генетической структуры на основе микросателлитных маркеров. В исследование были включены 166 лошадей из хозяйств Мухит (n=67), Дархан (n=56) и Ислам (n=43), генотипированных по 17 STR-локусам. Показатели генетического разнообразия рассчитывали с использованием программы GenAlEx, а генетические взаимоотношения между популяциями оценивали методом факторного анализа соответствий (AFC) и байесовской кластеризации. Все исследованные STR-локусы были полиморфными; среднее число аллелей составило 8,510±0,298, эффективное число аллелей –

5,008±0,209, а информационный индекс Шеннона – 1,750±0,040. Наблюдаемая гетерозиготность в популяциях варьировала от 0,746 до 0,805, а ожидаемая гетерозиготность – от 0,772 до 0,784. Общее значение FIS свидетельствовало об отсутствии выраженного дефицита гетерозигот, тогда как $F_{ST}=0,018$ указывало на низкий уровень генетической дифференциации между популяциями. В трех популяциях было выявлено в общей сложности 29 частных аллелей. Результаты AFC и STRUCTURE выявили наличие слабой генетической субструктуры между популяциями; при анализе STRUCTURE наиболее вероятной оказалась модель $K=3$, при этом во всех популяциях наблюдались общие генетические компоненты и признаки Admixture. Полученные результаты свидетельствуют о сохранении высокого уровня генетического разнообразия и общей генетической основы в исследованных популяциях адайских лошадей наряду с формированием локальных генетических особенностей. Полученные данные могут быть использованы для сохранения генетических ресурсов адайской лошади, мониторинга генетического разнообразия популяций и научно обоснованного планирования селекционной работы.

Ключевые слова: лошадь породы Адай, STR-маркеры, генетическое разнообразие, микросателлиты, гетерозиготность, F_{ST} , популяционная структура, STRUCTURE, admixture

Для цитирования: Досыбаев К.Ж., Диханбай С., Кожахмет А.Т., Ахметов У.А. (2026). Оценка генетического разнообразия и популяционной структуры популяций лошадей породы адай на основе STR-маркеров // Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты. Т. 28. Is. 4. Number 112. Pp. 21–36. <https://doi.org/10.37884/4-2026/02> [In Russ.].

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Благодарность: данная работа выполнена в рамках проекта BR22885681 «Совершенствование существующих приёмов управления генетическими ресурсами адайских и кустанайских лошадей с сохранением генофонда кустанайской породы», финансируемого Министерством сельского хозяйства Республики Казахстан на 2024–2026 гг.

Кіріспе.

Қазақстандағы жылқы шаруашылығы елімізде мал шаруашылығы саласында маңызды орынға ие. Қазақстанның кең жайылымдық аумақтары және жыл бойы табиғи жайылымда ұстау жүйесі қоршаған орта жағдайларына жақсы бейімделген жылқы тұқымдарының қалыптасуына ықпал етті [Барминцев, 1958: 281; Нурушев, 2005: 383]. Нәтижесінде еліміздің батыс және оңтүстік-батыс өңірлерінде, әсіресе Арал-Каспий аймағы мен Маңғыстау түбегінде Адай жылқысы қалыптасты. Адай жылқысының қалыптасуы, биологиялық және шаруашылық ерекшеліктері отандық зерттеушілердің еңбектерінде жан-жақты қарастырылған. Ю.Н. Барминцевтың зерттеу нәтижелері жергілікті жылқы тұқымдары мен типтері ұзақ мерзімді халықтық сұрыптау мен табиғи-климаттық жағдайлардың әсерінен қалыптасқанын дәлелдейді. Кейін М.Ж. Нурушев [Нурушев, 2005: 383]. Адай жылқысының эволюциясын, қазіргі жағдайын және оны өсіру перспективаларын кешенді түрде сипаттап, оның Қазақстанның батыс өңіріндегі маңызды жергілікті генетикалық ресурс екенін көрсетті. Адай жылқысының генофондын сақтау және селекциялық тұрғыдан пайдалану мәселелері кейінгі зерттеулерде де жалғасын тауып келеді [Нурушев, 2007: 127–128].

Адай жылқысы ұзақ уақыт бойы қазақ жылқысының жергілікті типтерінің бірі ретінде қарастырылып келді. Оның қалыптасуына жергілікті қазақ жылқыларымен қатар көршілес аймақтардың салт мінетін жылқыларының тарихи ықпалы болған. Соңғы жылдары жүргізілген селекциялық жұмыстардың нәтижесінде Адай жылқысының мәртебесі нақтыланып, ол жеке тұқым ретінде ресми танылды. Адай жылқысының негізгі ерекшеліктеріне шөл және шөлейт аймақтардың табиғи-климаттық жағдайларына бейімділігі, жайылымдық жағдайда жыл бойы ұстауға төзімділігі, жүрдектігі және салт мінуге жарамдылығы жатады [Нурушев, 2005: 383; Нурушев, 2007: 127–128; Kabylybekova және т.б., 2024].

Жергілікті жылқы тұқымдарын сақтау мен тиімді пайдалану олардың фенотиптік және өнімділік ерекшеліктерін бағалаумен ғана шектелмейді. Популяциялардың генетикалық әртүрлілігі олардың бейімделу әлеуетін, селекциялық мүмкіндіктерін және ұзақ мерзімді тұрақтылығын анықтайтын негізгі факторлардың бірі болып табылады. Осыған байланысты молекулалық-генетикалық маркерлер жергілікті жылқы популяцияларындағы генетикалық өзгергіштікті, туыстық қатынастарды, инбридинг деңгейін және популяциялық құрылымды зерттеудің маңызды құралына айналды [Gemingguli және т.б., 2016; Kargayeva және т.б., 2020: 55–61].

Қазақстан жылқыларының молекулалық-генетикалық зерттеулері бірнеше кезеңде дамыды.

Алғашқы зерттеулерде митохондриялық ДНҚ маркерлері қолданылып, қазақ жылқыларының аналық линияларының жоғары әртүрлілігі және әртүрлі географиялық популяциялар арасында ортақ гаплотиптердің болуы анықталды [Gemingguli және т.б., 2016]. Кейін микросателлиттік немесе қысқа тандемді қайталанымдар (STR) негізіндегі зерттеулер Қазақстанның жергілікті жылқы популяцияларындағы генетикалық полиморфизмді бағалауға мүмкіндік берді [Beyshova және т.б., 2013: 85–91].

Генетикалық маркерлердің ішінде STR-локустары жоғары полиморфтылығымен, кодоминантты тұқым қуалауымен және геномда кең таралуымен ерекшеленеді. Осы қасиеттеріне байланысты олар жылқы популяцияларындағы генетикалық әртүрлілік пен өзгергіштікті, генетикалық дифференциацияны және популяциялық құрылымды бағалауда кеңінен қолданылды. Қазақстанда микросателлиттік маркерлер алғашында Қостанай және Мұғалжар сияқты отандық жылқы тұқымдарының генетикалық құрылымын сипаттау үшін пайдаланылды. Қостанай жылқысының негізгі аталық линияларын 17 микросателлиттік locus бойынша зерттеу олардың аллельдер құрамы мен жиіліктерінде айырмашылықтар бар екенін және жекелеген линияларда гетерозиготалар тапшылығы байқалатынын көрсетті [Beyshova және т.б., 2013: 85–91]. Мұғалжар жылқысының Қожамберді типіне жүргізілген микросателлиттік талдаулар да аталған популяцияның жоғары генетикалық әртүрлілікпен сипатталатынын көрсетті [Сыдыков және т.б., 2017: 25–25].

Адай жылқысына молекулалық-генетикалық әдістерді қолдану кейінгі зерттеулерде жүзеге асырылды. Каргаева және әріптестері Адай типті қазақ жылқыларының генетикалық құрылымын STR-маркерлер арқылы зерттеп, Маңғыстау аймағында өсірілетін жылқылар арасында популяция-шілдік генетикалық дифференциацияның бар екенін көрсетті [Kargayeva және т.б., 2020: 55–61]. Кейін Адай жылқысының биологиялық және өнімділік қасиеттерін генетикалық параметрлермен байланыстыра зерттеу барысында микросателлиттік ДНҚ локустарының полиморфизмі де қарастырылып, молекулалық маркерлерді Адай жылқысының селекциялық-генетикалық мониторингінде пайдалану қажеттілігі негізделді [Каргаева, 2022].

Соңғы жылдары жоғары тығыздықтағы геномдық маркерлер негізінде отандық жылқы тұқымдары зерттеле бастады. Мысалы, Адай, Жабы, Найман және Қазақстанның басқа да жылқы популяцияларын толық-геномдық SNP генотиптеу арқылы зерттеу жергілікті жылқы тұқымдарының генетикалық құрылымына сипаттама берілді [Pozharskiy және т.б., 2023]. Сонымен қатар соңғы митохондриялық зерттеулер Қазақстанның жергілікті жылқыларында жоғары аналық генетикалық әртүрлілік сақталғанын және тұқымдар арасындағы генетикалық құрылымның салыстырмалы түрде әлсіз екенін көрсетеді [Ualiyeva және т.б., 2026].

Жоғарыда аталған алдыңғы зерттеулердің едәуір бөлігі Адай жылқысын тұтас популяция немесе басқа қазақ жылқыларымен салыстырылатын бір генетикалық топ ретінде қарастырған. Осыған орай Адай жылқысының әртүрлі шаруашылықтарда өсірілетін субпопуляцияларының генетикалық әртүрлілігі мен өзгергіштігі, инбридинг көрсеткіштері, генетикалық дифференциация және құрылымын салыстырмалы зерттеу өзекті болып табылады. Мұндай зерттеу жұмыстары Адай жылқысын өсіретін жекелеген шаруашылықтар арасындағы генетикалық байланыс пен ықтимал субқұрылымды анықтау және тұқымның генетикалық ресурстарын сақтау, селекциялық жұмыстарды ғылыми негізде ұйымдастыру үшін маңызды.

Осыған байланысты зерттеудің мақсаты – 17 микросателлиттік STR-маркер негізінде Адай жылқысының Мұхит, Дархан және Ислам шаруашылықтарында өсірілетін популяцияларының генетикалық әртүрлілігін, генетикалық дифференциациясын және популяциялық құрылымын талдау болып табылады.

Материалдар мен әдістер.

Зерттеуге Адай жылқысының үш популяциясына жататын барлығы 166 дара алынды. Оның ішінде Мұхит шаруашылығынан 67 бас, Дархан шаруашылығынан 56 бас және Ислам шаруашылығынан 43 бас жылқы зерттелді. Молекулалық-генетикалық талдау үшін әр дарадан биологиялық материал ретінде түбір фолликулалары сақталған жал қылшықтарының үлгілері жиналды. Алынған биологиялық үлгілер жеке таңбаланып, арнайы қағаз қораптарға салынды, келесі ретте ДНҚ-генотиптеу жұмыстарында пайдаланылды.

Адай жылқысы популяцияларының генетикалық әртүрлілігін бағалау үшін COrDIS Horse мультиплексті STR-панелі қолданылды. Амплификация өнімдеріне фрагменттік талдау капиллярлық электрофорез әдісімен *SeqStudio Genetic Analyzer* генетикалық құралында жүргізілді. Алынған электрофо-

реграммалардағы фрагменттердің өлшемдері мен STR-аллельдері *GeneMapper* бағдарламасы арқылы анықталды. Нәтижесінде әр дара үшін 17 STR локусы бойынша диплоидты генотиптік профиль қалыптастырылды.

Популяцияішілік және популяциялар арасындағы генетикалық әртүрліліктің негізгі көрсеткіштері *GenAlEx* бағдарламалық ортасында есептелді. Әр локус және популяция үшін аллельдер саны (N_a), эффективті аллельдер саны (N_e), Шеннонның ақпараттық индексі (I), байқалған гетерозиготалық (H_o), күтілетін гетерозиготалық (H_e) және үлгі көлеміне түзетілген күтілетін гетерозиготалық (uHe) анықталды. Сонымен қатар гетерозиготалардың күтілетін деңгейден ауытқуын бағалау үшін фиксация индексі (F) есептелді. Популяцияларға тән дара аллельдер (*private alleles*) анықталып, олардың әр популяциядағы кездесу жиіліктері есептелді.

Популяцияішілік және популяциялараралық генетикалық дифференциацияны сипаттау үшін Райттың F-статистикалық көрсеткіштері – F_{IS} , F_{IT} және F_{ST} есептелді. Популяциялар арасындағы ген ағынының теориялық деңгейі Nm көрсеткіші арқылы бағаланды. Үш популяция арасындағы генетикалық ұқсастық пен айырмашылықтарды бағалау үшін *Nei* бойынша үлгі көлеміне түзетілген генетикалық дистанция (*Nei's Unbiased Genetic Distance*) және популяциялар арасындағы жұптық F_{ST} көрсеткіштері есептелді [Nei,1978].

Зерттелген даралардың генотиптері негізіндегі генетикалық қатынастарын және популяциялар арасындағы құрылымдық ерекшеліктерін бағалау үшін *GENETIX* бағдарламасы қолданылды [Belkhir және т.б., 2004].

Зерттелген Адай жылқысы популяцияларының генетикалық құрылымын бағалау үшін *Bayesian clustering* әдісіне негізделген *STRUCTURE* v2.3.4 бағдарламасы қолданылды.

Ықтимал генетикалық кластерлер саны $K = 1-5$ аралығында бағаланды. Әр *STRUCTURE* талдауы үшін бастапқы burn-in кезеңі 100 000 итерацияны, одан кейінгі *Markov chain Monte Carlo (MCMC)* кезеңі 200 000 итерацияны құрады [Pritchard et al.,2000]. Талдау даралардың аралас генетикалық тектілігіне мүмкіндік беретін *Admixture model* және кластерлер арасындағы аллель жиіліктерінің өзара байланысын ескеретін *Correlated allele frequencies model* негізінде жүргізілді [Falush және т.б., 2003].

Әртүрлі K мәндері үшін алынған нәтижелер негізінде модельдердің ықтималдығын сипаттайтын $LnP(K)$ көрсеткіштері салыстырылды. Генетикалық кластерлердің оңтайлы санын анықтау үшін *Evanno* әдісіне негізделген ΔK критерийі қолданылды [Evanno және т.б., 2005].

Статистикалық және популяциялық-генетикалық талдаулардан алынған нәтижелерді өңдеу, графикалық визуализациялау және суреттерді жарияланым форматына келтіру R статистикалық бағдарламалау ортасында жүргізілді.

Генетикалық әртүрлілік көрсеткіштерін (N_a , N_e , I , H_o , H_e , F және т.б.) өңдеу және визуализациялау барысында *ggplot2*, *dplyr* және *tidyr* пакеттері қолданылды. *dplyr* деректерді сұрыптау және түрлендіру, *tidyr* деректер құрылымын графикалық талдауға бейімдеу, ал *ggplot2* негізгі статистикалық графиктерді құру және безендіру үшін пайдаланылды.

Nei генетикалық дистанциясы мен жұптық F_{ST} көрсеткіштерін салыстырмалы түрде бейнелейтін жылу карталарын (*heatmap*) құру кезінде *ggplot2*, *dplyr*, *tidyr* пакеттерімен қатар әртүрлі графикалық шкалаларды бір суретте қолдануға мүмкіндік беретін *ggnewscale* пакеті пайдаланылды. Популяциялардағы гетерозиготалық және басқа генетикалық көрсеткіштерді радарлық диаграмма түрінде көрсету үшін *fmsb* пакеті қолданылды.

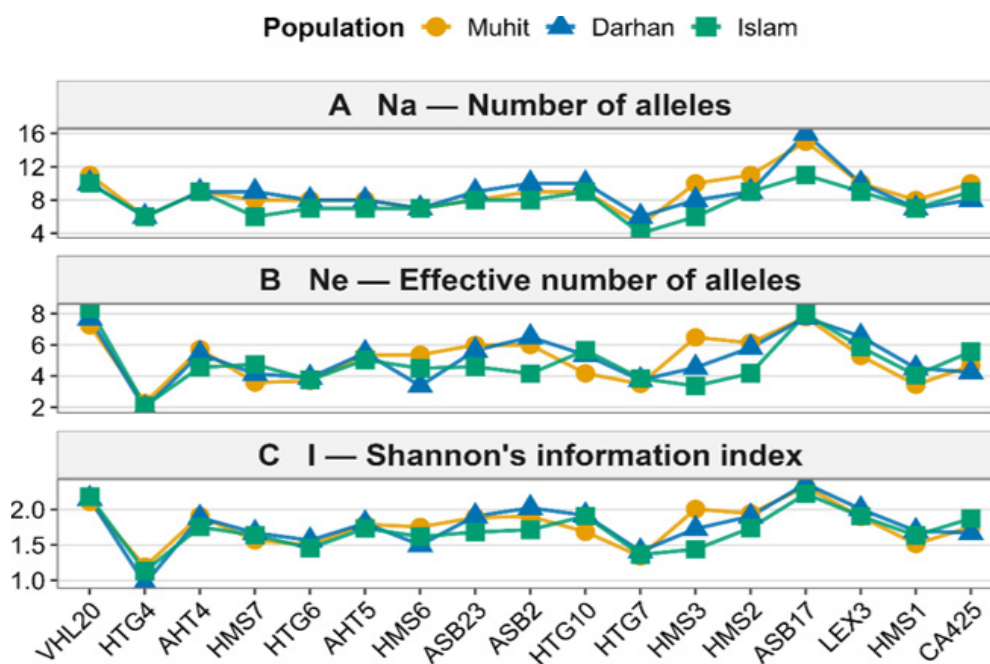
Нәтижелер.

Адай жылқысының үш популяциясындағы генетикалық әртүрлілікті бағалау мақсатында 17 микросателлиттік локус бойынша аллельдік көрсеткіштер есептелді (Сурет – 1). Зерттеуге барлығы 166 дара алынды, оның ішінде Мұхит шаруашылығынан – 67, Дархан шаруашылығынан – 56 және Ислам шаруашылығынан – 43 бас жылқы болды.

Зерттелген локустар бойынша аллельдер саны төрттен он алтыға дейін ауытқыды. Ең жоғары аллельдік әртүрлілік ASB17 локусында байқалды: Мұхит популяциясында 15, Дархан популяциясында 16 және Ислам популяциясында 11 аллель анықталды. VHL20 локусы да жоғары аллельдік әртүрлілікпен сипатталып, популяцияларға байланысты 10–11 аллельді қамтыды.

Ең төмен аллельдер саны HTG7 локусында анықталды. Бұл локус бойынша Мұхит популяциясында бес, Дархан популяциясында алты және Ислам популяциясында төрт аллель анықталды. HTG4 локусында барлық популяцияда алты аллельден анықталды.

Эффективті аллельдер саны зерттелген локустар бойынша 1,914-тен 8,329-ға дейін өзгерді. Ең жоғары эффективті аллельдер саны VHL20 локусында байқалды, оның мәні Ислам популяциясында 8,329 болды. ASB17 локусы да жоғары эффективті аллельдік әртүрлілікпен сипатталып, бұл көрсеткіш Мұхит, Дархан және Ислам популяцияларында тиісінше 7,773, 7,746 және 7,970 мәндерін құрады. Сонымен қатар ASB2 локусы бойынша эффективті аллельдер саны Мұхит популяциясында 5,989, Дархан популяциясында 6,499 және Ислам популяциясында 4,155 болды. Ең төмен эффективті аллельдер саны HTG4 локусында анықталды. Бұл локус бойынша Ne көрсеткіші Мұхит популяциясында 2,265, Дархан популяциясында 1,914 және Ислам популяциясында 2,088 болды. Салыстырмалы түрде төмен мәндер HTG7 локусында да байқалып, популяцияларға байланысты 3,491–3,840 аралығында өзгерді.



Сур. 1. Зерттеуге алынған үш популяция бойынша генетикалық әртүрлілік көрсеткіштерінің салыстырмалы нәтижесі.
[Fig. 1. Comparative analysis of genetic diversity parameters among the three studied populations].

Шеннонның ақпараттық индексі зерттелген локустар бойынша 0,955-тен 2,363-ке дейін өзгерді. Ең жоғары индекс ASB17 локусында анықталды: Мұхит популяциясында 2,322, Дархан популяциясында 2,363 және Ислам популяциясында 2,221 болды. VHL20 локусы да жоғары ақпараттылықпен сипатталып, Шеннон индексі Мұхит популяциясында 2,105, Дархан популяциясында 2,152 және Ислам популяциясында 2,180 мәндерін құрады. Сонымен қатар ASB2 локусында бұл көрсеткіш тиісінше 1,902, 2,023 және 1,715 болды.

Ең төмен Шеннон индексі HTG4 локусында анықталды. Бұл локус бойынша көрсеткіш Мұхит популяциясында 1,196, Дархан популяциясында 0,955 және Ислам популяциясында 1,133 болды. Төменірек ақпараттық мәндер HTG7 локусында да байқалып, үш популяцияда 1,339–1,412 аралығында өзгерді. Жалпы алғанда, VHL20 және ASB17 локустары жоғары эффективті аллельдер саны мен Шеннон индексінің мәндері бойынша ең ақпаратты маркерлер ретінде ерекшеленді, ал HTG4 локусы салыстырмалы түрде төмен генетикалық әртүрлілік көрсетті.

Популяциялар арасында аллельдердің орташа саны Мұхит популяциясында $8,941 \pm 0,546$, Дархан популяциясында $8,824 \pm 0,551$ және Ислам популяциясында $7,765 \pm 0,425$ мәндерді көрсетті. Эффективті аллельдер саны тиісінше $5,096 \pm 0,362$, $5,092 \pm 0,372$ және $4,838 \pm 0,373$ мәндерін құрады. Шеннонның ақпараттық индексі Дархан популяциясында $1,775 \pm 0,077$, Мұхит популяциясында $1,769 \pm 0,068$ және Ислам популяциясында $1,706 \pm 0,066$ болды.

Барлық зерттелген микросателлиттік локустар үш популяцияда да 100 % полиморфты болды. Жалпы үш популяция бойынша бір локусқа шаққандағы аллельдердің орташа саны $8,510 \pm 0,298$, ал эффективті аллельдердің орташа саны $5,008 \pm 0,209$ болды. Шеннонның ақпараттық индексі $1,750 \pm 0,040$ мәніне тең екені анықталды.

Кесте 1. Адай жылқысының зерттелген популяциялары бойынша генетикалық әртүрлілік және өзгергіштік көрсеткіштерінің орташа мәндері

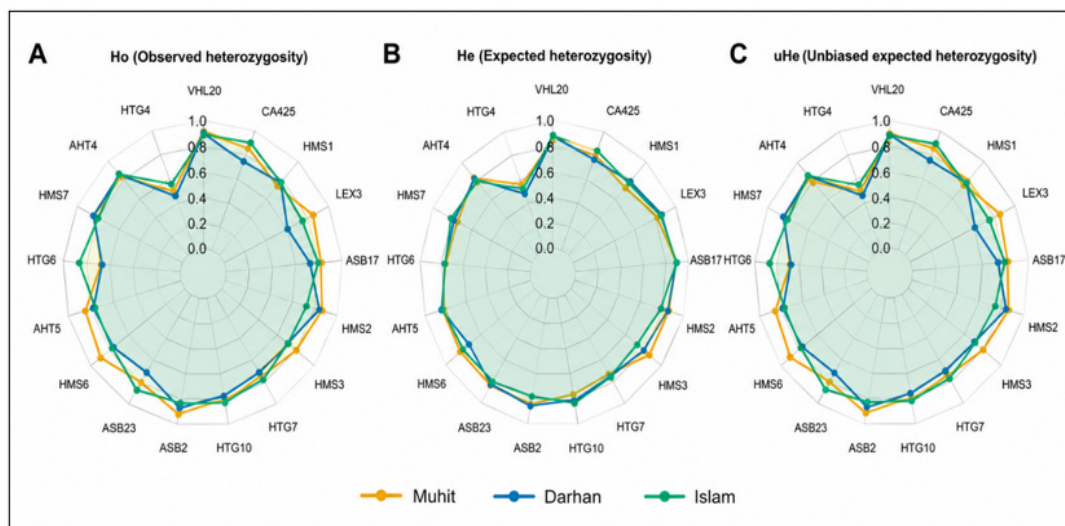
Популяция	Көрсеткіш	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
Мұхит	Орташа мән	8,941	5,096	1,769	0,805	0,784	0,789	-0,026
	SE	0,546	0,362	0,068	0,025	0,019	0,019	0,018
Дархан	Орташа мән	8,824	5,092	1,775	0,746	0,781	0,788	0,043
	SE	0,551	0,372	0,077	0,027	0,022	0,022	0,024
Ислам	Орташа мән	7,765	4,838	1,706	0,786	0,772	0,781	-0,021
	SE	0,425	0,373	0,066	0,020	0,019	0,020	0,019
Барлығы	Орташа мән	8,510	5,008	1,750	0,779	0,779	0,786	-0,001
	SE	0,298	0,209	0,040	0,014	0,011	0,012	0,012

Ескерту: Na – аллельдердің орташа саны; Ne – эффективті аллельдердің орташа саны; I – Шеннонның ақпараттық индексі; Ho – байқалған гетерозиготалық; He – күтілетін гетерозиготалық; uHe – үлгі көлеміне түзетілген күтілетін гетерозиготалық; F – фиксация индексі;

SE – стандарттық қате.

Зерттелген популяциялардың генетикалық өзгергіштігін бағалау үшін байқалған гетерозиготалық (Ho), күтілетін гетерозиготалық (He), үлгі көлеміне түзетілген күтілетін гетерозиготалық (uHe) және инбридинг коэффициенті (F) есептелді (Сурет – 2 және 3).

Байқалған гетерозиготалық (Ho) зерттелген локустар бойынша 0,446-дан 0,925-ке дейін өзгерді. Ең жоғары Ho мәні VHL20 және ASB2 локустарында Мұхит популяциясында анықталып, 0,925 болды. Сонымен қатар VHL20 локусы Дархан және Ислам популяцияларында да жоғары гетерозиготалықпен сипатталып, Ho көрсеткіші тиісінше 0,911 және 0,884 мәндерін құрады. Байқалған гетерозиготалық AHT4, HMS6 және CA425 локустарында да салыстырмалы түрде жоғары екені анықталды. Ең төмен Ho мәні HTG4 локусында байқалып, Дархан популяциясында 0,446, Мұхит популяциясында 0,493, ал Ислам популяциясында 0,558 болды.



Сур. 2. Зерттеуге алынған үш популяция бойынша генетикалық өзгергіштік көрсеткіштері.

[Fig. 2. Genetic variability parameters in the three studied populations].

Күтілетін гетерозиготалық (He) көрсеткіштері 0,478-ден 0,880-ге дейін өзгерді. Ең жоғары He мәні VHL20 локусында анықталып, Ислам популяциясында 0,880 болды. Сонымен қатар күтілетін гетерозиготалық ASB17, HMS3, HMS2, ASB23 және LEX3 локустарында да жоғары екені байқалды, олардың He мәндері негізінен 0,80-ден жоғары болды. Ең төмен He көрсеткіші HTG4 локусында анықталып, Дархан популяциясында 0,478, Ислам популяциясында 0,521, ал Мұхит популяциясында 0,558 болды.

Үлгі көлеміне түзетілген күтілетін гетерозиготалық (uHe) көрсеткіштері He мәндеріне ұқсас таралу сипаттап, 0,482-ден 0,890-ға дейін өзгерді. Ең жоғары uHe мәні VHL20 локусында Ислам популяциясында (0,890) анықталды, ал ең төмен көрсеткіш HTG4 локусында Дархан популяциясында

(0,482) байқалды. Үш популяция бойынша *uHe* мәндерінің *He* көрсеткіштерінен сәл жоғары болуы пайдаланылған түзетудің үлгі көлемінің айырмашылығын ескеретінін көрсетті.

Локустар бойынша фиксация индексінің (*F*) мәндері -0,172 мен 0,292 аралығында өзгерді. Ең төмен, яғни ең теріс *F* мәні HTG6 локусында Ислам популяциясында (-0,172) анықталды. Сонымен қатар теріс *F* мәндері HMS7, ASB2, АНТ4, VHL20, СА425 және басқа да бірқатар локустарда тіркеліп, бұл локустар бойынша байқалған гетерозиготалықтың күтілетін деңгейден жоғары екенін көрсетті.

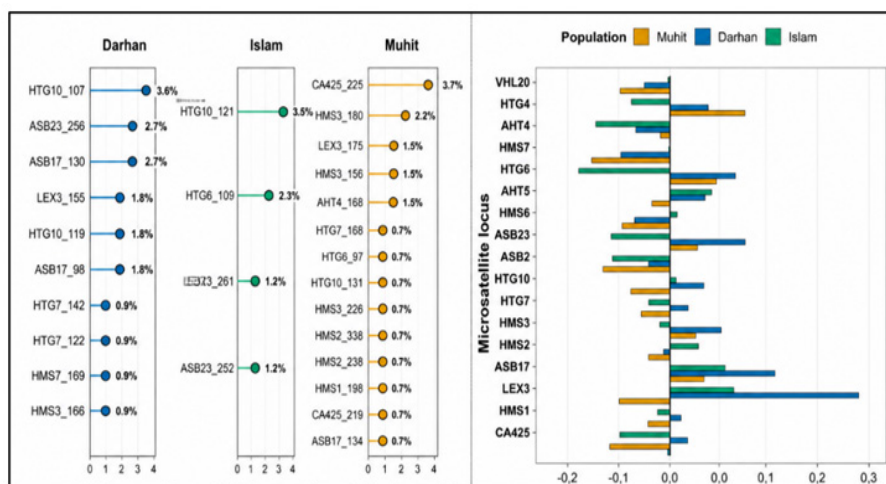
Керісінше, ең жоғары оң *F* мәні LEX3 локусында Дархан популяциясында (0,292) анықталды. Сондай-ақ салыстырмалы түрде жоғары оң мәндер ASB17 (0,165), ASB23 (0,132), HTG6 (0,111) және LEX3 локустарында Ислам популяциясында (0,103) байқалды.

Популяциялар бойынша орташа байқалған гетерозиготалық Мұхит популяциясында $0,805 \pm 0,025$, Ислам популяциясында $0,786 \pm 0,020$ және Дархан популяциясында $0,746 \pm 0,027$ болды. Күтілетін гетерозиготалық көрсеткіштері үш популяция арасында айтарлықтай айырмашылық көрсетпей, тиісінше $0,784 \pm 0,019$, $0,772 \pm 0,019$ және $0,781 \pm 0,022$ мәндерін құрады. Үлгі көлеміне түзетілген күтілетін гетерозиготалық (*uHe*) Мұхит, Дархан және Ислам популяцияларында сәйкесінше $0,789 \pm 0,019$, $0,788 \pm 0,022$ және $0,781 \pm 0,020$ болды. Фиксация индексінің орташа мәні Мұхит популяциясында $-0,026 \pm 0,018$, Ислам популяциясында $-0,021 \pm 0,019$, ал Дархан популяциясында $0,043 \pm 0,024$ болды.

Зерттелген үш популяция бойынша барлығы 29 дара аллель анықталды. Олардың ішінде ең көп дара аллельдер Мұхит популяциясында табылды (14 аллель), Дархан популяциясында 10, ал Ислам популяциясында 5 дара аллель анықталды (Сурет – 3).

Дара аллельдер жалпы 12 микросателлиттік локуста кездесті. Олардың ең көп саны HMS3 және HTG10 локустарында анықталды (әрқайсысында төрт аллель). Сонымен қатар ASB17, ASB23, HTG7 және LEX3 локустарында үштен, HMS2, HTG6 және СА425 локустарында екіден, ал АНТ4, HMS1 және HMS7 локустарында бір-бірден дара аллель табылды.

Дара аллельдердің жиілігі 0,007-ден 0,037-ге дейін аралықта екені байқалды. Ең жоғары жиілік Мұхит популяциясындағы СА425 локусының 225 аллелінде (0,037) және Дархан популяциясындағы HTG10 локусының 107 аллелінде (0,036) анықталды. Ислам популяциясында ең жоғары жиілік HTG10 локусындағы 121 аллельге тиесілі болып, 0,035 құрады. Жалпы алғанда, анықталған дара аллельдердің басым бөлігі төмен жиілікте (0,007–0,027) кездесті.



Сур.3. Әр популяция бойынша анықталған дара аллельдер мен олардың кездесу жиілігі (сол жақта) және инбридинг дәрежесі (оң жақта).

[Fig. 3. Private alleles and their frequencies in each population (left) and the degree of inbreeding (right)].

Адай жылқысының зерттелген үш популяциясындағы генетикалық құрылым мен дифференциация деңгейін бағалау үшін Райт *F*-статистикалары – *F_{IS}*, *F_{IT}* және *F_{ST}*, сондай-ақ ген ағынының теориялық көрсеткіші *N_m* есептелді.

Локустар бойынша *F_{IS}* мәні -0,087-ден 0,112-ге дейін өзгерді. Ең жоғары мәндер LEX3 (*F_{IS}* = 0,112) және ASB17 (*F_{IS}* = 0,106) локустарында анықталып, осы маркерлер бойынша гетерозиготалардың салыстырмалы тапшылығына ие болды. Керісінше, HMS7 (*F_{IS}* = -0,087), ASB2 (*F_{IS}* = -0,082), АНТ4 (*F_{IS}* = -0,054), СА425 (*F_{IS}* = -0,046) және HMS6 (*F_{IS}* = -0,045) локустарында гетерозиготалардың артықшылығы байқалды.

Популяциялар арасындағы генетикалық дифференциацияның деңгейін анықтау үшін F_{ST} мәні есептелді. Локустар бойынша F_{ST} мәні 0,007-ден 0,044-ке дейін өзгерді. Ең жоғары генетикалық дифференциация LEX3 локусында анықталды ($F_{ST}=0,044$). Одан кейін ASB23 ($F_{ST}=0,036$), HMS7 ($F_{ST}=0,027$), HMS6 ($F_{ST}=0,025$) және HTG10 ($F_{ST}=0,024$) локустары ерекшеленді. Ең төмен F_{ST} мәндері VHL20, HTG6 және АНТ5 локустарында анықталды.

Барлық популяциялар біртұтас генетикалық жиынтық ретінде қарастырылған кездегі жалпы фиксация индексі үшін F_{IT} мәні есептелді. Локустар бойынша F_{IT} мәні -0,060 пен 0,151 аралығында өзгерді. Ең жоғары көрсеткіш LEX3 локусында анықталды ($F_{IT}=0,151$), бұл осы локус бойынша барлық популяциялар біріктірілген кезде гетерозиготалардың айқын тапшылығы байқалғанын көрсетеді. Сонымен қатар ASB17 ($F_{IT}=0,113$), ASB23 ($F_{IT}=0,065$), HMS3 ($F_{IT}=0,061$), HTG4 ($F_{IT}=0,047$) және АНТ5 ($F_{IT}=0,042$) локустарында оң мәндер анықталды. Керісінше, ASB2 ($F_{IT}=-0,060$), HMS7 ($F_{IT}=-0,058$), АНТ4 ($F_{IT}=-0,041$), VHL20 ($F_{IT}=-0,034$) және СА425 ($F_{IT}=-0,032$) локустарындағы мәндер гетерозиготалардың күтілетін деңгейден артық болғанын көрсетті. Локустар бойынша (N_m) мәні 5,386-дан 36,699-ға дейін өзгерді. Ең жоғары ген ағыны VHL20 локусында ($N_m=36,699$), ал ең төмен көрсеткіш LEX3 локусында ($N_m=5,386$) анықталды.

Үш популяция бойынша есептелген F-статистикалардың орташа мәндері $F_{IS}=0,000\pm 0,014$, $F_{IT}=0,018\pm 0,014$ және $F_{ST}=0,018\pm 0,003$ көрсетті. Ген ағынының теориялық орташа көрсеткіші $N_m=18,876\pm 2,650$ болды.

Кесте 2. зерттеуге алынған үш популяция бойынша генетикалық құрылым мен дифференциация деңгейі.

Локус	FIS	FIT	FST	Nm
VHL20	-0,041	-0,034	0,007	36,699
HTG4	0,039	0,047	0,008	29,523
АНТ4	-0,054	-0,041	0,013	18,940
HMS7	-0,087	-0,058	0,027	9,096
HTG6	0,006	0,013	0,007	34,486
АНТ5	0,035	0,042	0,007	34,094
HMS6	-0,045	-0,019	0,025	9,877
ASB23	0,030	0,065	0,036	6,701
ASB2	-0,082	-0,060	0,020	12,356
HTG10	0,005	0,029	0,024	10,228
HTG7	-0,017	-0,008	0,009	28,534
HMS3	0,043	0,061	0,019	12,903
HMS2	0,001	0,021	0,020	11,947
ASB17	0,106	0,113	0,008	30,829
LEX3	0,112	0,151	0,044	5,386
HMS1	-0,010	0,012	0,022	11,146
СА425	-0,046	-0,032	0,014	18,139
Орташа мән $\pm$ SE	0,000 $\pm$ 0,014	0,018 $\pm$ 0,014	0,018 $\pm$ 0,003	18,876 $\pm$ 2,650

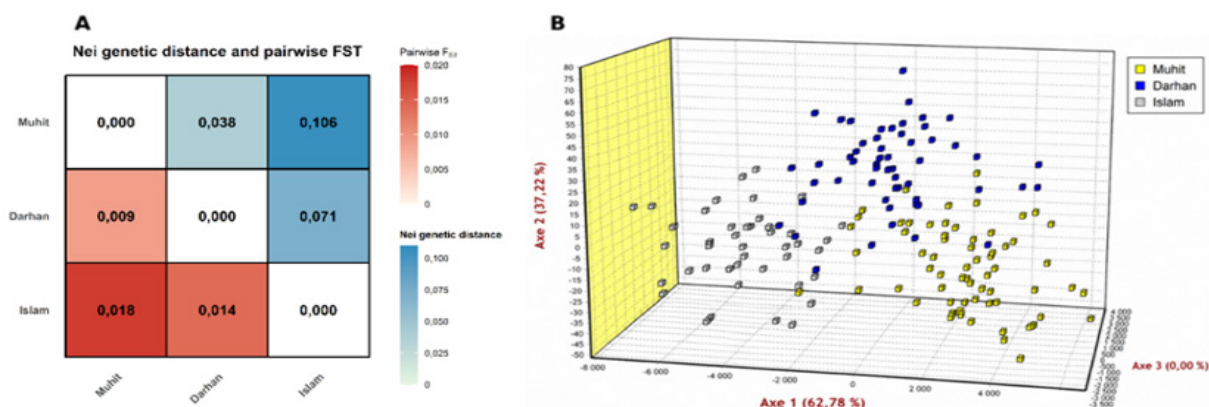
Популяциялар арасындағы генетикалық қатынастарды бағалау үшін N_{ei} бойынша үлгі көлеміне түзетілген генетикалық дистанциясы (*Nei Unbiased Genetic Distance*) және жұптық F_{ST} көрсеткіштері есептелді (Сурет – 4А).

N_{ei} -дің түзетілген генетикалық дистанциясы бойынша ең төмен мән Мұхит пен Дархан популяциялары арасында анықталып, 0,038 болды. Дархан мен Ислам популяциялары арасындағы генетикалық дистанция 0,071, ал ең жоғары мән Мұхит пен Ислам популяциялары арасында анықталып, 0,106 құрады.

Жұптық F_{ST} көрсеткіштері 0,009–0,018 аралығында ауытқыды. Ең төмен F_{ST} мәні Мұхит пен Дархан популяциялары арасында анықталды ($F_{ST}=0,009$). Дархан мен Ислам популяциялары арасында бұл көрсеткіш 0,014, ал Мұхит пен Ислам популяциялары арасында 0,018 болды.

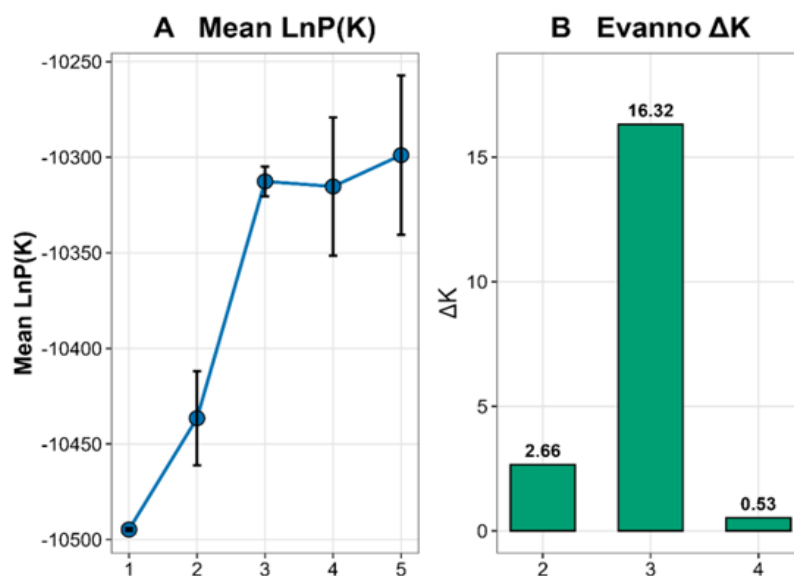
Зерттелген Адай жылқысы популяцияларының генетикалық құрылымын бағалау үшін көпөл-

шемді факторлық талдау (AFC – Factorial Correspondence Analysis) және Bayesian clustering негізіндегі STRUCTURE талдауы жүргізілді.



Сур. 4. Популяциялар арасындағы генетикалық қашықтық (А) және негізгі компоненттер талдауының (Б) нәтижелері
[Fig. 4. Genetic distance among populations (A) and results of principal component analysis (B)]

AFC кеңістігінде зерттелген даралардың орналасуы үш популяция арасында белгілі бір генетикалық құрылым бар екенін көрсетті (Сурет – 4В). AFC1 жалпы генетикалық өзгергіштіктің 62,78 %-ын, AFC2 37,22 %-ын түсіндірді. Дархан популяциясының даралары негізінен екінші AFC2 бойынша жоғары мәндері аймағында шоғырланып, екі популяциядан салыстырмалы түрде айқынырақ ажырады. Ислам популяциясының даралары көбіне AFC1 бойынша теріс бағытындағы бөлігінде орналасса, Мұхит популяциясы AFC1 бойынша оң мәндер аймағына көбірек ығысқан. Сонымен қатар топтардың таралу аймақтарында ішінара қабаттасу да байқалды.

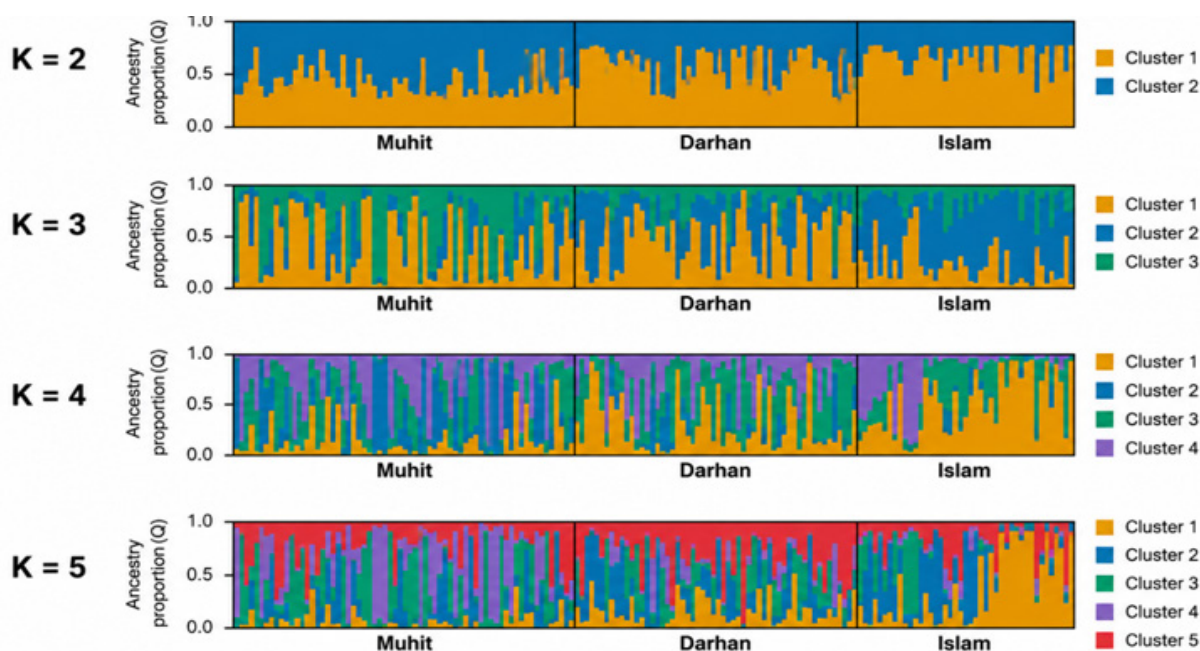


Сур. 5. Зерттелген жылқы популяциялары үшін генетикалық кластерлердің оңтайлы санын (K) анықтау: А – K мәндеріне байланысты орташа LnP(K) көрсеткіштері; В – Evanno әдісі бойынша ΔK мәндері.
[Fig. 5. Determination of the optimal number of genetic clusters (K) for the studied horse populations: A – mean LnP(K) values across K values; B – ΔK values according to the Evanno method].

STRUCTURE талдауы 1 және 5 K аралығында жүргізілді. Mean LnP(K) көрсеткіші K=1-ден K=3-ке дейін айқын жоғарылап, одан кейін K=4-5 деңгейлерінде салыстырмалы түрде тұрақтанды (Сурет – 5А). Evanno әдісі бойынша ең жоғары ΔK = 16,32 мәні K = 3 кезінде анықталды (Сурет – 5В). Салыстыру үшін ΔK көрсеткіші K=2 кезінде 2,66, ал K=4 кезінде тек 0,53 болды. Осыған байланысты зерттелген популяциялар үшін генетикалық кластерлердің ең ықтимал және оңтайлы саны K = 3 екені анықталды.

K=2–5 аралығындағы STRUCTURE нәтижелері зерттелген популяциялардың генетикалық

құрылымының күрделі және аралас сипатта екенін көрсетті (Сурет – 6). $K=2$ кезінде екі негізгі генетикалық компоненттің популяциялар бойынша әртүрлі арақатынасы байқалды. K санының 3-ке дейін ұлғаюымен үшінші генетикалық компонент бөлініп, Мұхит, Дархан және Ислам популяциялары арасындағы құрылымдық айырмашылықтар анығырақ көрінді. Сонымен бірге әр популяцияның ішінде бірнеше генетикалық компоненттің болуы даралардың едәуір бөлігінде аралас тектіліктің (Admixture) бар екенін көрсетті.



Сур. 6. Мұхит, Дархан және Ислам популяцияларының STRUCTURE талдауы негізінде анықталған генетикалық құрылымы ($K=2-5$).

Әрбір тік баған жеке дараны, ал түрлі түстер оның генетикалық кластерлерге тиістілік үлесін (Q) көрсетеді.

[Fig. 6. Genetic structure of the Mukhit, Darkhan, and Islam populations inferred from STRUCTURE analysis ($K=2-5$). Each vertical bar represents an individual, while different colors indicate the proportion of membership (Q) in the genetic clusters].

Evanno критерийі бойынша оңтайлы $K=3$ моделіне сүйенсек, үш генетикалық кластердің ешқайсысы зерттелген популяциялардың біреуіне ғана абсолютті түрде тән емес екені байқалады. Мұхит, Дархан және Ислам топтарының барлығында үш кластердің компоненттері әртүрлі пропорцияда кездеседі. Дегенмен олардың салыстырмалы үлестері популяциялар арасында өзгереді: Мұхит популяциясында бірінші кластер компоненті салыстырмалы түрде көбірек байқалса, Дархан мен әсіресе Ислам популяциясында екінші компоненттердің үлесі артады. Ал Мұхит популяциясы үшінші кластер арқылы Дархан мен Ислам популяциясынан ажыратылады. Бұл көрініс AFC нәтижелеріндегі популяциялар арасындағы ішінара ажырау және сонымен қатар олардың бір-бірімен қабаттасуымен сәйкес келеді.

Талқылау.

Зерттеу нәтижелері Адай жылқысының Мұхит, Дархан және Ислам популяцияларында жоғары деңгейдегі микросателлиттік полиморфизмнің сақталғанын көрсетті. Зерттелген 17 STR локусының барлығы үш популяцияда да полиморфты болды, Анықталған нәтижелер Адай жылқыларының популяцияішілік генетикалық әртүрлілігінің салыстырмалы түрде жоғары екенін көрсетеді.

Адай жылқысына жүргізілген алдыңғы STR зерттеуімен салыстырғанда қазіргі нәтижелер осы тұқымның аллельдік қорының жоғары деңгейде сақталғанын көрсетеді [Kargayeva және т.б., 2020] Маңғыстау облысындағы «Таушық» шаруашылығынан алынған 33 Адай жылқысын 17 микросателлиттік локус бойынша зерттеп, барлығы 122 аллель және бір локусқа шаққанда орта есеппен 7,17 аллель анықтаған [Kargayeva және т.б., 2020: 55–61]. Біздің зерттеуде үш шаруашылықтағы іріктемеде орташа аллельдер саны 8,510 болды. Бұл айырмашылық іріктеме көлемінің ұлғаюымен, үш түрлі шаруашылықтың қамтылуымен және әр популяциядағы сирек аллельдердің қосымша анықталуымен байланысты болуы мүмкін.

Адай жылқысындағы анықталған генетикалық әртүрлілік Қазақстанның басқа жергілікті жылқы тұқымдарында алынған нәтижелермен де сәйкес келеді. Seleuova et al. Мұғалжар жылқысының 70

дарасын 16 STR локусы бойынша зерттеп, бір локусқа шаққандағы орташа аллельдер санын 7,882, эффективті аллельдер санын 4,457, байқалған гетерозиготалықты 0,7546 және күтілетін гетерозиготалықты 0,7757 деп көрсеткен [Seleuova және т.б., 2018]. Сонымен қатар ең жоғары полиморфизм ASB17 локусында анықталған. Ал бұл зерттеудегі Адай жылқысы популяцияларында орташа N_a 7,765–8,941, ал N_e 4,838–5,096 аралығында болды, яғни бұл көрсеткіштер Мұғалжар жылқысындағы мәндермен салыстырмалы немесе біршама жоғары. ASB17 локусының жоғары ақпараттылығы екі зерттеуде де байқалуы осы маркердің қазақтың жергілікті жылқы популяцияларындағы генетикалық әртүрлілікті бағалауда жоғары ақпараттық құндылыққа ие екенін көрсетеді.

Осыған ұқсас нәтижелер Blohina және Khrabrova зерттеуінде де алынған. Авторлар 15 жергілікті жылқы тұқымының 2193 дарасын 17 STR локусы бойынша зерттеп, көптеген жергілікті тұқымдарда жоғары генетикалық әртүрлілік пен сирек немесе жеке аллельдердің сақталғанын анықтаған [Blohina және т.б., 2025]. Атап айтқанда, Мұғалжар жылқысында бір локусқа шаққандағы орташа аллельдер саны 9,060, эффективті аллельдер саны 5,051, $H_o=0,801\pm0,022$, $H_e=0,781\pm0,019$ және $F_{IS}=-0,025$ болған. Бұл көрсеткіштер әсіресе Мұхит популяциясындағы $N_a=8,941$, $N_e=5,096$, $H_o=0,805$, $H_e=0,784$ және $F=-0,026$ мәндеріне өте жақын. Мұндай ұқсастық Қазақстанның жергілікті табынды жылқыларында генетикалық әртүрліліктің салыстырмалы түрде жоғары деңгейде сақталуы ортақ ерекшелік болуы мүмкін екенін көрсетеді.

Қызылорда және Қарағанды өңірлеріндегі жылқы популяциялары 25 STR локусы бойынша зерттеліп, барлық локустардың полиморфты екені, орташа $H_o=0,780\pm0,016$, $H_e=0,765\pm0,010$ және Шеннон индексі $1,68\pm0,04$ болғаны анықталған [Досыбаев және т.б., 2023: 80–89]. Қазіргі Адай популяцияларында $H_o=0,746-0,805$, $H_e=0,772-0,784$ және $I=1,706-1,775$ аралығында өзгерді. Осылайша, Адай жылқысында байқалған генетикалық өзгергіштік Қазақстандағы басқа жергілікті жылқы популяцияларында анықталған нәтижелерге сәйкес келетіні анықталды.

Зерттелген Адай жылқысы популяцияларында байқалған гетерозиготалықтың орташа мәні Мұхитта $0,805\pm0,025$, Исламда $0,786\pm0,020$ және Дарханда $0,746\pm0,027$ болды. Күтілетін гетерозиготалық сәйкесінше $0,784\pm0,019$, $0,772\pm0,019$ және $0,781\pm0,022$ мәндерін құрады. Мұхит пен Ислам популяцияларында H_o көрсеткішінің H_e мәнінен шамалы жоғары болуы гетерозиготалардың әлсіз артықшылығын көрсетсе, керсінше Дархан популяциясында гетерозиготалардың салыстырмалы тапшылығы байқалды. Соған сәйкес орташа фиксация индексі Мұхитта $-0,026$, Исламда $-0,021$, ал Дарханда $0,043$ болды.

Жергілікті жылқы тұқымдарының көпшілігінде теріс немесе нөлге жуық F_{IS} мәндері байқалатыны Blohina және Khrabrova зерттеуінде де көрсетілген [Blohina және т.б., 2025]. Авторлар мұндай жағдайды зерттелген популяцияларда айқын инбридингтің болмауы және генетикалық теңгерімнің салыстырмалы түрде сақталуымен байланыстырады. Сондықтан Мұхит пен Ислам популяцияларындағы теріс F мәндерін айқын инбридингтің жоқтығын көрсететін белгі ретінде қарастыруға болады. Дархан популяциясындағы әлсіз оң F мәні гетерозиготалардың белгілі бір тапшылығын көрсеткенімен, оның шамасы жоғары емес және бұл популяцияда күшті инбридинг қалыптасқан деген қорытынды жасауға жеткіліксіз. Дегенмен алдағы селекциялық жұмыстарда аталықтарды қолдануда инбридинг мәселесін ескере отырып жұптастыру жоспарын жүргізу ұсынылады.

Локустар бойынша айырмашылықтардың болуы да назар аударуға тұрарлық. Адай жылқысында LEX3 локусында Дархан популяциясында ең жоғары оң $F=0,292$ мәні анықталды, ал кейбір басқа локустарда теріс мәндер байқалды. Seleuova et al. зерттеуінде де Мұғалжар жылқысында жекелеген локустар бойынша F_{IS} мәндерінің бағыты әртүрлі болған және LEX3 локусында гетерозиготалардың айқын тапшылығы байқалған [Seleuova және т.б., 2018]. Бұл жекелеген маркерлердегі гетерозиготалық тапшылығы жалпы популяциялық инбридингтен бөлек қарастырылуы керектігін көрсетеді.

Зерттелген үш популяцияда жалпы 29 дара аллель анықталды: Мұхит популяциясында 14, Дарханда 10 және Исламда 5 аллель. Олар 12 STR локусында кездесті және басым бөлігінің жиілігі $0,007-0,027$ аралығында болды. Дара аллельдердің болуы әр шаруашылықта жалпы Адай генофонды аясында белгілі бір жергілікті генетикалық варианттардың сақталғанын көрсетеді.

Бұл нәтиже жергілікті жылқы тұқымдарына тән құбылыс ретінде қарастырылуы мүмкін. Blohina және Khrabrova жергілікті жылқы тұқымдарында көптеген сирек және ерекше STR аллельдердің сақталғанын көрсеткен [Blohina және т.б., 2025]. Олардың зерттеуінде Мұғалжар жылқысында CA425E аллелі тек осы тұқымда және өте төмен, $0,009$ жиілікте анықталған. Сондықтан қазіргі зерттеуде төмен жиілікті дара аллельдердің анықталуы Адай жылқысындағы сирек генетикалық варианттар-

дың жергілікті деңгейде сақталуымен түсіндірілуі мүмкін.

Мұхит популяциясында дара аллельдер санының көбірек болуы оның генетикалық қорының салыстырмалы ерекшелігін көрсетуі мүмкін. Дегенмен бұл нәтижені популяцияның толық оқшаулануы ретінде түсіндіруге болмайды, өйткені басқа көрсеткіштер, әсіресе төмен F_{ST} , жұптық генетикалық қашықтықтар және STRUCTURE нәтижелері үш популяция арасында айтарлықтай генетикалық ортақтық бар екенін көрсетті. Сондықтан дара аллельдер бұл жағдайда толық генетикалық оқшаулануды емес, ортақ генофонд ішінде сирек жергілікті варианттардың сақталуын сипаттайды. Сонымен қатар дара аллельдер санының көбірек болуы өнімділігі жоғары аталық іздің жиі қолдануменде түсіндіруге болады.

Үш популяция бойынша Райттың F-статистикаларының орташа мәндері $F_{IS}=0,000\pm 0,014$, $F_{IT}=0,018\pm 0,014$ және $F_{ST}=0,018\pm 0,003$ болды. F_{IS} мәні зерттелген іріктеме бойынша гетерозиготалардың жалпы тапшылығы байқалмайтынын көрсетеді. Бұл нәтиже Адай жылқысының үш популяциясында STR маркерлері деңгейінде популяция ішілік инбридинг белгісі жоқ екенін көрсетеді.

$F_{ST}=0,018$ мәні популяциялар арасындағы генетикалық дифференциацияның төмен екенін көрсетеді. Бұл жағдайда генетикалық өзгергіштіктің негізгі бөлігі шаруашылықтар арасындағы айырмашылықтардан гөрі популяциялар ішіндегі даралар деңгейінде сақталған деп түсіндіруге болады. Қазақстан жылқыларына жүргізілген басқа STR зерттеулерінде де төмен немесе салыстырмалы әлсіз популяциялық жіктелу анықталған. Мысалы, Қызылорда және Қарағанды жылқыларында локустар бойынша F_{ST} мәндерінің $0,001-0,056$ аралығында болғанын көрсетілген [Досыбаев және т.б., 2023: 80–89]. Қазақстанның жеті жылқы популяциясын 11 STR маркерімен зерттеуде, жергілікті популяциялар арасында генетикалық құрылым болғанымен, олардың айқын толық оқшауланбағанын көрсеткен [Orazymbetova және т.б., 2023]. Бұл қазіргі Адай нәтижелерімен концептуалды түрде сәйкес келеді: шаруашылықтар арасында белгілі бір субқұрылым байқалғанымен, жалпы дифференциация әлсіз.

F_{IT} көрсеткішінің орташа мәні $0,018$ болуы барлық популяцияларды біртұтас жиынтық ретінде қарастырғанда жалпы гетерозигота тапшылығының өте әлсіз екенін көрсетеді. Сонымен бірге LEX3 және ASB17 сияқты жекелеген локустарда жоғары оң F_{IT} мәндерінің болуы локус деңгейіндегі ерекшеліктердің бар екенін көрсетеді. Сондықтан жалпы популяциялық көрсеткіштерді жеке локустардағы ауытқулардан ажыратып қарастыру маңызды.

Ген ағынының теориялық орташа көрсеткіші $Nm=18,876\pm 2,650$ болды. Мұндай жоғары есептік мән популяциялар арасындағы генетикалық оқшауланудың әлсіздігін және ортақ генетикалық қордың сақталғанын көрсетуі мүмкін. Шаруашылықтар арасында жылқы алмасу, өндіруші айғырларды пайдалану немесе тарихи ортақ ата-тектік қор мұндай генетикалық ұқсастықтың ықтимал себептері болуы мүмкін. Дегенмен Nm F_{ST} мәніне негізделген теориялық модельдік көрсеткіш болғандықтан, оны қазіргі уақыттағы нақты мигранттардың саны ретінде түсіндіруге болмайды. Сондықтан бұл көрсеткіш популяциялар арасындағы генетикалық байланысты жанама сипаттайтын параметр ретінде ғана қарастырылады. Сонымен қатар зерттелген популяциялар бір тұқым екенінде ескеру керек, яғни миграция жүруіне ол үлкен себеп, екінші мәселе шаруашылықтардың эволюциялық тарихы ұзақ еместігі белгілі.

N_e генетикалық дистанциясы және жұптық F_{ST} нәтижелері үш шаруашылық арасында әлсіз, бірақ бағытталған генетикалық айырмашылықтардың бар екенін көрсетті. Ең жақын жұп Мұхит пен Дархан популяциялары болды: N_e бойынша дистанциясы $0,038$ және жұптық $F_{ST}=0,009$. Дархан мен Ислам арасында генетикалық дистанция $0,071$ және $F_{ST}=0,014$ болса, ең үлкен айырмашылық Мұхит пен Ислам популяциялары арасында анықталды: генетикалық дистанция $0,106$ және $F_{ST}=0,018$. Бұл мәндердің барлығы абсолюттік тұрғыдан жоғары емес, сондықтан үш популяцияны бір-бірінен терең генетикалық ажыраған топтар ретінде қарастыруға негіз жоқ. Дегенмен жұптық қашықтықтардың бір бағытта өзгеруі Мұхит-Дархан жұбының генетикалық тұрғыдан салыстырмалы жақын, ал Мұхит-Ислам жұбының салыстырмалы алысырақ екенін көрсетеді. Мұндай әлсіз ішкі дифференциация шаруашылықтардағы селекциялық тарих, айғырларды таңдау, табындардың қалыптасу ерекшеліктері және сирек аллельдердің әртүрлі таралуы нәтижесінде қалыптасуы мүмкін.

AFC талдауы үш популяция арасында белгілі бір генетикалық құрылым бар екенін көрсетті. Дархан даралары факторлық кеңістікте салыстырмалы ерекшеленсе, Мұхит және Ислам популяциялары да белгілі бағыттар бойынша ығысу көрсетті. Сонымен бірге топтардың таралу аймақтары ішінара қабаттасты. Мұндай көрініс популяциялардың толық оқшауланбағанын, бірақ олардың генетикалық

құрамында әлсіз субқұрылым бар екенін көрсетеді.

STRUCTURE талдауы бұл қорытындыны толықтырды. Evanno критерийі бойынша ең ықтимал генетикалық кластерлер саны $K=3$ болды, ал ΔK максималды мәні 16,32-ге жетті. Дегенмен $K=3$ моделінде үш кластердің ешқайсысы жеке бір шаруашылыққа абсолютті түрде тән болған жоқ: Мұхит, Дархан және Ислам популяцияларының барлығында бірнеше генетикалық компонент әртүрлі пропорцияларда кездесіп, айқын *Admixture* байқалды. Сондықтан $K=3$ нәтижесін «үш шаруашылық үш жеке генетикалық популяцияға толық сәйкес келеді» деп түсіндіру дұрыс емес. Керісінше, ол ортақ генетикалық негіздің ішінде үш негізгі компоненттің бар екенін және олардың салыстырмалы жиіліктері шаруашылықтар арасында өзгеретінін көрсетеді. AFC-дегі қабаттасу, төмен F_{ST} және STRUCTURE нәтижелері бір-бірін толықтырып, Адай жылқысының зерттелген популяцияларында әлсіз, бірақ анықталатын субқұрылым бар екенін көрсетеді.

Бұл нәтиже Қазақстан жылқыларына жүргізілген кең ауқымды зерттеулермен де үйлеседі. Geringguli және т.б., mtDNA D-loop деректері бойынша қазақ жылқыларында жоғары генетикалық әртүрлілік пен күрделі популяциялық тарихты көрсеткен [Geringguli және т.б., 2016]. Жақында Ualiyeva және т.б., Қазақстанның жергілікті жылқыларын, соның ішінде Адай тұқымын, митохондриялық COI және *cytb* гендері бойынша зерттеп, жоғары гаплотиптік әртүрлілікпен қатар әлсіз тұқымдық құрылым және популяциялар арасындағы тарихи генетикалық байланыстарды анықтаған [Ualiyeva және т.б., 2026]. Бұл mtDNA деректері қазіргі STR нәтижелерін тікелей алмастырмайды, бірақ Адай және басқа қазақ жылқыларында генетикалық әртүрліліктің жоғары әрі популяциялық жіктелудің салыстырмалы әлсіз болуы кеңірек тарихи генетикалық үдерістермен үйлесетінін көрсетеді.

Жалпы алғанда, алынған нәтижелер Адай жылқысының Мұхит, Дархан және Ислам популяцияларында генетикалық әртүрліліктің жоғары деңгейде сақталғанын көрсетеді. Адай жылқысының зерттелген үш популяциясын толық оқшауланған генетикалық топтар емес, ортақ генетикалық негізі бар, бірақ салыстырмалы әлсіз субқұрылыммен және *admixture* сипатымен ерекшеленетін популяциялар жүйесі ретінде сипаттауға болады.

Қорытынды.

17 STR локусы бойынша Адай жылқысына тиесілі үш популяцияның генетикалық әртүрлілігі талданды. Қолданылған барлық STR локустарының полиморфты болуы, аллельдердің орташа санының $8,510 \pm 0,298$ және эффективті аллельдер санының $5,008 \pm 0,209$ болуы Адай жылқысының зерттелген популяцияларында аллельдік әртүрліліктің жоғары екенін сипаттайды. Байқалған және күтілетін гетерозиготалық көрсеткіштерінің салыстырмалы жоғары болуы да зерттелген популяцияларда генетикалық өзгергіштіктің жеткілікті деңгейде сақталғанын көрсетеді.

Жалпы F_{IS} мәні зерттелген іріктемеде айқын гетерозигота тапшылығының байқалмағанын көрсетті. Сонымен қатар $F_{ST}=0,018$ болуы Мұхит, Дархан және Ислам популяциялары арасындағы генетикалық дифференциацияның төмен деңгейде екенін және олардың генетикалық тұрғыдан өзара жақын екенін дәлелдейді. Популяциялар арасындағы жұптық салыстырулар Мұхит пен Дарханның генетикалық тұрғыдан ең жақын, ал Мұхит пен Исламның салыстырмалы түрде ерекшеленетін жұп екенін көрсетті.

Зерттелген үш популяцияда барлығы 29 дара аллельдің анықталуы ортақ генетикалық қор аясында әр шаруашылыққа тән сирек генетикалық варианттардың сақталғанын көрсетеді. Дара аллельдердің ең көп саны Мұхит популяциясында анықталды, бұл популяцияның өзіндік генетикалық қорын сипаттайды және оны сақтау селекциялық жұмыстар барысында генетикалық әртүрліліктің тарылуына жол бермеу тұрғысынан маңызды.

AFC және STRUCTURE талдаулары F-статистикалар мен генетикалық қашықтық нәтижелерін толықтыра отырып, зерттелген популяциялар арасында әлсіз генетикалық субқұрылымның бар екенін анықтады. STRUCTURE талдауында $K=3$ ең ықтимал модель ретінде анықталғанымен, популяциялардың толық генетикалық оқшауланбағанын және олардың ортақ генетикалық негізінің сақталғанын көрсетеді.

Осылайша, зерттелген Адай жылқылары жоғары генетикалық әртүрлілікпен, төмен популяцияаралық дифференциациямен және *Admixture* сипатындағы әлсіз генетикалық субқұрылыммен ерекшеленді. Алынған нәтижелер Адай жылқысының қазіргі генетикалық жағдайын сипаттайтын молекулалық-генетикалық деректерді толықтырады және тұқымның генетикалық ресурстарын сақтау үшін популяциялардағы генетикалық әртүрлілікті тұрақты бақылаудың маңыздылығын көрсетеді.

Анықталған популяциялық ерекшеліктер мен сирек дара аллельдерді ескеру генетикалық әртүрлілікті сақтауға, өндіруші аталықтарды негізді іріктеуге және Адай жылқысына бағытталған селекциялық бағдарламаларды жетілдіруге ғылыми негіз бола алады.

REFERENCES

- Barmincev Yu.N. (1958). *Evolutsiya konskikh porod v Kazakhstane*. — Alma-Ata: Kazgosizdat. 281 p. [in Russ.].
- Dossybaev K.Zh., Sydykov D.A., Kapas T., Orazymbetova Z.S., Kozhanov Zh.E., Akhmetysadykova Sh.N., Baktybaev G.T., Akhmetov U.A., Baisaparov A.N., Nurmakhanbetov D.M., Turmukhametov Zh.S. (2023). Kyzylorda zhane Karagandy aymaktarynda osiriletin zhylyky populyatsiyalarynyn genetikalyk polimorfizmin bagalau. *Experimental Biology*. 2023. № 1 (94). Pp. 80–89. <https://doi.org/10.26577/eb.2023.v94.i1.07>; [in Kaz.].
- Kargayeva M.T. (2022). *Biologicheskie i produktivnye osobennosti adaevskikh loshadey v usloviyakh poluostrova Mangyshlak: dissertatsionnoe issledovanie*. 2022. [in Russ.].
- Nurushev M.Zh. (2005). *Adaevskaya loshad: evolyutsiya, sovremennoe sostoyanie i perspektivy razvedeniya*. — Astana: Astana-Poligrafiya. 383 p. [in Russ.].
- Nurushev M.Zh. (2007). Genofond adaevskikh loshadey Zapadnogo Kazakhstana. *Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. 2007. Pp. 127–128. [in Russ.].
- Sydykov D.A., Orazymbetova Z.S. (2017). Molekulyarno-geneticheskie metody v lineynom razvedenii loshadey kozhamberdinskoy porodnoy grupy. *Konevodstvo i konnyy sport*. 2017. № 4. Pp. 24–25. [in Russ.].
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N., Bonhomme F. (2004). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations. Montpellier: Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171, Université de Montpellier II. 2004.
- Beyshova I., Kikebayev N., Kokanov S., Chuzhebayeva G., Nametov A.M. (2013). Genetic polymorphism of 17 microsatellite DNA loci in main lines of Kostanay breed horses. *Life Science Journal*. 2013. Vol. 10(10s). Pp. 85–91.
- Blohina N.V., Khrabrova L.A. (2025). Genetic characteristics of local horse breeds by microsatellite DNA loci. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii // Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2025. Vol. 29. № 1. Pp. 113–121. <https://doi.org/10.18699/vjgb-25-13>.
- Evanno G., Regnaut S., Goudet J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*. 2005. Vol. 14. № 8. Pp. 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>.
- Falush D., Stephens M., Pritchard J.K. (2003). Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*. 2003. Vol. 164. № 4. Pp. 1567–1587. <https://doi.org/10.1093/genetics/164.4.1567>.
- Gemingguli M., Iskhan K.R., Li Y., Qi A., Wunirifu W., Ding L.Y., Wumaierjiang A. (2016). Genetic diversity and population structure of Kazakh horses (*Equus caballus*) inferred from mtDNA sequences. *Genetic and Molecular Research*. 2016. Vol. 15. № 4. <https://doi.org/10.4238/gmr.15048618>.
- Kabybekova D., Assanbayev T.Sh., Kassymbekova Sh.N., Kantanen J. (2024). Genetic Studies and Breed Diversity of Kazakh Native Horses: A Comprehensive Review. *Advancements in Life Sciences*. 2024. Vol. 11. № 1.
- Kargayeva M.T., Baimukanov D.A., Nurbaev S.D., Baimukanov A.D., Alikhanov O., Yusupbayev Zh. (2020). Identification of Kazakh Horses by Microsatellite DNA Using Modern Analytical Methods. *Bulletin of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan*. 2020. Vol. 4. № 386. Pp. 55–61. <https://doi.org/10.32014/2020.2518-1467.104>.
- Nei M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 1978. Vol. 89. № 3. Pp. 583–590. <https://doi.org/10.1093/genetics/89.3.583>.
- Orazymbetova Z., Ualiyeva D., Dossybayev K., Torekhanov A., Sydykov D., Mussayeva A., Baktybayev G. (2023). Genetic Diversity of Kazakhstani *Equus caballus* (Linnaeus, 1758) Horse Breeds Inferred from Microsatellite Markers. *Veterinary Sciences*. 2023. Vol. 10. Art. 598. <https://doi.org/10.3390/vetsci10100598>.
- Pozharskiy A., Abdrakhmanova A., Beishova I., Shamshidin A., Nametov A., Ulyanova T., Bekova G., Kikebayev N., Kovalchuk A., Ulyanov V., Turabayev A., Khusnitdinova M., Zhambakin K., Sapakhova Z., Shamekova M., Gritsenko D. (2023). Genetic structure and genome-wide association study of the traditional Kazakh horses. *Animal*. 2023. Vol. 17. № 9. Art. 100926. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2023.100926>.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 2000. Vol. 155. № 2. Pp. 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>.
- Seleuova L.A., Naimanov D.K., Jaworski Z., Aubakirov M.Zh., Mustafin M.K., Mustafin B.M., Safronova O.S., Baktybaev G.T., Turabaev A.T., Domatski V.N. (2018). Population genetic characteristic of horses of Mugalzhar breed by STR-markers. *Biomedical Research*. 2018. Vol. 29. № 18. Pp. 3508–3511.
- Ualiyeva D., Dossybayev K., Kapassuly T., Kozhakhmet A., Kozhanov Z., Kryukov K., Arita M., Torekhanov M., Torekhanov A. (2026). Mitochondrial DNA reveals high maternal diversity within a weak breed structure in native Kazakhstani horses. *Frontiers in Genetics*. 2026. Vol. 17. Art. 1874969. <https://doi.org/10.3389/fgene.2026.1874969>.

RESEARCH, RESULTS

SCIENTIFIC JOURNAL

ІЗДЕНІСТЕР, НӘТИЖЕЛЕР

ҒЫЛЫМИ ЖУРНАЛ

ИССЛЕДОВАНИЯ, РЕЗУЛЬТАТЫ

НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

Құрылтайшысы және баспагері:

«Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті» КЕАҚ «Қазақстан Республикасы
Президентінің жанындағы Қазақстан Республикасының Ұлттық Ғылым академиясы»
КЕАҚ

Бас редактор

Күрішбаев Ақылбек Қажығұлұлы

Жауапты редактор

Мрзабаева Раушан Жалиевна

Компьютерде беттеген

Асанова Жадыра Миримхановна

Редакция мен баспаның мекен-жайы:

050010, Қазақстан Республикасы, Алматы қ., Абай даңғылы, 8

Журнал сайты: <https://journal.kaznaru.edu.kz/>

29.08.2026 ж.