№5

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ ПРЕЗИДЕНТІНІҢ ЖАНЫНДАҒЫ ҰЛТТЫҚ ҒЫЛЫМ АКАДЕМИЯСЫ

ISSN 2304-3334
№05(113)2026

ІЗДЕНІСТЕР, НӘТИЖЕЛЕР
ҒЫЛЫМИ ЖУРНАЛ

ИССЛЕДОВАНИЯ, РЕЗУЛЬТАТЫ
НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

RESEARCH, RESULTS
SCIENTIFIC JOURNAL

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.113. 2026	28. No.113. 2026	Том 28. No.113. 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».

© Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты, 2026

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", Timişoara, 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 Adylkanova — 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 Sansyzbayevich 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)
Sayakhat 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 Timurbекova — 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. Ольштындағы Вармин-Мазур университеті, Польша; (Scopus h-12)

Богоявленский Андрей Павлинович — 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 зерт-теу 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 Айгул 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 Айнур 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)
Мадибеков 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 білікті тілікті 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)
Ливию Гачео — профессор Трансильван университетінің профессоры (Брашов қ., 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, Варминско-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 плодоовощеводства»; (Scopus h-5)

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

Дуйсембеков 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 плодоовощеводства, 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 Айнур 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)
Мадибеков 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 Ә.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

D.Sh. Akhmedov, B.E. Bekmukhamedov, D.M. Nurmakhanbetov, E.N. Savelyev
DEVELOPMENT OF A SOFTWARE AND TECHNICAL COMPLEX. FOR SEMI–AUTOMATIC HORSE MEASUREMENTS BY PHOTOGRAPHING A SINGLE IMAGE 8
A.M. Ombayev, E. Razuan, S.A.Dauletov, L.B. Mukanova
CHARACTERISTICS OF AGE AND SEX-RELATED CHANGES IN BODY DIMENSIONS OF CAMEL CALVES 19
Y.A. Talzhanov, A.M. Aitaly, U.A. Akhmetov, D.M. Nurmahanbetov
WHOLE-GENOME SCREENING OF PUBLISHED OMIA ALLELES IN FOUR KAZAKH HORSE POPULATIONS 33
Zh.E. Sheralieva, U.A. Nuralieva, A.M. Musoev, M. Toishimanov
COMPARATIVE PHYSICO-CHEMICAL AND ORGANOLEPTIC ANALYSIS OF HONEY FROM VARIOUS CLIMATIC ZONES OF KAZAKHSTAN 45

AGRICULTURE, AGROCHEMICAL, FEED PRODUCTION, AGROECOLOGY

L.T. Dauletova, S.Zh. Kazybayeva
ASSESSMENT OF PROMISING DOMESTIC AND FOREIGN GRAPE VARIETIES IN SOUTHERN KAZAKHSTAN 55
M.V. Kobernitsky, T.V. Savin, V.I. Kobernitsky, V.A. Volobaeva, I.A. Zhirnova
THE EFFECT OF FOREST BUFFER ZONES ON CROP YIELDS IN THE STEPPE REGION OF THE AKMOLA REGION 69
A. Naushabayev, T. Vassilina, N. Seitkali, A. Balgabayev, Donwei Guo
THERMODYNAMIC MODELING OF SOLONETZ PASTURES IN THE AKMOLA REGION TO DETERMINE THE ROLE OF MAGNESIUM IN THE PROCESS OF PEDOGENESIS AND SOLONETZIZATION 81
R. Ramazanova, M. Zhumagulova, M. Poshanov, A. Tursinbayeva, P. Pancová Šimková
SOIL CONSTRAINTS FOR ORGANIC FARMING IN THE ALMATY REGION: SPATIAL VARIABILITY IN SOC, SALINITY, AND NUTRIENT AVAILABILITY 97
N.A. Sarbassova, A.B. Rysbekova, E.N. Dyussibayeva, I.T. Kulbaeva
CREATION OF INITIAL MATERIAL COMMON BUCKWHEAT (FAGOPYRUM ESCULENTUM MOENCH.) USING OF METHOD OF INTER-VARIETAL HYBRIDISATION 108
A.V. Yuzyuk, S.B. Kokusheva, I.V. Chilimova
BREEDING OF SPRING BARLEY IN THE STEPPE CONDITIONS OF AKMOLA REGION 119

WATER, LAND AND FOREST RESOURCES

A. Azimov, Kamil Kayode Katibi, Zh. Yertayeva, G.M. Iztleuov
COMPREHENSIVE ANALYSIS OF THE WATER RETENTION PROPERTIES AND ENVIRONMENTAL SAFETY OF BIOCOMPOSITE HYDROGELS 130
S. Anapyanova, V. Kolpakova, M. Nabiollina, Yu. Yeremeyeva, A.G. Sherov
ASSESSMENT OF ANTHROPOGENIC IMPACT ON THE YERTIS RIVER 140
N. Ilyassova, A. Meshyk, L .Ryskulbekova, A. Tangirbergenova, Zh. Zhakupova
INVESTIGATION OF HYDRAULIC PARAMETERS OF TUBELESS GROUNDWATER LIFTING TECHNOLOGY 150
L.T. Ismukhanova, A.S. Madibekov, A.O. Zhadi, A.M. Madibekova, Christian Opp
INTEGRATION OF HYDROCHEMICAL, GEOCHEMICAL AND SOCIO-ENVIRONMENTAL INDICATORS IN ASSESSING THE STATE OF THE BUKHTARMA RESERVOIR 167
A.E. Koigeldina, O.T. Aliyev, Zh.S. Usembaeva, G.Zh. Mengdibayeva
EFFICIENCY OF PROTECTIVE AND STIMULATING FORMULATIONS IN REDUCING PHYTOPATHOGENIC LOAD AND INCREASING OIL FLAX YIELD 178
N. Omirzak, A. Utebekova, B. Maisupova, N. Kazangapova, Li Qiang
CURRENT STATE OF SAXAUL FORESTS IN THE KYZYLORDA REGION (CASE STUDY OF ZHALAGASH AND SYRDARYA DISTRICTS) 187

AGRICULTURE MECHANIZATION AND ELECTRIFICATION

K. Kalym, A.D. Berdimurat, Sh.T. Duissenova, B.D. Amirkulov
DEVELOPMENT OF A MICROPROCESSOR SYSTEM FOR REGULATING THE PERFORMANCE OF A SMALL FEED PREPARATION UNIT 203
N.A. Umbetaliev, M.S.Toilybayev, A. Bozzhiqit, Zh.T. Sydykbaev
EXPERIMENTAL STUDY OF A DRYING PLANT FOR DRYING MELON RAW MATERIALS 214

МАЗМҰНЫ

МАЛ ШАРУАШЫЛЫҒЫ ЖӘНЕ ВЕТЕРИНАРИЯ

Д.Ш. Ахмедов, Б.Э. Бекмұхамедов, Д.М. Нұрмаханбетов, Е.Н. Савельев
БІР СУРЕТКЕ ТҮСІРУ ӘДІСІМЕН ЖЫЛҚЫЛАРДЫ ЖАРТЫЛАЙ АВТОМАТТЫ ӨЛШЕУДІҢ БАҒДАРЛАМАЛЫҚ-ТЕХНИКАЛЫҚ КЕШЕНІН ӘЗІРЛЕУ 8
А.М. Омбаев, Е. Разуан, С.А. Дәулетов, Л.Б. Мұканова
ТҮЙЕ ТҰҚЫМДАРЫНЫҢ ДЕНЕ ӨЛШЕМДЕРІНІҢ ЖАСЫНА ЖӘНЕ ЖЫНЫСЫНА БАЙЛАНЫСТЫ ӨЗГЕРУ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ 19
Е.А. Талжанов, А.М. Айталы, У.А. Ахметов, Д.М. Нұрмаханбетов
ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ ТӨРТ ЖЫЛҚЫ ПОПУЛЯЦИЯСЫНДА ОМІА-ДА ЖАРИЯЛАНҒАН АЛЛЕЛЬДЕРДІ ТОЛЫҚ ГЕНОМДЫҚ СКРИНИНГТЕУ 33
Ж.Е. Шералиева, У.А. Нуралиева, А.М. Мусоев, М. Тойшиманов
ҚАЗАҚСТАННЫҢ ӘРТҮРЛІ ТАБИҒИ-КЛИМАТТЫҚ АЙМАҚТАРЫНАН АЛЫНҒАН БАЛДЫҢ САЛЫСТЫРМАЛЫ ФИЗИКА-ХИМИЯЛЫҚ ЖӘНЕ ОРГАНОЛЕПТИКАЛЫҚ ТАЛДАУЫ 45

АУЫЛ ШАРУАШЫЛЫҒЫ, АГРОХИМИЯ, АЗЫҚ ӨНДІРУ, АГРОЭКОЛОГИЯ

Л.Т. Даулетова, С.Ж. Казыбаева
ҚАЗАҚСТАННЫҢ ОҢТҮСТІГІНДЕ ОТАНДЫҚ ЖӘНЕ ШЕТЕЛДІК СЕЛЕКЦИЯДАҒЫ БОЛАШАҒЫ ЗОР ЖҮЗІМ СОРТТАРЫН ЗЕРТТЕУ 55
М.В. Коберницкий, Т.В. Савин, В.И. Коберницкий, В.А. Волобаева, И.А. Жирнова
АҚМОЛА ОБЛЫСЫНЫҢ ДАЛА АЙМАҒЫНЫҢ ДАҚЫЛДАРЫНЫҢ ӨНІМДІЛІГІНЕ ПАЙДАЛЫ ОРМАН БЕЛДЕУЛЕРІНІҢ ӘСЕРІ 69
А. Наушабаев, Т. Василина, Н. Сейткали, А. Балгабаев, Donwei Guo
АҚМОЛА ОБЛЫСЫНЫҢ ЖАЙЫЛЫМДЫҚ СОРТАҢ ТОПЫРАҚТАРЫНДА МАГНИЙДІҢ ТОПЫРАҚ ТҮЗІЛУ ЖӘНЕ СОРТАҢДАНУ ҮДЕРІСТЕРІНДЕГІ РӨЛІН АНЫҚТАУ МАҚСАТЫНДАҒЫ ТЕРМОДИНАМИКАЛЫҚ МОДЕЛЬДЕУ 81
Р.Х. Рамазанова, М.К. Жумагулова, М.Н. Пошанов, А.Е. Турсинбаева, П. Панцова Шимкова
АЛМАТЫ ОБЛЫСЫ ТОПЫРАҚТАРЫНДА ОРГАНИКАЛЫҚ ЕГІНШІЛІК ЖҮРГІЗУДЕГІ ШЕКТЕУЛЕР: SOC, ТҰЗДЫҚ РЕЖИМ ЖӘНЕ ҚОРЕКТІК ЭЛЕМЕНТТЕРДІҢ КЕҢІСТІКТІК ӨЗГЕРГІШТІГІ 97
Н.Ә. Сарбасова, А.Б. Рысбекова, Э.Н. Дюсибаева, И.Т. Кульбаева
СОРТТАРДЫ ӨЗАРА БУДАНДАСТЫРУ ӘДІСІМЕН КӘДІМГІ ҚАРАҚҰМЫҚТЫҢ (FAGOPYRUM ESCULENTUM MOENCH) БАСТАПҚЫ СЕЛЕКЦИЯЛЫҚ МАТЕРИАЛЫН ШЫҒАРУ 108
А.В. Юзюк, С.Б. Кокушева, И.В. Чилимова
АҚМОЛА ОБЛЫСЫНЫҢ ДАЛА ЖАҒДАЙЫНДА ЖАЗДЫҚ АРПА СЕЛЕКЦИЯСЫ 119

СУ, ЖЕР ЖӘНЕ ОРМАН РЕСУРСТАРЫ

А. Азимов, Камил Кайоде Катиби, Ж.Т. Ертаева, Г.М. Изтлеуов
БИОКОМПОЗИТТІК ГИДРОГЕЛЬДЕРДІҢ СУ ҰСТАУ ҚАСИЕТІ МЕН ЭКОЛОГИЯЛЫҚ ҚАУІПСІЗДІГІН КЕШЕНДІ ТАЛДАУ 130
С.Б. Анапьянова, В.П. Колпакова, М.С. Набиоллина, Ю.Н. Еремеева, А.Г. Шеров
ЕРТІС ӨЗЕНІНЕ АНТРОПОГЕНДІК ӘСЕРДІ БАҒАЛАУ 140
Н.Х. Ильясова, О.П. Мешик, Л.М. Рыскулбекова, А.С. Тангирбергенова, Ж.З. Жакупова
ҰҢҒЫМАЛАРДАН ҚҰБЫРСЫЗ СУ КӨТЕРУ ТЕХНОЛОГИЯСЫНЫҢ ГИДРАВЛИКАЛЫҚ ПАРАМЕТРЛЕРІН ЗЕРТТЕУ 150
Л.Т. Исмуханова, А.С. Мадибеков, А.Ө. Жәди, А.А. Мадибекова, Кристиан Опп
БҰҚТЫРМА СУ ҚОЙМАСЫНЫҢ ЖАЙ-КҮЙІН БАҒАЛАУДА ГИДРОХИМИЯЛЫҚ, ГЕОХИМИЯЛЫҚ ЖӘНЕ ӘЛЕУМЕТТІК-ЭКОЛОГИЯЛЫҚ КӨРСЕТКІШТЕРДІ ИНТЕГРАЦИЯЛАУ 167
А.Е. Койгельдина, О.Т. Алиев, Ж.С. Усембаева, Г.Ж. Мендібаева
ФИТОПАТОГЕНДІК ЖҮКТЕМЕНІ АЗАЙТУДА ЖӘНЕ МАЙЛЫ ЗЫҒЫР ӨНІМДІЛІГІН АРТТЫРУДА ҚОРҒАНЫШ ЫНТАЛАНДЫРҒЫШ ҚҰРАМНЫҢ ТИІМДІЛІГІ 178
Н.Ш. Өмірзақ, А.Д. Утебекова, Б.Ж. Майсупова, Н.Б. Казангапова, Ли Киань
ҚЫЗЫЛОРДА ОБЛЫСЫНДАҒЫ СЕКСЕУІЛ ОРМАНДАРЫНЫҢ ЖАҒДАЙЫ (ЖАЛАҒАШ ЖӘНЕ СЫРДАРИЯ АУДАНДАРЫНЫҢ МЫСАЛЫНДА) 187

АУЫЛ ШАРУАШЫЛЫҒЫН МЕХАНИКАЛАНДЫРУ ЖӘНЕ ЭЛЕКТРЛЕНДІРУ

К. Калым, А.Д. Бердімурат, Ш.Т. Дуйсенова, Б.Д. Амиркулов
ШАҒЫН КӨЛЕМДІ ЖЕМ ДАЙЫНДАУ АГРЕГАТЫНЫҢ ӨНІМДІЛІГІН РЕТТЕУДІҢ МИКРОПРОЦЕССОРЛЫҚ ЖҮЙЕСІН ӘЗІРЛЕУ 203
Н.А. Үмбеталиев, М.С. Тойлыбаев, Бозжігіт, Ж.Т. Сыдықбаев
ҚАУЫН ШИКІЗАТЫН КЕПТІРУГЕ АРНАЛҒАН КЕПТІРУ ҚОНДЫРҒЫСЫН ЭКСПЕРИМЕНТТІК ЗЕРТТЕУ 214

СОДЕРЖАНИЕ
ЖИВОТНОВОДСТВО И ВЕТЕРИНАРИЯ

Д.Ш. Ахмедов, Б.Э. Бекмұхамедов, Д.М. Нұрмаханбетов, Е.Н. Савельев
РАЗРАБОТКА ПРОГРАММНО-ТЕХНИЧЕСКОГО КОМПЛЕКСА ПОЛУАВТОМАТИЧЕСКИХ ПРОМЕРОВ ЛОШАДЕЙ МЕТОДОМ ФОТОГРАФИРОВАНИЯ ПО ОДИНОЧНОМУ СНИМКУ 8
А.М. Омбаев, Е. Разуан, С.А. Даулетов, Л.Б. Мұканова
ОСОБЕННОСТИ ИЗМЕНЕНИЯ ПРОМЕРОВ ТЕЛА ВЕРБЛЮДОВ РАЗЛИЧНЫХ ПОРОД В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ВОЗРАСТА И ПОЛА 19
Е.А. Талжанов, А.М. Айталы, У.А. Ахметов, Д.М. Нұрмаханбетов
ПОЛНОГЕНОМНЫЙ СКРИНИНГ ОПУБЛИКОВАННЫХ АЛЛЕЛЕЙ OMIA В ЧЕТЫРЕХ ПОПУЛЯЦИЯХ ЛОШАДЕЙ КАЗАХСТАНА 33
Ж.Е. Шералиева, У.А. Нуралиева, А.М. Мусоев, М. Тойшиманов
СРАВНИТЕЛЬНЫЙ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИЙ И ОРГАНОЛЕПТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ МЁДА ИЗ РАЗЛИЧНЫХ ПРИРОДНО-КЛИМАТИЧЕСКИХ ЗОН КАЗАХСТАНА 45

ЗЕМЛЕДЕЛИЕ, АГРОХИМИЯ, КОРМОПРОИЗВОДСТВО, АГРОЭКОЛОГИЯ

Л.Т. Даулетова, С.Ж. Казыбаева
ИЗУЧЕНИЕ ПЕРСПЕКТИВНЫХ СОРТОВ ВИНОГРАДА ОТЕЧЕСТВЕННОЙ И ЗАРУБЕЖНОЙ СЕЛЕКЦИИ НА ЮГЕ КАЗАХСТАНА 55
М.В. Коберницкий, Т.В. Савин, В.И. Коберницкий, В.А. Волобаева, И.А. Жирнова
ВЛИЯНИЕ ПОЛЕЗАЩИТНЫХ ЛЕСНЫХ ПОЛОС НА УРОЖАЙНОСТЬ КУЛЬТУР СТЕПНОЙ ЗОНЫ АКМОЛИНСКОЙ ОБЛАСТИ 69
А. Наушабаев, Т. Василина, Н. Сейткали, А. Балгабаев, Donwei Guo
ТЕРМОДИНАМИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ ПАСТБИЩНЫХ СОЛОНЦОВ АКМОЛИНСКОЙ ОБЛАСТИ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ РОЛИ МАГНИЯ В ПРОЦЕССАХ ПОЧВООБРАЗОВАНИЯ И ОСОЛОНЦЕВАНИЯ 81
Р.Х. Рамазанова, М.К. Жумагулова, М.Н. Пошанов, А.Е. Турсинбаева, П. Панцова Шимкова
ПОЧВЕННЫЕ ОГРАНИЧЕНИЯ ДЛЯ ОРГАНИЧЕСКОГО ЗЕМЛЕДЕЛИЯ В АЛМАТИНСКОЙ ОБЛАСТИ: ПРОСТРАНСТВЕННАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ SOC, СОЛЕВОГО РЕЖИМА И ЭЛЕМЕНТОВ ПИТАНИЯ 97
Н.Ә. Сарбасова, А.Б. Рысбекова, Э.Н. Дюсибаева, И.Т. Кульбаева
СОЗДАНИЕ ИСХОДНОГО МАТЕРИАЛА ГРЕЧИХИ ОБЫКНОВЕННОЙ (FAGOPYRUM ESCULENTUM MOENCH) МЕТОДОМ МЕЖСОРТОВОЙ ГИБРИДИЗАЦИИ 108
А.В. Юзюк, С.Б. Кокушева, И.В. Чилимова
СЕЛЕКЦИЯ ЯРОВОГО ЯЧМЕНЯ В УСЛОВИЯХ СТЕПИ АКМОЛИНСКОЙ ОБЛАСТИ 119

ВОДНЫЕ, ЗЕМЕЛЬНЫЕ И ЛЕСНЫЕ РЕСУРСЫ

А. Азимов, Камил Кайоде Катиби, Ж. Ертаева, Г.М. Изтлеуов
КОМПЛЕКСНЫЙ АНАЛИЗ ВОДОУДЕРЖИВАЮЩИХ СВОЙСТВ И ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ БЕЗОПАСНОСТИ БИОКОМПОЗИТНЫХ ГИДРОГЕЛЕЙ 130
С.Б. Анапьянова, В.П. Колпакова, М.С. Набиоллина, Ю.Н. Еремеева, А.Г. Шеров
ОЦЕНКА АНТРОПОГЕННОГО ВОЗДЕЙСТВИЯ НА РЕКУ ЕРТИС 140
Н.Х. Ильясова, О.П. Мешик, Л.М. Рыскулбекова, А.С. Тангирбергенова, Ж.З. Жакупова
ИССЛЕДОВАНИЕ ГИДРАВЛИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ ТЕХНОЛОГИИ БЕСТРУБНОГО ВОДОПОДЪЕМА ИЗ СКВАЖИН 150
Л.Т. Исмуханова, А.С. Мадибеков, А.Ө. Жәди, А.А. Мадибекова, Кристиан Опп
ИНТЕГРАЦИЯ ГИДРОХИМИЧЕСКИХ, ГЕОХИМИЧЕСКИХ И СОЦИАЛЬНО-ЭКОЛОГИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ В ОЦЕНКЕ СОСТОЯНИЯ БУХТАРМИНСКОГО ВОДОХРАНИЛИЩА 167
А.Е. Койгельдина, О.Т. Алиев, Ж.С. Усембаева, Г.Ж. Мендібаева
ЭФФЕКТИВНОСТЬ ЗАЩИТНО-СТИМУЛИРУЮЩИХ СОСТАВОВ В СНИЖЕНИИ ФИТОПАТОГЕННОЙ НАГРУЗКИ И ПОВЫШЕНИИ УРОЖАЙНОСТИ ЛЬНА МАСЛИЧНОГО 178
Н.Ш. Өмірзақ, А.Д. Утебекова, Б.Д. Майсупова, Н.Б. Казангапова, Ли Киань
СОСТОЯНИЕ САКСАУЛОВЫХ ЛЕСОВ КЫЗЫЛОРДИНСКОЙ ОБЛАСТИ (НА ПРИМЕРЕ ЖАЛАГАШСКОГО И СЫРДАРЬИНСКОГО РАЙОНОВ) 187

МЕХАНИЗАЦИЯ И ЭЛЕКТРИФИКАЦИЯ СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА

К. Калым, А.Д. Бердімурат, Ш.Т. Дуйсенова, Б.Д. Амиркулов
РАЗРАБОТКА МИКРОПРОЦЕССОРНОЙ СИСТЕМЫ РЕГУЛИРОВАНИЯ ПРОИЗВОДИТЕЛЬНОСТИ МАЛОГАБАРИТНОГО КОРМОПРИГОТОВИТЕЛЬНОГО АГРЕГАТА 203
Н.А. Умбеталиев, М.С. Тойлыбаев, А. Божжигит, Ж.Т. Сыдыкбаев
ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ СУШИЛЬНОЙ УСТАНОВКИ ДЛЯ СУШКИ ДЫННОГО СЫРЬЯ 214

RESEARCH, RESULTS – ІЗДЕНІСТЕР, НӘТИЖЕЛЕР – ИССЛЕДОВАНИЯ, РЕЗУЛЬТАТЫ
ISSN 2304-3334 (print)
Vol. 28. Is. 5. Number 113 (2026). Pp. 33–44
Journal homepage: https://journal.kaznaru.edu.kz
https://doi.org/10.37884/5-2026/03
IRSTI / ҒТАХР / МРНТИ / 68.39.49; 34.23.35

Y.A. Talzhanov[1]*, A.M. Aitaly[2], U.A. Akhmetov[3], D.M. Nurmahanbetov[3]
[1]«Nucleotides and Bits» LLP, Almaty, Kazakhstan;
[2]Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan;
[3]Horse and Camel Breeding Department, Kazakh Research Institute of Livestock and Fodder Production, Almaty, Kazakhstan.
E-mail: yerkebulan.talzhanov@gmail.com

WHOLE-GENOME SCREENING OF PUBLISHED OMIA ALLELES IN FOUR KAZAKH HORSE POPULATIONS

Yerkebulan Aitkazyevich Talzhanov, PhD, Director at the «Nucleotides and Bits» LLP, Almaty, Kazakhstan
E-mail: yerkebulan.talzhanov@gmail.com, https://orcid.org/0000-0003-1036-4943;
Aruzhan Magauyakyzy Aitaly, BSc, Master's Student, Department of Animal Engineering and Biotechnology, Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, Kazakhstan
E-mail: aru.aitaly@mail.ru, https://orcid.org/0009-0008-5686-0196;
Ualikhan Almasbekuly Akhmetov, MSc; Junior Researcher, Horse and Camel Breeding Department, Kazakh Research Institute of Livestock and Fodder Production, Almaty, Kazakhstan
E-mail: akhmetualikhan@gmail.com, https://orcid.org/0009-0004-9399-6763;
Dauren Mustafayevich Nurmahanbetov, Candidate of Agricultural Sciences; Senior Researcher, Horse and Camel Breeding Department, Kazakh Research Institute of Animal Husbandry and Forage Production, Almaty, Kazakhstan.
E-mail: dauren.19.64@mail.ru, https://orcid.org/0000-0002-0542-5732.

Abstract. Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA) provides a curated set of published alleles associated with inherited disorders that can be screened in whole-genome sequencing (WGS) data. This targeted approach links published variant evidence with population-level genomic screening. We screened WGS data from 65 Adai, Kostanai, Mugalzhar and Kazakh horses of the Zhabe type for 35 OMIA alleles: 29 single-nucleotide polymorphisms (SNPs), five deletions and one deletion–insertion (delins). Reads had been aligned to the EquCab3.0 reference genome with BWA-MEM; SNPs and short insertion/deletion variants (indels) were called with GATK, structural variants with DELLY, and copy-number variants (CNVs) with Control-FREEC. Variant calls were annotated with ANNOVAR. The published intervals for the five deletions and one delins were compared across the three variant-call types; an exact allele match required the reported breakpoints and length, and the delins additionally required the reported inserted sequence. Three substitutions were recovered in heterozygous form. ACAN p.V424M occurred in two Adai and two Kazakh horses of the Zhabe type, SEL1L p.I604V in three Kostanai, one Mugalzhar and one Kazakh horse of the Zhabe type, and GYS1 p.R309H in one Mugalzhar horse. The corresponding observed alternate-allele proportions were 3.1 %, 3.8 % and 0.8 %. No alternate calls were recovered for the other 26 substitutions. None of the calls intersecting the five published deletion intervals or the EDNRB delins interval matched the reported allele. The detected substitutions occurred in four sampled farms and showed different descriptive distributions among the sampled breed/type groups. The study describes allele occurrence in the sampled groups and does not estimate disease prevalence. The calls require independent confirmation before clinical or breeding use. These results identify alleles and groups for confirmatory genotyping, expanded multi-farm screening and comparison with pedigree and veterinary records.

Keywords: horse, whole-genome sequencing, OMIA; inherited disease, observed alternate-allele proportion, confirmatory genotyping, Kazakh horse populations

For citation: Talzhanov Y.A., Aitaly A.M., Akhmetov U.A., Nurmahanbetov D.M. (2026). Whole-genome screening of published OMIA alleles in four Kazakh horse populations // Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты. Vol. 28. Is. 5. Number 113. Pp. 33–44. https://doi.org/10.37884/5-2026/03 [In Eng.].

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

Funding. *The research was carried out within the framework of the program-targeted funding program BR22885681, entitled «Improving existing methods of managing the genetic resources of Adai and Kostanay horses while preserving the gene pool of the Kostanay breed».*

Е.А. Талжанов[1]*, А.М. Айталы[2], У.А. Ахметов[3], Д.М. Нұрмаханбетов[3]

[1]«Нуклеотиды и Биты» ЖШС, Алматы, Қазақстан;

[2]Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, Алматы, Қазақстан;

[3]Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты, Алматы, Қазақстан.

E-mail:yerkebulan.talzhanov@gmail.com

ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ ТӨРТ ЖЫЛҚЫ ПОПУЛЯЦИЯСЫНДА OMIA-ДА ЖАРИЯЛАНҒАН АЛЛЕЛЬДЕРДІ ТОЛЫҚ ГЕНОМДЫҚ СКРИНИНГТЕУ

Талжанов Еркебұлан Айтқазиевич, PhD докторы, «Нуклеотиды и Биты» ЖШС директоры, Алматы, Қазақстан

E-mail: yerkebulan.talzhanov@gmail.com, https://orcid.org/0000-0003-1036-4943;

Айталы Аружан Мағуияқызы, бакалавр, Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университетінің «Мал шаруашылығы және биотехнология» кафедрасының магистранты, Алматы, Қазақстан

E-mail: aru.aitaly@mail.ru, https://orcid.org/0009-0008-5686-0196;

Ахметов Уәлихан Алмасбекұлы, магистр, Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институтының жылқы және түйе шаруашылығы бөлімінің кіші ғылыми қызметкері, Алматы, Қазақстан

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

Нұрмаханбетов Дәурен Мұстафаұлы, ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институтының жылқы және түйе шаруашылығы бөлімінің аға ғылыми қызметкері, Алматы, Қазақстан

E-mail: dauren.19.64@mail.ru, https://orcid.org/0000-0002-0542-5732.

Аннотация. Жануарлардағы мендельдік тұқым қуалаудың онлайн каталогы (Online Mendelian Inheritance in Animals, OMIA) толық геномды секвенирлеу (whole-genome sequencing, WGS) деректерінің негізінде тексеруге болатын, тұқым қуалайтын аурулармен байланысты жарияланған аллельдердің кураторлық жинағын ұсынады. Бұл нысаналы тәсіл жарияланған варианттар жөніндегі дәлелдерді популяциялық геномдық скрининг нәтижелерімен байланыстырады. Біз Адай, Қостанай, Мұғалжар және қазақтың жабы жылқыларының 65 үлгісінің WGS деректерінен OMIA каталогындағы 35 аллельді: 29 бірнуклеотидті полиморфизмді (single-nucleotide polymorphism, SNP), бес делецияны және бір делеция-инсерция (deletion–insertion, delins) вариантын іздедік. Оқылымдар BWA-MEM көмегімен EquCab3.0 референстік геномына сәйкестендірілді; SNP және қысқа инсерция-делеция (insertion/deletion, indel) варианттары GATK, құрылымдық варианттар DELLY, ал көшірме санының варианттары (copy-number variants, CNV) Control-FREEC арқылы анықталды. Варианттар ANNOVAR көмегімен аннотацияланды. Бес жарияланған делеция мен бір delins интервалы варианттарды анықтаудың үш түрі бойынша салыстырылды; аллельдің дәл сәйкестігі үшін жарияланған шекаралар мен ұзындықтың сәйкес келуі, ал delins үшін қосымша түрде кірістірілген тізбектің сәйкес келуі талап етілді. Үш алмастыру гетерозиготалы түрде анықталды. ACAN p.V424M екі Адай және екі қазақтың жабы жылқысында, SEL1L p.I604V үш Қостанай, бір Мұғалжар және бір қазақтың жабы жылқысында, ал GYS1 p.R309H бір Мұғалжар жылқысында табылды. Балама аллельдердің байқалған үлестері тиісінше 3,1%, 3,8 % және 0,8 % болды. Қалған 26 алмастыру бойынша балама вариант анықталмады. Жарияланған бес делеция интервалына немесе EDNRB delins интервалына түскен варианттардың ешқайсысы сипатталған аллельдермен сәйкес келмеді. Анықталған алмастырулар төрт шаруашылықта кездесіп, зерттелген тұқымдық және типтік топтар арасында сипаттамалық тара-

лу ерекшеліктерін көрсетті. Зерттеу іріктелген топтардағы аллельдердің кездесу жиілігін сипаттайды және аурулардың популяциялық таралуын бағаламайды. Клиникалық немесе селекциялық қолдануға дейін анықталған генотиптер тәуелсіз әдіспен расталуы тиіс. Нәтижелер растаушы генотиптеу, бірнеше шаруашылықты қамтитын кеңейтілген скрининг және шежірелік әрі ветеринариялық деректермен салыстыру үшін аллельдер мен зерттеу топтарды айқындайды.

Түйін сөздер: жылқы, толық геномды секвенирлеу, OMIA, тұқым қуалайтын ауру, балама аллельдің байқалған үлесі, растаушы генотиптеу, қазақстандық жылқы популяциялары

Дәйексөз үшін: Талжанов Е.А., Айталы А.М., Ахметов У.А., Нұрмаханбетов Д.М. (2026). Қазақстандағы төрт жылқы популяциясында OMIA-да жарияланған аллельдерді толық геномдық скринингтеу // // Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты. Т. 28. Is. 5. Number 113. Pp. 33–44. https://doi.org/10.37884/5-2026/03 [In Eng.].

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

Қаржыландыру. *Зерттеу BR22885681 бағдарламалық-нысаналы қаржыландыру бағдарламасы аясында орындалды. Бағдарламаның шартта көрсетілген ресми ағылшын тіліндегі атауы «Қостанай тұқымының гендік қорын сақтай отырып, Адай және Қостанай жылқыларының генетикалық ресурстарын басқарудың қолданыстағы әдістерін жетілдіру».*

Е.А. Талжанов[1]*, А.М. Айталы[2], У.А. Ахметов[3], Д.М. Нұрмаханбетов[3]

[1]ТОО «Нуклеотиды и Биты», Алматы, Казакстан;

[2]Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Алматы, Казахстан;

[3]Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства, Алматы, Казахстан.

E-mail: yerkebulan.talzhanov@gmail.com

ПОЛНОГЕНОМНЫЙ СКРИНИНГ ОПУБЛИКОВАННЫХ АЛЛЕЛЕЙ OMIA В ЧЕТЫРЕХ ПОПУЛЯЦИЯХ ЛОШАДЕЙ КАЗАХСТАНА

Талжанов Еркебулан Айтказиевич, PhD, директор ТОО «Нуклеотиды и Биты», Алматы, Казахстан
E-mail: yerkebulan.talzhanov@gmail.com, https://orcid.org/0000-0003-1036-4943;
Айталы Аружан Магауякызы, бакалавр, магистрант кафедры животноводства и биотехнологии, Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Алматы, Казахстан
E-mail: aru.aitaly@mail.ru, https://orcid.org/0009-0008-5686-0196;
Ахметов Уалихан Алмасбекулы, магистр, младший научный сотрудник отдела коневодства и верблюдоводства, Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства, Алматы, Казахстан
E-mail: akhmetualikhan@gmail.com, https://orcid.org/0009-0004-9399-6763;
Нурмаханбетов Даурен Мустафаевич, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник отдела коневодства и верблюдоводства, Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства, Алматы, Казахстан
E-mail: dauren.19.64@mail.ru, https://orcid.org/0000-0002-0542-5732.

Аннотация. Онлайн-каталог менделевского наследования у животных (Online Mendelian Inheritance in Animals, OMIA) представляет собой курируемый набор опубликованных аллелей, связанных с наследственными заболеваниями, которые можно искать в данных полногеномного секвенирования (whole-genome sequencing, WGS). Такой целевой подход связывает опубликованные сведения о вариантах с геномным скринингом популяций. Мы проверили WGS-данные 65 лошадей адайской, костанайской и мугалжарской пород, а также лошадей типа жабе казахской породы на наличие 35 аллелей OMIA, включая 29 однонуклеотидных полиморфизмов (single-nucleotide polymorphism, SNP), пять делеций и один вариант делеции-инсерции (deletion–insertion, delins). Прочтения были выровнены на референсный геном EquCab3.0 с помощью BWA-MEM; SNP и короткие варианты вставки-делеции (insertion/deletion, indel) определяли с помощью GATK, структурные варианты — DELLY, а варианты числа копий (copy-number variants, CNV) – Control-FREEC. Варианты аннотировали с помощью ANNOVAR. Интервалы пяти опубликованных делеций и одного delins сравнивали в трех наборах результатов определения вариантов; для точного совпадения аллеля требовалось соответствие опубли-

кованным границам и длине, а для delins — также вставленной последовательности. Три замены были обнаружены в гетерозиготном состоянии. ACAN p.V424M выявлен у двух адайских лошадей и двух лошадей типа жабе, SEL1L p.I604V — у трех костанайских, одной мугалжарской и одной лошади типа жабе, а GYS1 p.R309H — у одной мугалжарской лошади. Наблюдаемые доли альтернативных аллелей составили соответственно 3,1 %, 3,8 % и 0,8 %. Для остальных 26 замен альтернативные варианты не выявлены. Ни один вариант, пересекающий интервалы пяти опубликованных делеций или интервал EDNRB delins, не совпал с описанным аллелем. Обнаруженные замены встречались в четырех обследованных хозяйствах и имели различное описательное распределение между исследованными породными и типовыми группами. Исследование описывает встречаемость аллелей в выборке и не оценивает распространенность заболеваний. До клинического или селекционного использования выявленные генотипы требуют независимого подтверждения. Результаты определяют аллели и группы для подтверждающего генотипирования, расширенного многохозяйственного скрининга и сопоставления с родословными и ветеринарными данными.

Ключевые слова: лошадь, полногеномное секвенирование, OMIA, наследственное заболевание, наблюдаемая доля альтернативного аллеля, подтверждающее генотипирование; казахстанские популяции лошадей

Для цитирования: Талжанов Е.А., Айталы А.М., Ахметов У.А., Нұрмаханбетов Д.М. (2026). Полногеномный скрининг опубликованных аллелей OMIA в четырех популяциях лошадей Казахстана // Research, results – Ізденістер, нәтижелер – Исследования, результаты. Т. 28. Is. 5. Number 113. Pp. 33–44. https://doi.org/10.37884/5-2026/03 [In Eng.].

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Финансирование. *Исследование выполнено в рамках программы программно-целевого финансирования BR22885681. Официальное английское название программы приведено в соответствии с договором «Совершенствование существующих методов управления генетическими ресурсами адайских и костанайских лошадей при сохранении генофонда костанайской породы».*

Introduction.

Whole-genome sequencing (WGS) has changed the study of inherited disease in horses. It can be used to search for new causal variants and to examine alleles first described in other breeds or clinical populations. Sequencing studies in Thoroughbreds have catalogued millions of common and rare variants [Tozaki et al., 2021] and traced variation across several generations [Bailey et al., 2024].

Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA) offers a practical basis for this type of screening. It is a curated resource for inherited traits and diseases in animals, with growing links between variants, phenotypes and breed ontologies [Tammen et al., 2024b]. Its *Equus* records focus on Mendelian traits and their likely causal variants and are built from peer-reviewed reports [Tammen et al., 2024a]. OMIA can thus define a transparent list of variants to examine, while the original publications remain essential for understanding inheritance, zygosity and the strength of the evidence.

Published variants also need a consistent genomic coordinate system. EquCab3 improved the contiguity and sequence content of the domestic horse reference genome and provides the coordinate system used in this study [Kalbfleisch et al., 2018]. The Finnhorse assembly was developed to complement the Thoroughbred-derived EquCab3.0 reference in studies of northern Eurasian horses [Pokharel et al., 2024], and breed-focused resources such as the Arabian horse allele-frequency database provide additional population context [Szmatoła et al., 2026]. Variant class matters as well: copy-number changes require dedicated detection rather than a simple search of SNP or short-indel tables [Tang et al., 2023].

Surveys in individual breeds show why population context cannot be ignored. Frequencies of disease-associated alleles have been examined in historical US Thoroughbreds [Elcombe et al., 2023], while the MYH1 E321G frequency in Brazilian Quarter Horses differed among performance disciplines [de Albuquerque et al., 2022]. Estimates from one breed, discipline or breeding program cannot be assumed to apply to another. When sampling is organized by herd, the farm distribution is equally important because a local cluster can resemble a breed effect.

Interpretation of a detected allele depends on inheritance mode, zygosity, penetrance, age, management and additional genetic factors. For recessive disorders, heterozygous animals can transmit an allele without expressing the associated phenotype. Dominant and gain-of-function alleles may have a different meaning in heterozygous animals. These distinctions determine how genomic screening can inform subsequent veterinary

evaluation and breeding management.

Adai, Kostanai, Mugalzhar and Kazakh horses of the Zhabe type are maintained in breeding populations with different histories and farm structures. Published OMIA alleles were generally characterized in other breeds, making direct screening necessary to establish their occurrence in these Kazakh populations. Farm-based sampling also provides information on the local distribution of detected genotypes and identifies groups for subsequent investigation.

Here, we screened WGS data from 65 Adai, Kostanai, Mugalzhar and Kazakh horses of the Zhabe type for 35 published OMIA alleles: 29 single-nucleotide substitutions, five deletions and one deletion–insertion (delins). We asked which alleles could be matched in the available variant calls and how the detected heterozygous genotypes were distributed among breeds and recorded sources. Observed alternate-allele proportions were calculated from the detected allele counts.

Materials and methods.

The dataset comprised 65 horses: 15 recorded as Adai, 10 as Kostanai, 20 as Mugalzhar and 20 as Kazakh horses of the Zhabe type. Samples 1–60 were collected in 2022 from six farms, with ten animals sampled per farm. The remaining five were Adai riding-type horses collected in 2023 from private horse-owner holdings in Mangystau Region: three from Zhanaozen and two from Zhetybai, Karakiya District (Table 1). No clinical records or sex information were available.

Sequencing and variant calling were delivered in three processing batches. Batch 1 comprised H1–H40: Mugalzhar H1–H10 (Karatomar), Adai H11–H20 (Kuanysh), Kostanai H21–H30 (Kazak tulpary) and Kazakh horses of the Zhabe type H31–H40 (Animbekov). Batch 2 comprised H41–H60: Kazakh horses of the Zhabe type H41–H50 (Orazali) and Mugalzhar H51–H60 (Bakytbek). Batch 3 comprised five Adai horses: sample 61/D4, 62/D9 and 65/D6 from Zhanaozen and sample 63/D7 and 64/D8 from Zhetybai. The same reported sequencing and bioinformatic workflow was used for all batches. The batches were not jointly re-genotyped; instead, the same predefined OMIA coordinates and alleles were searched separately in each final batch-level variant matrix and the recovered calls were then summarized across the 65 horses.

The study was a retrospective targeted analysis of previously generated genomic data. The individual horse was the unit used to count heterozygous and alternate-allele homozygous calls. Allele counts were summarized for the complete sample, by breed and by the recorded farm or source. Source was recorded as descriptive metadata. No case–control comparison was planned, and the horses were not selected according to clinical status.

Table 1. Composition and source of the sample.

Source	Region	Breed/type	Horses	Collection year	n
Karatomar	North Kazakhstan	Mugalzhar	H1–H10	2022	10
Kuanysh	Mangystau	Adai	H11–H20	2022	10
Kazak tulpary	Kostanay	Kostanai	H21–H30	2022	10
Animbekov	Almaty	Kazakh Zhabe type	H31–H40	2022	10
Orazali	Ulytau	Kazakh Zhabe type	H41–H50	2022	10
Bakytbek	Karaganda	Mugalzhar	H51–H60	2022	10
Private horse-owner holdings, Zhanaozen	Mangystau	Adai, riding type	61/D4 (Chekist), 62/D9 (Bozzhyra), 65/D6 (Almastory)	2023	3
Private horse-owner holdings, Zhetybai, Karakiya District	Mangystau	Adai, riding type	63/D7 (Kokzhulyn), 64/D8 (Akkanat)	2023	2

Genomic DNA from all 65 horses was processed using the same reported sequencing and bioinformatic workflow. Whole-genome sequencing was performed on an Illumina platform using 150-bp paired-end reads. According to the project reports, reads containing adapters or undetermined bases and low-quality reads were removed. The filtered reads were aligned to EquCab3.0 with BWA-MEM. Unmapped reads, reads with mapping quality (MQ) below 4 and duplicate reads were excluded before variant calling. SNPs and short indels were called with GATK, structural variants with DELLY, and CNVs with Control-FREEC. Variant calls were annotated with ANNOVAR using the available genome annotation in GFF format. The reports state that SNP and indel calls were further filtered using quality, depth and repeat-related criteria.

The available retrospective dataset consisted of final variant and annotation tables, recovered genotypes and sequencing reports. The targeted screen used the representation of each allele in those tables: chromosome, EquCab3.0 coordinate, reference allele and alternate allele for substitutions; published start, end and length for deletions; and the corresponding deleted and inserted sequences for the EDNRB delins. Gene or functional annotation alone was not accepted as an allele match. For detected substitutions, the per-sample annotation tables provided reference depth and alternate depth. Total depth was calculated as their sum, and the alternate-read proportion was calculated as alternate depth divided by total depth.

Horse phene and variant records were retrieved from the Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA) on 10 June 2026 using the advanced search for *Equus caballus* (NCBI taxonomy ID 9796; https://omia.org/results/?gb_species_id=9796&search_type=advanced). The export contained 329 phene records, and the latest "Date last modified" in the export was 30 April 2026. Individual phene pages were accessed on the same day. Matching the OMIA alleles to the genomic dataset was performed on 15 June 2026; this was the analysis date rather than the OMIA access date.

Where OMIA displayed a variant classification, the label recorded on 10 June 2026 was retained. Abbreviations follow the OMIA AVCG footnote: P, pathogenic; LP, likely pathogenic; VUS, variant of unknown significance; LB, likely benign; and B, benign [Boeykens et al., 2024]. A combined label such as LP/P was retained as the public OMIA label when a single category had not been assigned. 'Not currently evaluated' indicates that the ISAG AGTS Variant Pathogenicity Working Group had not yet assigned a label and does not imply a benign classification.

The OMIA-derived locus list contained 29 single-nucleotide substitutions, five deletions and one deletion–insertion (delins) described on EquCab3.0. Records were matched by reference accession and genomic position. For these records, the EquCab3.0 base was the non-disease allele.

The analysis was designed as a targeted screen rather than a genome-wide search for new candidate disease variants. Each record was evaluated against the published allele definition, and no phenotype was assigned from the gene name, interval overlap or predicted consequence.

The 29 substitutions were searched in the SNP matrices from each calling batch. A genotype containing both the OMIA reference and alternate bases was counted as heterozygous; a genotype containing only the alternate base was counted as alternate-allele homozygous. The matrices contained only sites that differed from the reference in at least one horse within a batch. Absence of a substitution from a batch matrix was therefore recorded as no recovered alternate call and was not treated as an explicitly observed homozygous-reference genotype.

The five deletions and one deletion–insertion (delins) were first located by overlap with their published intervals. Short-indel calls were screened for variants whose affected bases intersected an interval. Per-horse structural-variant tables were searched for DEL calls whose start and end intersected an interval, and copy-number tables were searched for overlapping loss intervals. A deletion was accepted as the OMIA allele only when its breakpoints and length matched the published allele. An exact match to the EDNRB delins additionally required the reported inserted sequence. Overlapping calls that did not meet these criteria were retained as separate events. Functional consequences were taken from the available gene, exonic and amino-acid annotations.

For detected autosomal substitutions, the observed alternate-allele proportion was calculated as the number of recovered alternate alleles divided by twice the number of horses in the group. Nominal 95 % confidence intervals were calculated with the Clopper–Pearson method. Four surveyed substitutions were X-linked; no alternate calls were recovered, and proportions were not calculated because sex was unknown. Figure 1 presents breed-level observed alternate-allele proportions for all 65 horses: 15 Adai, 10 Kostanai, 20 Mugalzhar and 20 Kazakh Zhabe type. Reference and alternate read depths at heterozygous sites were taken from the variant annotations.

The proportions were calculated descriptively for the complete sample and reported breed groups. Counts and denominators were reported together. The estimates were not weighted to breed population size, and no formal test of differences among breeds or sources was performed.

Results

Panel composition and sequencing quality.

The 35-allele panel contained seven alleles labelled P, three labelled LP, three labelled LP/P and 22 that were not currently evaluated; no VUS, LB or B labels occurred. Mean sequencing depth ranged from 28.5× to 37.6×, and 98.92–99.24 % of the reference was covered by at least four reads.

OMIA substitutions detected as alternate alleles.

Three of the 29 substitutions were recovered as alternate alleles: ACAN p.V424M, SEL1L p.I604V and GYS1 p.R309H. All ten horses with an alternate call were heterozygous; no alternate-allele homozygotes were observed. The overall observed alternate-allele proportions were 3.1 % for ACAN p.V424M (4/130 sampled chromosomes; nominal 95 % CI 0.8–7.7 %), 3.8 % for SEL1L p.I604V (5/130; nominal 95 % CI 1.3–8.7 %) and 0.8 % for GYS1 p.R309H (1/130; nominal 95 % CI 0.02–4.2 %). Each heterozygous call was supported by entries for both alleles in the final per-sample annotation tables. Reference depth ranged from 4 to 15, alternate depth from 6 to 16, total depth from 14 to 31 and alternate-read proportion from 0.39 to 0.71 (Table 3).

Table 3. Read-depth support for the ten recovered heterozygous OMIA substitution calls.

Variant	Horse	Breed/type	Genotype	Ref depth	Alt depth	Total depth	Alt-read proportion
ACAN p.V424M	H15	Adai	0/1	13	14	27	0.52
ACAN p.V424M	H16	Adai	0/1	7	7	14	0.50
ACAN p.V424M	H32	Kazakh horse, Zhabe type	0/1	11	7	18	0.39
ACAN p.V424M	H34	Kazakh horse, Zhabe type	0/1	6	9	15	0.60
SEL1L p.I604V	H22	Kostanai	0/1	9	6	15	0.40
SEL1L p.I604V	H24	Kostanai	0/1	4	10	14	0.71
SEL1L p.I604V	H25	Kostanai	0/1	10	11	21	0.52
SEL1L p.I604V	H4	Mugalzhar	0/1	9	11	20	0.55
SEL1L p.I604V	H35	Kazakh horse, Zhabe type	0/1	15	16	31	0.52
GYS1 p.R309H	H6	Mugalzhar	0/1	9	9	18	0.50

Note. Ref depth and Alt depth are the reference- and alternate-allele read counts reported in the final per-sample annotation tables. Total depth and alternate-read proportion were calculated from those two values. No independent assay was performed.

No alternate call was recovered for the other 26 substitutions in any of the three SNP matrices. Because these were variant-only matrices, the unreported positions could not be distinguished from confirmed homozygous-reference genotypes. The 26 substitutions therefore remain not detected in the available call sets rather than demonstrated to be reference in all 65 horses. They included the surveyed substitutions in SCN4A, GBE1, RYR1, MUTYH, ST14 and GRM6.

None of the five OMIA deletions or the EDNRB delins had a call matching the published allele. No short-indel record overlapped the 21-bp ACAN deletion, the EDNRB delins, the 5-bp PRKDC deletion, the 10-bp ITGA2B deletion or the 25-bp AR deletion.

The published LAMA3 allele is a 6,579-bp deletion. Five shorter deletions lay within its interval: four were 1 bp and one was 32 bp. All were annotated as intronic LAMA3 events, without an exonic consequence or amino-acid change, and none matched the published allele. A heterozygous structural-variant call of approximately 454 kb covered the LAMA3 interval in 38 horses, but its breakpoints were near 48.40 and 48.85 Mb and its span also included TTC39C. Other structural variants crossing the five deletion intervals or the EDNRB delins interval were larger still, ranging from about 7 Mb to 47 Mb.

Copy-number losses crossing AR spanned 4,538,001 bp in 21 horses or 6,860,001 bp in D6 (sample 65, Almastory) and were recorded with copy number 1. They did not match the 25-bp OMIA deletion; sex was also unknown, which limits interpretation of copy number 1 on the X chromosome. Thus, every intersecting call represented a different event from the five published deletions and the EDNRB delins. Failure to recover an exact matching call is not proof that an OMIA allele was absent.

Distribution by breed and source.

ACAN p.V424M was detected in heterozygous form in two Adai horses from Kuanysh and two Kazakh horses of the Zhabe type from Animbekov. Heterozygous SEL1L p.I604V calls were found in three Kostanai horses from Kazak tulpary, one Mugalzhar horse from Karatomar and one Kazakh horse of the Zhabe type from Animbekov. One Mugalzhar horse from Karatomar was heterozygous for GYS1 p.R309H (Table 2). No alternate call for these three substitutions was recovered at Orazali or Bakytbek or among the five additional Adai riding-type horses from private holdings in Mangystau Region.

Table 2. Detected OMIA alleles and their distribution in the sampled breeds and sources.

Allele	OMIA AVCG label	Reported phenotype	Breed	Source with heterozygous calls	Heterozygous horses	Alternate alleles/all chromosomes sampled for the breed	Observed breed-level proportion, % (nominal 95% CI)
ACAN p.V424M	LP	Chondrodysplastic dwarfism	Adai	Kuanysh	H15, H16	2/30	6.7 (0.8–22.1)
ACAN p.V424M	LP	Chondrodysplastic dwarfism	Kazakh Zhabe type	Animbekov	H32, H34	2/40	5.0 (0.6–16.9)
SEL1L p.I604V	Not currently evaluated	Atypical equine thrombasthenia	Kostanai	Kazak tulpary	H22, H24, H25	3/20	15.0 (3.2–37.9)
SEL1L p.I604V	Not currently evaluated	Atypical equine thrombasthenia	Mugalzhar	Karatomar	H4	1/40	2.5 (0.1–13.2)
SEL1L p.I604V	Not currently evaluated	Atypical equine thrombasthenia	Kazakh Zhabe type	Animbekov	H35	1/40	2.5 (0.1–13.2)
GYS1 p.R309H	P	PSSM1	Mugalzhar	Karatomar	H6	1/40	2.5 (0.1–13.2)

AVCG labels are reproduced from OMIA as accessed on 10 June 2026. P, pathogenic; LP, likely pathogenic. “Not currently evaluated” means that no label had yet been assigned by the ISAG AGTS Variant Pathogenicity Working Group.

Figure 1 shows the observed alternate-allele proportions for the three detected substitutions across all 65 horses. The breed-level denominators were 30, 20, 40 and 40 sampled chromosomes for Adai, Kostanai, Mugalzhar and Kazakh Zhabe type, respectively.

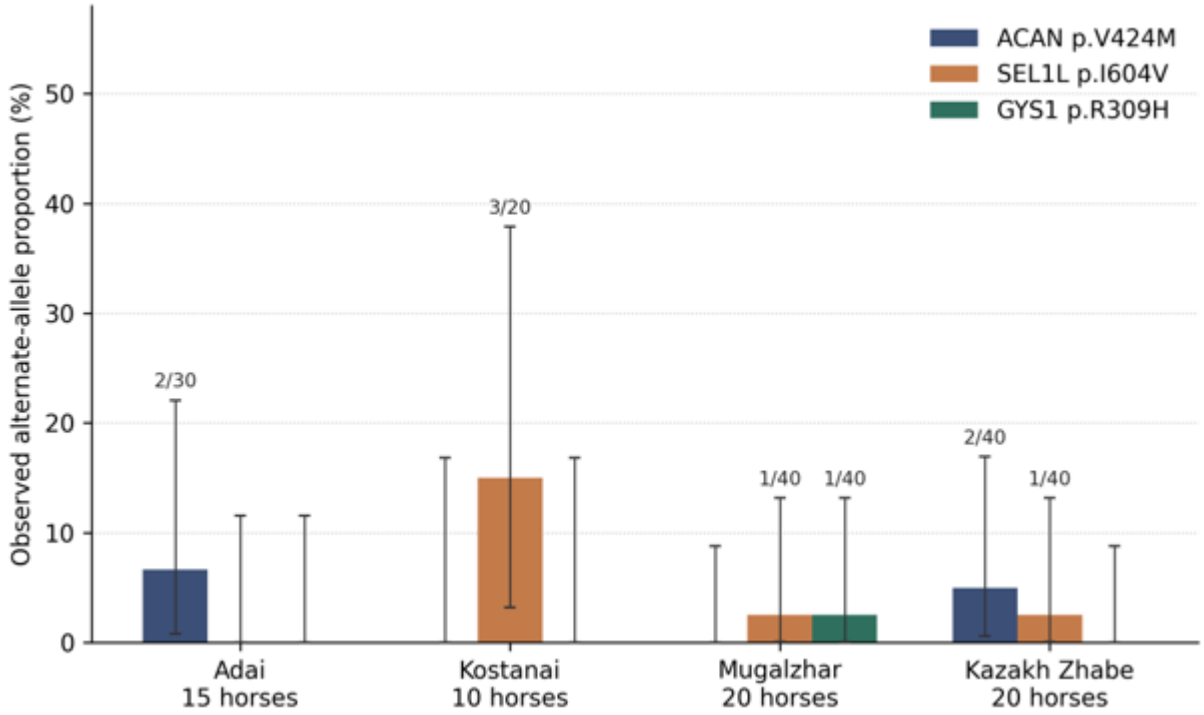


Fig. 1. Alternate-allele proportions of ACAN p.V424M, SEL1L p.I604V and GYS1 p.R309H in 65 horses of four breeds.

Whiskers show nominal Clopper–Pearson 95 % confidence intervals; labels above non-zero bars give the recovered alternate-allele counts and breed-level denominators. Interpretation of the intervals is addressed under Study limitations.

Discussion.

Three published OMIA substitutions were recovered in heterozygous form. Horses without recorded diagnoses can have variants reported in connection with disease, and their occurrence can differ among breeds. A WGS survey of 605 horses from 48 breeds found breed differences in predicted genetic burden

and unexpectedly high frequencies for some phenotype-associated variants [Durward-Akhurst et al., 2024]. Interpretation therefore depends on the original evidence for each allele and its distribution in the population being studied.

Targeted screening of known alleles differs from discovery of a new disease variant. Discovery studies normally combine segregation, association, functional evidence or phenotype data to establish a relationship between genotype and disease. A targeted screen instead asks whether the same published nucleotide or structural change is represented in another dataset. OMIA is useful for defining those targets because its Equus records link Mendelian phenes with likely causal variants reported in peer-reviewed research [Tammen et al., 2024a]. The original studies remain necessary, however, because they establish the relevant inheritance pattern and the genotype in which the phenotype was observed. In the present analysis, that distinction was particularly important because all three recovered substitutions were heterozygous, whereas the reported evidence for ACAN p.V424M and SEL1L p.I604V concerned recessive disorders.

Coordinate-level identity was essential for the five deletions and the EDNRB delins. Different events can overlap the same gene or genomic interval while having different breakpoints, lengths or inserted sequences and potentially different biological effects. Searching short-indel, structural-variant and copy-number tables reduced the chance of overlooking a published interval because it was represented by a different call type. Interval overlap was used to locate calls for review, but it was not treated as evidence that a call represented the published allele.

Four horses were heterozygous for ACAN p.V424M: two Adai from Kuanysh and two Kazakh Zhabe type from Animbekov. This EquCab3.0 substitution, g.95284530C>T, was described as one of several ACAN alleles associated with chondrodysplastic dwarfism in Miniature horses [Eberth et al., 2018]. Homozygotes and compound heterozygotes for the reported alleles expressed a dwarf phenotype, supporting recessive inheritance. All four horses in the present dataset were heterozygous and had no clinical records. The recovered calls indicate that the allele may also occur outside the Miniature Horse population in which it was characterized. Work on cartilage from dwarf Miniature horses with another ACAN genotype found structural lesions and increased ACAN gene expression, without a significant difference in aggrecan protein levels [Basso et al., 2021]. These findings support the broader role of aggrecan in chondrodysplasia but do not provide direct functional evidence for p.V424M in the breeds examined here.

The original Miniature Horse study reported a combined frequency of 0.163 for four ACAN dwarfism alleles and an estimated carrier rate of 26.2 % [Eberth et al., 2018]. Those values are not direct comparators for the present sample: they combine several alleles, concern a different breed and arise from a population in which dwarfism was already recognized. The current result is narrower. It documents four heterozygous p.V424M calls in two sampled breed groups and shows that follow-up should consider both the individual allele and the farm or family context in which it was recovered.

SEL1L p.I604V had the highest observed alternate-allele proportion of the three detected substitutions. The SEL1L c.1810A>G (p.Ile604Val) variant was identified in Thoroughbreds with atypical equine thrombasthenia, an autosomal recessive platelet disorder [Dahlgren et al., 2026]. It was associated with decreased SEL1L protein expression, and platelets from homozygous horses showed reduced spreading on collagen. By contrast, the five horses in our dataset were heterozygous and were not tested for platelet function. The three Kostanai heterozygotes came from the same farm, and the wide nominal confidence interval reflects the sample of ten horses. This group warrants further study, but the result is not a breed-wide frequency estimate or evidence of clinical disease.

SEL1L p.I604V was recovered in three breeds and accounted for five of the ten heterozygous calls in the study. Its occurrence in several sampled groups makes analytical confirmation relevant beyond a single horse, while the concentration of three calls at Kazak tulpary raises a separate question about relatedness within that farm. These observations cannot be separated with the available metadata. Pedigree information and testing of additional Kostanai horses from independent farms would clarify whether the pattern is primarily familial, local or more broadly distributed.

The GYS1 p.R309H allele occurred in one Mugalzhar horse from Karatomar. Experimental work showed that this substitution increases skeletal-muscle glycogen synthase activity and causes a gain-of-function glycogenosis; haplotype analysis suggested that the allele is identical by descent across breeds [McCue et al., 2008]. Subsequent work treated GYS1 p.R309H as the established genetic basis of PSSM1 while finding no corresponding monogenic variant in known glycogenosis genes for Quarter Horses classified with PSSM2 [Valberg et al., 2023]. Screening studies have also detected the PSSM1 allele in Selle Francais horses [Ayad

et al., 2022] and at a frequency of about 0.01 in vaquejada Quarter Horses, where the tested disease alleles occurred only in heterozygotes [Sperandio et al., 2024]. These populations are not direct frequency comparators for Mugalzhar horses. Because PSSM1 associated with GYS1 p.R309H is not a recessive carrier state, the animal is described here as heterozygous for the reported risk allele rather than as a carrier of a recessive disorder. A heterozygous call does not replace clinical assessment: genetic and histological findings provided complementary information in a neuromuscular laboratory cohort of horses investigated for muscle disease [Aleman et al., 2022].

The Selle Francais study detected the PSSM1 allele in a targeted panel of 91 horses, while the vaquejada study examined 129 Quarter Horses and reported the PSSM1 allele at approximately 0.01 [Ayad et al., 2022; Sperandio et al., 2024]. Together with evidence that the mutation is identical by descent among breeds [McCue et al., 2008], these findings show that GYS1 p.R309H is not restricted to the population in which it was first characterized. They do not establish an expected frequency for Mugalzhar horses. The single call at Karatomar is therefore most useful as a reason to confirm the genotype and extend testing within that family and farm.

The source structure limits breed comparisons. Kostanai horses came from one farm. The Adai sample included ten horses from Kuanysh and five riding-type horses from private holdings in Mangystau Region, three from Zhanaozen and two from Zhetybai. Mugalzhar and Kazakh Zhabe type were represented by two farms each, but all heterozygous calls occurred in the H1–H40 groups. Relatedness, founder effects and random sampling could all produce this pattern, and no pedigree analysis was available to distinguish them. Variant prevalence has previously been estimated within a defined US Thoroughbred population [Elcombe et al., 2023], and the frequency of MYH1 E321G differed among Quarter Horse performance disciplines [de Albuquerque et al., 2022]. The proportions reported here describe the sampled groups rather than whole breeds.

The two-farm representation of Mugalzhar and Kazakh Zhabe type provides a limited internal comparison: heterozygous calls were recovered at Karatomar and Animbekov but not at Bakytbek or Orazali. With ten horses per farm, this difference may reflect which families happened to be sampled. The five additional Adai horses broadened source coverage, but three horses from Zhanaozen and two from Zhetybai are too few for locality-level comparisons. For Kostanai, farm and breed cannot be separated. Reporting both breed and source is therefore informative, but neither level should be treated as an independent explanation of the observed pattern.

Implications for veterinary screening and breeding management.

The ten heterozygous calls at three loci identify animals and families for follow-up testing. Future studies should confirm these genotypes with an independent method, such as targeted genotyping or Sanger sequencing, before they are used for individual veterinary or breeding decisions. Once confirmed, matings between carriers of the same recessive ACAN or SEL1L allele could be avoided, as recommended for other recessive disease alleles in horse breeding [Elcombe et al., 2023]. This would allow heterozygous animals to remain in the breeding population while mating decisions also account for pedigree relationships and genetic diversity.

GYS1 p.R309H requires separate interpretation because it has been reported as a gain-of-function cause of PSSM1 [McCue et al., 2008]. In future work, the heterozygous call in the Mugalzhar horse should be confirmed and followed by veterinary assessment; it is not a clinical diagnosis. If the genotype is confirmed, close relatives and prospective breeding partners could also be tested.

Additional sampling should include relatives from farms with heterozygous calls and independent farms representing the same breeds. Pedigree and relevant clinical information would help distinguish family clustering from broader distribution. Until such data are available, the results support targeted monitoring rather than breed- or farm-wide selection measures.

The sample was modest and uneven, breed was partly confounded with farm, and pedigree, sex and clinical data were unavailable. The concentration of heterozygous calls in individual farms could therefore reflect relatedness, founder effects, sampling variation or a true difference in local occurrence. The study tested a predefined OMIA list and did not search for previously unreported disease variants.

The SNP matrices contained only variant sites, so an unreported position could not be confirmed as a homozygous-reference genotype. The three recovered substitutions in ten horses were supported by reference- and alternate-allele depth entries in the final annotation tables, but no independent assay was performed. The overlapping short-indel, structural-variant and copy-number calls differed from the published alleles in length or breakpoints; they were therefore different events, but a missed call at the same interval cannot be

excluded. Extensive copy-number variation across horse breeds further illustrates why interval overlap alone is insufficient to establish allelic identity [Tang et al., 2023].

The strength of a negative screening result depends on the data available at the target position. In an Arabian horse WGS resource, the non-detection of four pathogenic variants was supported by high sequencing depth and Sanger confirmation [Szmatoła et al., 2026]. The present analysis did not have equivalent read-level or targeted confirmation. For this reason, the 26 substitutions absent from the variant-only matrices are reported as having no recovered alternate call, and the five deletion alleles and the EDNRB delins as having no exact matching call. These categories describe the available evidence without assigning an explicit reference genotype to every horse. Future access to joint-genotyped files or targeted assays would allow the negative calls to be evaluated directly at each locus.

Conclusion.

Screening of 35 OMIA alleles in 65 horses recovered three substitutions in heterozygous form: ACAN p.V424M in sampled Adai and Kazakh horses of the Zhabe type, SEL1L p.I604V in Kostanai, Mugalzhar and Kazakh horses of the Zhabe type, and GYS1 p.R309H in one Mugalzhar horse. No call intersecting the five published deletion intervals or the EDNRB delins interval matched the reported allele. The results provide an initial description of these alleles across the sampled breeds and sources and identify targets for confirmatory genotyping.

Future work should independently confirm the detected genotypes by targeted genotyping or Sanger sequencing before they are used in individual decisions. Confirmed ACAN and SEL1L genotypes could inform mating plans that avoid pairings between heterozygous animals carrying the same recessive allele, while confirmed GYS1 p.R309H genotypes should be considered together with veterinary assessment because PSSM1 is not a recessive carrier state. Broader multi-farm sampling should include relatives and unrelated animals, together with pedigree, sex and clinical information.

REFERENCES

Aleman, M., Scalco, R., Malvick, J., Grahn, R.A., True, A. & Bellone, R.R. (2022). Prevalence of genetic mutations in horses with muscle disease from a neuromuscular disease laboratory // Journal of Equine Veterinary Science, 118, 104129. https://doi.org/10.1016/j.jevs.2022.104129

Ayad, A., Besseboua, O., Aissanou, S., Stefaniuk-Szmukier, M., Piórkowska, K., Musiał, A.D., Długosz, B., Kozłowska, A., & Ropka-Molik, K. (2022). Profiling of genetic markers useful for breeding decision in Selle Francais horse // Journal of Equine Veterinary Science, 116, 104059. https://doi.org/10.1016/j.jevs.2022.104059

Bailey, E., Finno, C.J., Cullen, J.N., Kalbfleisch, T. & Petersen, J.L. (2024). Analyses of whole-genome sequences from 185 North American Thoroughbred horses, spanning 5 generations // Scientific Reports, 14(1), 22930. https://doi.org/10.1038/s41598-024-73645-9

Basso, R.M., Andrade, D.G.A., Alves, C.E.F., Laufer-Amorim, R., Borges, A.S. & Oliveira-Filho, J.P. (2021). Aggrecan, IL-1β, IL-6, and TNF-α profiles in the articular cartilage of Miniature Horses with chondrodysplastic dwarfism // Journal of Equine Veterinary Science, 103, 103643. https://doi.org/10.1016/j.jevs.2021.103643

Boeykens F., Abitbol M., Anderson H., Casselman I., Dufaure de Citres C., Hayward J.J., Häggström J., Kittleson M.D., Lepri E., Ljungvall I., Longeri M., Lyons L.A., Ohlsson Å., Peelman L., Smets P., Vezzosi T., van Steenbeek F.G. & Broeckx B.J.G. (2024). Development and validation of animal variant classification guidelines to objectively evaluate genetic variant pathogenicity in domestic animals // Frontiers in Veterinary Science, 11, 1497817. https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1497817

Dahlgren, A. R., Careddu, F., Norris, J.W., Di Buduo, C.A., Stanger, L., Adili, R., Kropp, E.M., Li, Q., Holinstat, M., Biunno, I., Balduini, A., Tablin, F., Shavit, J.A. & Finno, C.J. (2026). ER-associated degradation pathway protein SEL1L plays an evolutionarily conserved role in platelet adhesion // Journal of Clinical Investigation, 136(4), e191433. https://doi.org/10.1172/JCI191433

de Albuquerque, A.L., Zanzarini Delfiol, D.J., Andrade, D.G.A., Albertino, L.G., Sonne, L., Borges, A.S., Valberg, S.J., Finno, C.J. & Oliveira-Filho, J.P. (2022). Prevalence of the E321G MYH1 variant in Brazilian Quarter Horses // Equine Veterinary Journal. 54(5). 952–957. https://doi.org/10.1111/evj.13521

Durward-Akhurst, S. A., Marlowe, J. L., Schaefer, R. J., Springer, K., Grantham, B., Carey, W. K., Bellone, R. R., Mickelson, J. R., & McCue, M. E. (2024). Predicted genetic burden and frequency of phenotype-associated variants in the horse. Scientific Reports, 14(1), 8396. https://doi.org/10.1038/s41598-024-57872-8

Eberth, J.E., Graves, K.T., MacLeod, J.N. & Bailey, E. (2018). Multiple alleles of ACAN associated with chondrodysplastic dwarfism in Miniature horses. Animal Genetics, 49(5), 413–420. https://doi.org/10.1111/age.12682

Elcombe, M.E., Bellone, R.R., Magdesian, K.G., & Finno, C.J. (2023). Prevalence of the RAPGEF5 c.2624C>A and PLOD1 c.2032G>A variants associated with equine familial isolated hypoparathyroidism and fragile foal syndrome in the US Thoroughbred population (1988–2019). Equine Veterinary Journal, 55(4), 666–671. https://doi.org/10.1111/evj.13883

Kalbfleisch, T.S., Rice, E.S., DePriest, M.S., Walenz, B.P., Hestand, M.S., Vermeesch, J.R., O'Connell, B.L., Fiddes, I.T., Vershinina, A.O., Saremi, N.F., Petersen, J.L., Finno, C.J., Bellone, R.R., McCue, M.E., Brooks, S.A., Bailey, E., Orlando, L., Green, R.E., Miller, D.C., Antczak, D.F., & MacLeod, J.N. (2018). Improved reference genome for the domestic horse increases assembly contiguity and composition. Communications Biology, 1, 197. https://doi.org/10.1038/s42003-018-0199-z

McCue, M.E., Valberg, S.J., Miller, M.B., Wade, C., DiMauro, S., Akman, H.O., & Mickelson, J.R. (2008). Glycogen synthase (GYS1) mutation causes a novel skeletal muscle glycogenosis. Genomics. 91(5). 458–466. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2008.01.011

Pokharel, K., Weldenegodguad, M., Reilas, T. & Kantanen, J. (2024). EquCab_Finn: A new reference genome assembly for the domestic horse, Finnhorse. Animal Genetics, 55(5), 766–771. https://doi.org/10.1111/age.13463

Sperandio, L.M.S., Lago, G.R., Albertino, L.G., Araújo, C.E.T., Ferreira, C., Borges, A.S. & Oliveira-Filho, J.P. (2024). Allele frequency of muscular genetic disorders in bull-catching (vaquejada) Quarter Horses // Journal of Equine Veterinary Science, 136, 105052. https://doi.

org/10.1016/j.jevs.2024.105052

Szmatoła, T., Finno, C., Gurgul, A., Heath, H., Stefaniuk-Szmukier, M., Almarzook, S., Norton, E. & Ropka-Molik, K. (2026). Genomic diversity and structure in Arabian horses revealed by whole-genome sequencing: Establishment of an allele frequency database of common genetic variation. BMC Genomics. 27(1). 552. https://doi.org/10.1186/s12864-026-12862-0

Tammen, I., Bailey, E., Mather, M. & Nicholas, F.W. (2024a). Equus in Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA). Animals, 14(14), 2069. https://doi.org/10.3390/ani14142069

Tammen, I., Mather, M., Leeb, T. & Nicholas, F.W. (2024b). Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA): A genetic resource for vertebrate animals. Mammalian Genome, 35(4), 556–564. https://doi.org/10.1007/s00335-024-10059-y

Tang, X., Zhu, B., Ren, R., Chen, B., Li, S. & Gu, J. (2023). Genome-wide copy number variation detection in a large cohort of diverse horse breeds by whole-genome sequencing // Frontiers in Veterinary Science, 10, 1296213. https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1296213

Tozaki, T., Ohnuma, A., Kikuchi, M., Ishige, T., Kakoi, H., Hirota, K.I., Kusano, K. & Nagata, S.I. (2021). Rare and common variant discovery by whole-genome sequencing of 101 Thoroughbred racehorses // Scientific Reports, 11(1), 16057. https://doi.org/10.1038/s41598-021-95669-1

Valberg, S.J., Williams, Z.J., Finno, C.J., Schultz, A., Velez-Irizarry, D., Henry, M.L., Gardner, K. & Petersen J.L. (2023). Type 2 polysaccharide storage myopathy in Quarter Horses is a novel glycogen storage disease causing exertional rhabdomyolysis // Equine Veterinary Journal. 55(4). 618–631. https://doi.org/10.1111/evj.13876

Yerkebulan Aitkazyevich Talzhanov – development of the research methodology, analysis and processing of the experimental data, interpretation of the results, and preparation of the scientific manuscript.

Aruzhan Magauyakyzy Aitaly – conducting field and laboratory research.

Ualikhan Almasbekuly Akhmetov – conducting field and laboratory research.

Dauren Mustafayevich Nurmahanbetov – conducting field and laboratory research.

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/

30.10.2026 ж.