

In the dry and hot climate of the republic, natural pastures serve as the basis for fodder for farm animals, and pasture rotation is the system for the proper use of pastures.

**Key words:** animal husbandry, pastures, feeding, cattle breeding, sheep breeding, production.

МРНТИ 68.03.05, 34.23.59

DOI <https://doi.org/10.37884/3-2023/05>

*И.С. Бейшова<sup>1</sup>, Д.А. Гриценко<sup>2</sup>, М.Х. Шамекова<sup>2</sup>, А.С. Пожарский<sup>2</sup>,  
Т.В. Ульянова<sup>1\*</sup>, А.М. Ковальчук<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, Республика Казахстан, [indira\\_bei@mail.ru](mailto:indira_bei@mail.ru), [tatyana.poddudinskaya@gmail.com](mailto:tatyana.poddudinskaya@gmail.com)\*, [kovalchuk\\_s89@mail.ru](mailto:kovalchuk_s89@mail.ru),

<sup>2</sup> РГП на ПХВ «Институт биологии и биотехнологии растений», г. Алматы, Республика Казахстан, [d.kopytina@gmail.com](mailto:d.kopytina@gmail.com), [shamekov@gmail.com](mailto:shamekov@gmail.com), [aspozharsky@gmail.com](mailto:aspozharsky@gmail.com)

## ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ ПОРОД ЛОШАДЕЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПОЛНОГЕНОМНОГО АНАЛИЗА SNP

### Аннотация

В статье представлены результаты исследования генетического разнообразия отечественных пород лошадей на основании полногеномного анализа однонуклеотидных полиморфизмов (single nucleotide polymorphism, SNP), проведенного с использованием микрочипов Equine 80k HTS («Illumina Inc.», США).

В качестве материала для исследований использовали образцы волосяных луковиц лошадей казахской породы типов джабе (ZHB, n = 631), адайского (ADA, n = 303) и найманского (NMN, n = 158), мугалжарской (MUG, n = 584), кушумской (KSH, n = 226) и костанайской (KOS, n = 116) пород. Контроль качества SNP-генотипирования проводили с помощью программного обеспечения PLINK1.9. Для обработки и визуализации данных применяли программы PLINK1.9, R-пакет, BEAGLE, ADMIXTURE, CLUMPAK и FigTree. Конечный набор маркеров, отобранный по результатам контроля качества и использованный для анализа, включал 60 987 SNP.

Все исследуемые породы лошадей имели очень близкие значения ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности - в среднем 0,3478 и 0,3443. Степень наблюдаемой гетерозиготности в исследуемых породах лошадей изменялась от 0,3402 у казахской породы адайского типа и мугалжарской породы до 0,3514 у кушумской породы. С помощью метода главных компонент (principal component analysis, PCA), программы ADMIXTURE, ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности (He и Ho), попарных значений индекса фиксации (Fst) было выявлено отсутствие генетической изменчивости между исследуемыми породами лошадей. Сравнение с ранее опубликованными данными о генетическом разнообразии пород лошадей выявило относительно высокий уровень индивидуального разнообразия отечественных лошадей по сравнению с зарубежными породами. При этом монгольская и тувинская породы были выделены как наиболее близкие породы лошадей. Таким образом, впервые с использованием полногеномного анализа SNP мы изучили генетическое разнообразие у отечественных пород лошадей. Эти результаты служат началом углубленного изучения генофонда пород и оценки их значения для перспектив сельскохозяйственного производства.

**Ключевые слова:** *Equus caballus*, казахская порода тип джабе, казахская порода адайский тип, казахская порода найманский тип, мугалжарская порода, кушумская порода, костанайская порода, SNP.

### **Введение**

Лошади (*Equus caballus*) – животные, традиционно играющие важную роль на протяжении всей истории Казахстана и казахского народа. Ботайская культура энеолита (Северный Казахстан) содержит, возможно, самые ранние свидетельства использования лошадей местными племенами [1]. Геномные данные показали, что ботайские лошади были ближе к лошадям Пржевальского, чем к современным домашним лошадям, таким образом, даже если приручение Неолитической лошади имело место в Ботае, оно произошло независимо от основного курса одомашнивания лошади [2]. Тем не менее лошади стали важной частью степного скотоводства и кочевничества на территории современного Казахстана и Центральной Азии еще в эпоху бронзы [3,4]. От сако-скифских племен до трех казахских орд, на протяжении всего процесса казахского этногенеза лошади были не только важным экономическим ресурсом для местных кочевых народов [5], но и важной частью культурного наследия [6].

Казахстан является вторым по величине производителем конины в мире после Китая, однако он ограничен внутренним рынком, поскольку страна не входит в число ведущих экспортеров конины в мире [7]. С растущим интересом к конине как безопасной и питательной альтернативе говядине, несмотря на предвзятое отношение, существующее во многих странах [8], у Казахстана есть потенциал стать важным поставщиком на мировом рынке конины. Это требует масштабной модернизации коневодства, чтобы оно соответствовало признанным на международном уровне стандартам. Важным аспектом такой модернизации является широкое внедрение современных методов молекулярной генетики и геномики в племенное коневодство с целью лучшего понимания генетической структуры линий и пород лошадей, улучшения классификации и управления генотипами лошадей, содействия селекции с использованием молекулярных маркеров, связанных с хозяйственно-полезными признаками. Коммерческие панели для генотипирования животных содержат десятки или сотни тысяч SNP-маркеров, отобранных для изучения общей генетической изменчивости, что помогает сканировать геномы на предмет потенциально важных полиморфизмов без дорогостоящего секвенирования всего генома. Ранее в Казахстане генотипирование SNP-микрочипов использовалось для описания генетической структуры местных пород овец, имеющих существенное значение для страны [9, 10]. Для лошадей была разработана панель EquineSNP50, которая доказала свою пригодность для полногеномного поиска ассоциаций и исследований разнообразия лошадей [11-13].

Целью настоящей работы было изучение генетического разнообразия отечественных пород лошадей с использованием микрочипов Equine80k SNP, модернизированной и расширенной версии микрочипов версии EquineSNP50.

### **Методы и материалы**

В качестве материала для исследований использовали образцы волосяных луковиц лошадей казахской породы типов джабе (ZHB, n = 631), адайского (ADA, n = 303) и найманского (NMN, n = 158), мугалжарской (MUG, n = 584) кушумской (KSH, n = 226) и костанайской (KOS, n = 116) пород, отобранных с хозяйств Северо-Казахстанской, Западно-Казахстанской, Восточно-Казахстанской, Мангистауской, Акмолинской, Костанайской, Жамбылской, Алматинской и Актюбинской областей. Волосяные луковицы отбирали из хвостов и/или грив животных и хранили при температуре +4°C до дальнейшего использования.

Геномную ДНК выделяли с помощью набора «ДНК-Экстран-2» (ООО «Синтол», Россия) в соответствии с инструкцией производителя. Концентрацию ДНК определяли с помощью флуоресцентного прибора Qubit 4 (Thermo Fisher Scientific, США). Качественный анализ ДНК проводили с помощью электрофореза в агарозном геле.

SNP-генотипирование проводили с помощью микрочипов Equine 80k HTS («Illumina Inc.», США), в соответствии с протоколом производителя.

Контроль качества генотипирования осуществляли с помощью программного обеспечения PLINK1.9 [14, 15]. Для оценки точности и эффективности генотипирования SNP

на первом этапе выполняли контроль качества по показателям GenCall (GC) и GenTrain (GT). При определении генотипов для каждого из SNP использовали параметры отсечения: для GC — 0,8, для GT — 0,7. Далее применяли следующие фильтры: SNP, генотипированные не менее чем у 90 % животных, частота минорных аллелей менее 5 %, тест на равновесие по Харди-Вайнбергу  $p < 1 \cdot 10^{-10}$ . SNP с неизвестной локализацией исключали из анализа. Все данные, удовлетворяющие этим критериям, были экспортированы и преобразованы в файлы текстового ввода PLINK (.ped + .map) с использованием общих утилит обработки данных R [16]. Недостающие генотипы были подсчитаны с использованием BEAGLE [17].

Чтобы определить кластерные группы исследуемых выборок лошадей, выявляли наличие устойчивых потенциальных компонент (кластеров) в анализируемой совокупности данных (ADMIXTURE), определяли наиболее вероятный вариант разделения выборки на заданное число групп K (K = 1–10), для каждого значения K выполняли 10 итераций.

Популяционный анализ был проведен с использованием PLINK1.9 и обобщен с использованием R-функций. Он включал оценку неравновесия сцепления (LD), ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности ( $H_e$ ,  $H_o$ ), попарных значений индекса фиксации (Fst).

Сравнительный анализ данных SNP-генотипирования лошадей отечественных пород по отношению к зарубежным породам был проведен с использованием данных Petersen et al. [12]. Анализ главных компонент был выполнен с помощью PLINK и визуализирован с помощью R с пакетом ‘ggplot2’ [18]. Анализ ADMIXTURE проводили для K от 1 до 40 с 10 итерациями и визуализировали с помощью CLUMPAK [19]. Матрица расстояний была рассчитана с использованием манхэттенского расстояния в пакете ‘dartR’, укорененное дерево строили по методу ближайших соседей (neighbor-joining) с использованием пакета ‘ape’ и визуализировали с помощью программного обеспечения FigTree [20].

### **Результаты и обсуждение**

После объединения и фильтрации всех файлов с генотипической информацией мы получили 60 987 высококачественных SNP для дальнейших исследований.

Все исследуемые породы лошадей были проанализированы с использованием показателей общей популяционной статистики, включающей ожидаемую и наблюдаемую гетерозиготность и попарные значения индекса фиксации Fst между породами (таблица 1).

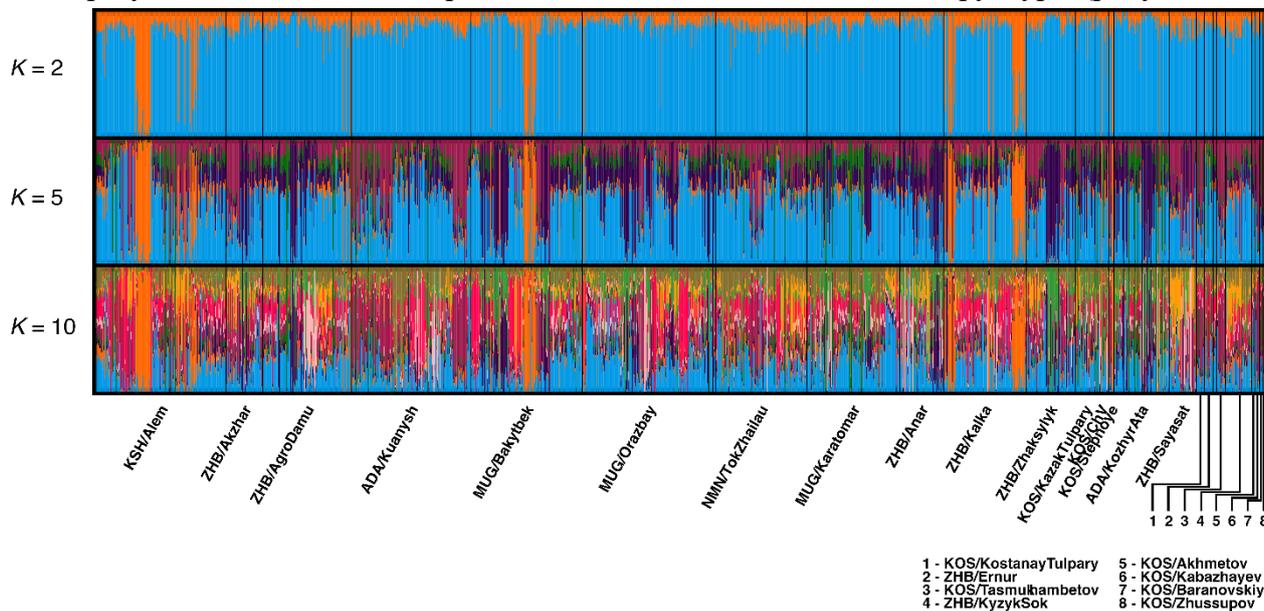
**Таблица 1** - Характеристика генетического разнообразия казахской (джабе, адайский, найманский типы), мугалжарской, кушумской и костанайской пород лошадей

Порода (тип)	N	$H_e$	$H_o$	Попарный Fst Райта между типами/породами					
				Адайский тип	Тип джабе	Мугалжарская	Кушумская	Найманский тип	Костанайская
Адайский тип	303	0,3438	0,3402	0,0000					
Тип джабе	631	0,3496	0,3453	0,0011	0,0000				
Мугалжарская	584	0,3456	0,3402	0,0010	0,0005	0,0000			
Кушумская	226	0,3564	0,3514	0,0050	0,0029	0,0043	0,0000		
Найманский тип	158	0,3462	0,3472	0,0014	0,0016	0,0016	0,0046	0,0000	
Костанайская	116	0,3451	0,3419	0,0003	0,0009	0,0011	0,0037	0,0016	0,0000

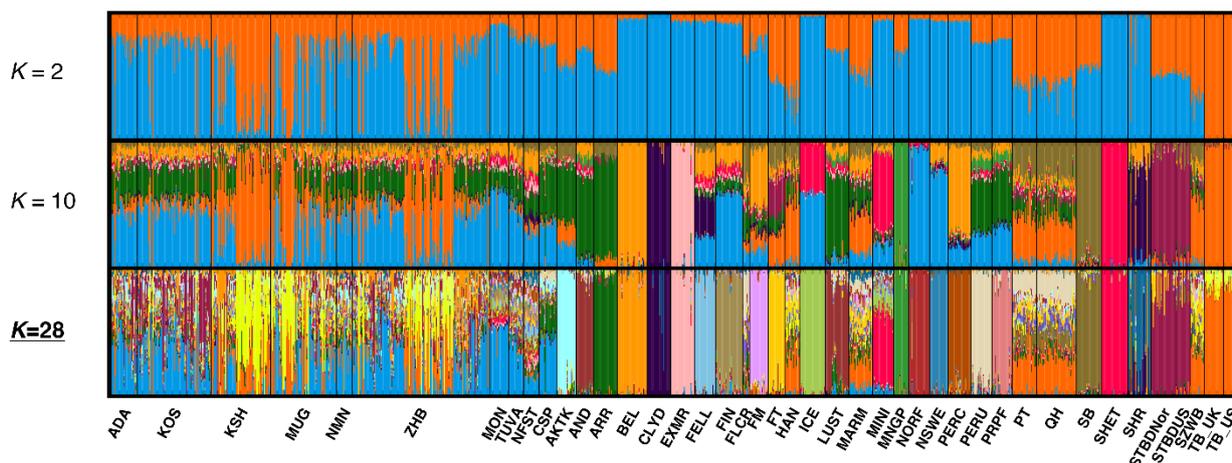
Примечание: N – количество образцов,  $H_e$  -ожидаемая гетерозиготность,  $H_o$  - наблюдаемая гетерозиготность.

Все исследуемые породы лошадей имели очень близкие значения ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности - в среднем 0,3478 и 0,3443. Степень наблюдаемой гетерозиготности изменялась от 0,3402 у казахской породы адайского типа и мугалжарской породы до 0,3514 у кушумской породы. Все пары пород продемонстрировали Fst, не превышающий 0,001, что указывает на очень низкую степень дифференциации между исследуемыми группами. Наименьшее значение индекса фиксации наблюдалось для костанайской породы и казахской породы адайского типа (Fst = 0,0003); наибольшее - для кушумской породы и казахской породы адайского типа (Fst = 0,005).

Результаты ADMIXTURE согласуются с результатами расчета индекса фиксации Fst. Хотя перекрестная проверка не выявила истинного значения K, поскольку стандартная ошибка перекрестной проверки не достигла минимального значения в K пробегах от 1 до 10, анализ результатов позволил выбрать K = 2 в качестве оптимальной структуры (рисунок 1 А).



А



Б

**Рисунок 1** - Сравнительная структура популяций лошадей, рассчитанная с помощью ADMIXTURE

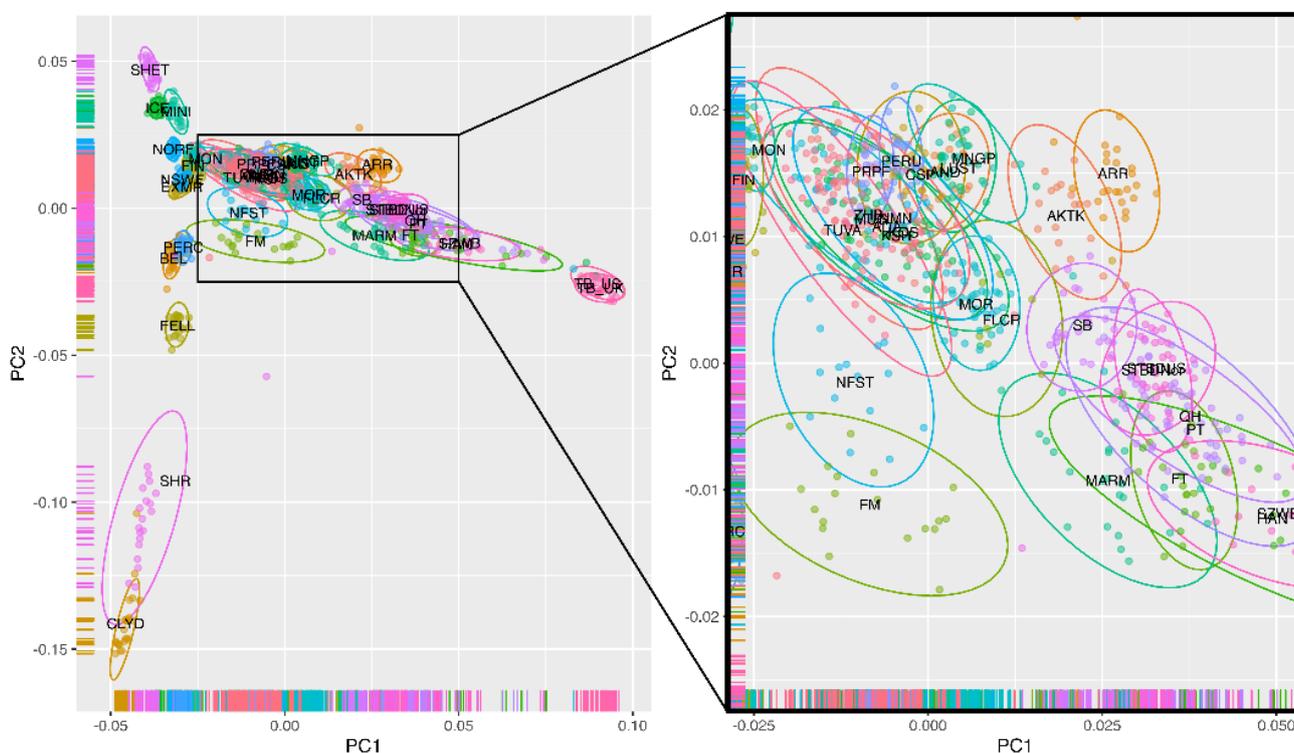
А - выборка пород лошадей, разводимых в Казахстане; Б - выборка отечественных пород лошадей по сравнению с зарубежными породами [35]

Результаты K = 2 показали, что исследуемая выборка местных пород лошадей в целом была однородной, за исключением некоторых отдаленных генотипов. Эти выбросы были приняты во внимание для дальнейшего анализа. Дальнейшие результаты для K от 3 до 10 подчеркивали внутрипопуляционную изменчивость и не добавляли информации о генетической структуре между популяциями.

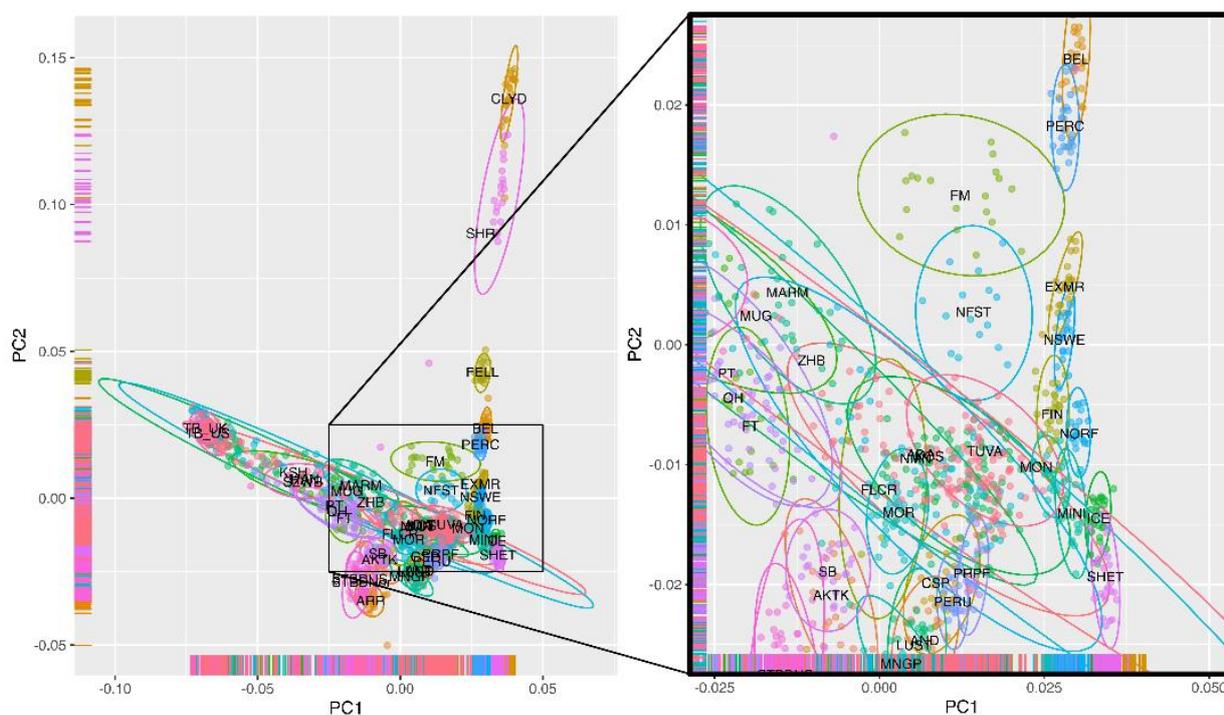
Данные Petersen et al. были использованы для того, чтобы поместить образцы отечественных пород лошадей в контекст глобального разнообразия. Поскольку количество особей, представляющих зарубежные породы, было значительно ниже, чем в нашей работе, мы сбалансировали объемы данных, ограничив количество лошадей не более чем 10 особями

на популяцию; эти особи были отобраны случайным образом. Упомянутые выше генотипы с выбросами были дополнительно отобраны для определения вероятного источника интрогрессии. Объединенный набор данных включал 35 419 SNP для 1 176 животных, включая 138 лошадей казахской породы типа джабе, 74 - костанайской, 66 - мугалжарской, 60 - кушумской и 27 - казахской породы адайского типа. 10-кратный тест перекрестной валидации анализа ADMIXTURE выявил  $K = 28$  как оптимальное количество кластеров (рисунок 1 Б). Результаты показали, что местные породы лошадей имели более высокий уровень индивидуальной изменчивости по сравнению с зарубежными породами. Не наблюдалось никаких закономерностей кластеризации, позволяющих различать отечественные породы лошадей. Среди зарубежных пород наиболее похожие на местных лошадей образцы наблюдались у тувинских (TUVA) и монгольских (MON) лошадей. Выявленные образцы-выбросы показали высокое сходство с чистокровной верховой породой (ТВ), обозначенной оранжевым цветом по всем  $K$ , однако, при оптимальном  $K = 28$ , выбросы местных лошадей демонстрировали высокую вероятность появления нового кластера (показаны бледно-желтым цветом) с незначительной встречаемостью у чистокровных лошадей.

Результаты анализа главных компонент (рисунок 2) также показали низкий уровень дифференциации между местными породами лошадей. Мы отдельно рассмотрели выборку с отдаленными генотипами (рисунок 2 Б) и без них (рисунок 2 А). На рисунке 2 А показано, что все местные породы лошадей составляли одну группу, соответствующие эллипсы и центральные точки сильно перекрывались. На рисунке 2 Б отдаленные генотипы были смещены в сторону чистокровных лошадей (популяции из Великобритании и США). Наиболее близкими к отечественным породам лошадей были монгольская и тувинская породы, а также каспийская порода и группа андалузских и южноамериканских лошадей. В общей структуре отечественные лошади занимали центральное положение по отношению к направлениям распространения мировых пород.



A



Б

А - отдаленные генотипы исключены; Б - отдаленные генотипы включены. Эллипсы обозначают границы для баллов, соответствующих породам, с доверительной вероятностью 0,95.

**Рисунок 2** - Результаты анализа главных компонент (principal component analysis, PCA) на основе SNP-генотипов отечественных пород лошадей, в сравнении с зарубежными породами: казахская порода типов джабе (ZHB), адайский (ADA) и найманский (NMN), мугалжарская (MUG), кушумская (KSH), костанайская (KOS), ахалтекинская (AKTK), андалузская (AND), арабская (ARR), бельгийская (BEL), каспийская (CSP), клейдесдаль (CLYD), эксмурская (EXMR), фелл пони (FELL), финская (FIN), флоридский крэкер (FLCR), Франш-Монтань (FM), французская рысистая (FT), ганноверская (HAN), исландская ( ICE), лузитанская (LUST), Мангаларга Паулиста (MNGP), Мареммано (MARM), миниатюрная (MINI), монгольская (MON), Морган (MOR), Нью-Форест-пони (NFST), Северо-шведская (NSWE), Норвежский фьорд (NORF), Американский пейнтхорс (PT), Першерон (PERC), Перуанский пасо (PERU), Пасо-фино (PRPF), кватерхорс (QH), американская верховая (SB), Шетлендский пони (SHET), Шайр (SHR), норвежская стандартбредная (STBDNor), американская стандартбредная (STBDUS), швейцарская теплокровная (SZWB), ирландская чистокровная (TB\_UK), американская чистокровная (TB\_US), тувинская (TUVA)

На дендрограмме Neighbor-Net tree также не было четких структур, соответствующих отечественным породам; большинство образцов были объединены в отдельную гетерогенную группу, включающую также монгольских и тувинских лошадей (рисунок 3).

В отличие от результатов других методов, описанных выше, лишь несколько отдаленных генотипов отличались от основной группы генотипов. Четыре лошади костанайской, мугалжарской, казахской породы адайского типа были размещены рядом с чистокровными верховыми лошадьми, а пять лошадей кушумской, мугалжарской, казахской породы типов джабе и найманский были размещены между американской породой Морган и группой южноамериканских и испанских лошадей. Чистокровная верховая порода была популярна среди заводчиков в стране, а также во всем мире, как эталон седельной и породной лошади. Чистокровные жеребцы импортировались с начала 20 века и использовались при скрещивании



процессом и сохранения генофонда в коневодстве» ИПН BR10764999, № государственной регистрации 0121PK00789.

### Список литературы

1. Levine M.A. Botai and the Origins of Horse Domestication. *Journal of Anthropological Archaeology* [Text] / M.A. Levine. - 1999. – V. 18. – P. 29-78.
2. Kyselý R. New discoveries change existing views on the domestication of the horse and specify its role in human prehistory and history – a review [Text] / R. Kyselý, L. Peške // *Archeologické rozhledy*. - 2022. - V. 74. - No. 3. – P. 299-345.
3. Frachetti M. From sheep to (some) horses: 4500 years of herd structure at the pastoralist settlement of Begash (south-eastern Kazakhstan) [Text] / M. Frachetti, N. Benecke // *Antiquity*. – 2009. – V. 83. – P. 1023-1037.
4. Outram A.K. Patterns of pastoralism in later Bronze Age Kazakhstan: new evidence from faunal and lipid residue analyses [Text] / A.K. Outram, A. Kasparov, N.A. Stear, V. Varfolomeev, E. Usmanova, R.P. Evershed // *Journal of Archaeological Science*. - 2012. – V. 39. – P. 2424-2435.
5. Chang C. The study of nomads in the republic of Kazakhstan [Text] / C. Chang // In book: *The Ecology of Pastoralism*. - 2015. - P. 17-40.
6. Sarbassova G. Language and identity in Kazakh horse culture [Text] / G. Sarbassova // *bilig*. - 2015. – V. 75. – P. 227-248.
7. Jastrzębska E. Current situation and prospects for the horse meat market in Poland and the world [Text] / E. Jastrzębska, T. Daszkiewicz, A. Górecka-Bruzda, D. Feliś // *Medycyna Weterynaryjna*. - 2019. – V. 75(4). – P. 196-202.
8. Stanciu S. Horse Meat Consumption – Between Scandal and Reality [Text] / S. Stanciu // *Procedia Economics and Finance*. - 2015. – V. 23. – P. 697-703.
9. Pozharskiy A. SNP genotyping and population analysis of five indigenous Kazakh sheep breeds [Text] / A. Pozharskiy, A. Khamzina, D. Gritsenko, Z. Khamzina, S. Kassymbekova, N. Karimov, T. Karymsakov, N. Tlevlesov // *Livestock Science*. - 2020. – V. 241. - P. 104252-1-104252-26.
10. Zhumadillayev N. SNP Genotyping Characterizes the Genome Composition of the New Baisary Fat-Tailed Sheep Breed [Text] / N. Zhumadillayev, K. Dossybayev, A. Khamzina, T. Kapasuly, Z. Khamzina, N. Tlevlesov // *Animals*. - 2022. – V. 12. – P. 1468-1-1468-12.
11. McCue M.E. A High Density SNP Array for the Domestic Horse and Extant Perissodactyla: Utility for Association Mapping, Genetic Diversity, and Phylogeny Studies [Text] / M.E. McCue, D.L. Bannasch, J.L. Petersen, J. Gurr, E. Bailey, M.M. Binns, O. Distl, G. Guérin, T. Hasegawa, E.W. Hill, T. Leeb, G. Lindgren, M.C.T. Penedo, K.H. Røed, O.A. Ryder, J.E. Swinburne, T. Tozaki, S.J. Valberg, M. Vaudin, K. Lindblad-Toh, C.M. Wade, J.R. Mickelson // *PLOS Genetics*. - 2012. – V. 8. – P. e1002451-1-e1002451-14.
12. Petersen J.L. Genetic Diversity in the Modern Horse Illustrated from Genome-Wide SNP Data [Text] / J.L. Petersen, J.R. Mickelson, E.G. Cothran, L.S. Andersson, J. Axelsson, E. Bailey, D. Bannasch, M.M. Binns, A.S. Borges, P. Brama, A. da C. Machado, O. Distl, M. Felicetti, L. Fox-Clipsham, K.T. Graves, G. Guérin, B. Haase, T. Hasegawa, K. Hemmann, E.W. Hill, T. Leeb, G. Lindgren, H. Lohi, M.S. Lopes, B.A. McGivney, S. Mikko, N. Orr, M.C.T. Penedo, R.J. Piercy, M. Raekallio, S. Rieder, K.H. Røed, M. Silvestrelli, J. Swinburne, T. Tozaki, M. Vaudin, C.M. Wade, M.E. McCue // *PLOS ONE*. - 2013. – V. 8, - P. e54997-1-e54997-15.
13. Petersen J.L. Genome-Wide Analysis Reveals Selection for Important Traits in Domestic Horse Breeds [Text] / J.L. Petersen, J.R. Mickelson, A.K. Rendahl, S.J. Valberg, L.S. Andersson // *PLoS Genet*. - 2013. – V. 9. – P. 1003211-1-1003211-17.
14. Purcell S. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses [Text] / S. Purcell, B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M.A.R. Ferreira, D. Bender, J. Maller, P. Sklar, P.I.W. De Bakker, M.J. Daly, P.C. Sham // *American Journal of Human Genetics*. - 2007. - V. 81. – P. 559-575.

15. Chang C.C. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets [Text] / C.C. Chang, C.C. Chow, L.C. Tellier, S. Vattikuti, S.M. Purcell, J.J. Lee // *GigaScience*. - 2015. – V. 4. – P. 7-1-7-16.
16. R Core Team 2019. R: A Language and Environment for Statistical Computing.
17. Browning B.L. A One-Penny Imputed Genome from Next-Generation Reference Panels [Text] / B.L. Browning, Y. Zhou, S.R. Browning // *American Journal of Human Genetics*. - 2018. – V. 103. – P. 338-348.
18. Wickham H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis [Text] / H. Wickham // Springer-Verlag New York. - 2016. – 213 p.
19. Kopelman N.M. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K [Text] / N.M. Kopelman, J. Mayzel, M. Jakobsson, N.A. Rosenberg, I. Mayrose // *Molecular Ecology Resources*. - 2015. – V. 15. – P. 1179-1191.
20. Rambaut A. FigTree: tree figure drawing tool (Version 1.4.4) [Text] / A. Rambaut // Retrieved from <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>. – 2018.

### References

1. Levine M.A. Botai and the Origins of Horse Domestication. *Journal of Anthropological Archaeology* [Text] / M.A. Levine. - 1999. – V. 18. – P. 29-78.
2. Kyselý R. New discoveries change existing views on the domestication of the horse and specify its role in human prehistory and history – a review [Text] / R. Kyselý, L. Peške // *Archeologické rozhledy*. - 2022. - V. 74. - No. 3. – P. 299-345.
3. Frachetti M. From sheep to (some) horses: 4500 years of herd structure at the pastoralist settlement of Begash (south-eastern Kazakhstan) [Text] / M. Frachetti, N. Benecke // *Antiquity*. – 2009. – V. 83. – P. 1023-1037.
4. Outram A.K. Patterns of pastoralism in later Bronze Age Kazakhstan: new evidence from faunal and lipid residue analyses [Text] / A.K. Outram, A. Kasparov, N.A. Stear, V. Varfolomeev, E. Usmanova, R.P. Evershed // *Journal of Archaeological Science*. - 2012. – V. 39. – P. 2424-2435.
5. Chang C. The study of nomads in the republic of Kazakhstan [Text] / C. Chang // In book: *The Ecology of Pastoralism*. - 2015. - P. 17-40.
6. Sarbassova G. Language and identity in Kazakh horse culture [Text] / G. Sarbassova // *bilig*. - 2015. – V. 75. – P. 227-248.
7. Jastrzębska E. Current situation and prospects for the horse meat market in Poland and the world [Text] / E. Jastrzębska, T. Daszkiewicz, A. Górecka-Bruzda, D. Feliś // *Medycyna Weterynaryjna*. - 2019. – V. 75(4). – P. 196-202.
8. Stanciu S. Horse Meat Consumption – Between Scandal and Reality [Text] / S. Stanciu // *Procedia Economics and Finance*. - 2015. – V. 23. – P. 697-703.
9. Pozharskiy A. SNP genotyping and population analysis of five indigenous Kazakh sheep breeds [Text] / A. Pozharskiy, A. Khamzina, D. Gritsenko, Z. Khamzina, S. Kassymbekova, N. Karimov, T. Karymsakov, N. Tlevlesov // *Livestock Science*. - 2020. – V. 241. - P. 104252-1-104252-26.
10. Zhumadillayev N. SNP Genotyping Characterizes the Genome Composition of the New Baisary Fat-Tailed Sheep Breed [Text] / N. Zhumadillayev, K. Dossybayev, A. Khamzina, T. Kapasuly, Z. Khamzina, N. Tlevlesov // *Animals*. - 2022. – V. 12. – P. 1468-1-1468-12.
11. McCue M.E. A High Density SNP Array for the Domestic Horse and Extant Perissodactyla: Utility for Association Mapping, Genetic Diversity, and Phylogeny Studies [Text] / M.E. McCue, D.L. Bannasch, J.L. Petersen, J. Gurr, E. Bailey, M.M. Binns, O. Distl, G. Guérin, T. Hasegawa, E.W. Hill, T. Leeb, G. Lindgren, M.C.T. Penedo, K.H. Røed, O.A. Ryder, J.E. Swinburne, T. Tozaki, S.J. Valberg, M. Vaudin, K. Lindblad-Toh, C.M. Wade, J.R. Mickelson // *PLOS Genetics*. - 2012. – V. 8. – P. e1002451-1-e1002451-14.
12. Petersen J.L. Genetic Diversity in the Modern Horse Illustrated from Genome-Wide SNP Data [Text] / J.L. Petersen, J.R. Mickelson, E.G. Cothran, L.S. Andersson, J. Axelsson, E. Bailey, D. Bannasch, M.M. Binns, A.S. Borges, P. Brama, A. da C. Machado, O. Distl, M. Felicetti, L. Fox-

Clipsham, K.T. Graves, G. Guérin, B. Haase, T. Hasegawa, K. Hemmann, E.W. Hill, T. Leeb, G. Lindgren, H. Lohi, M.S. Lopes, B.A. McGivney, S. Mikko, N. Orr, M.C.T. Penedo, R.J. Piercy, M. Raekallio, S. Rieder, K.H. Røed, M. Silvestrelli, J. Swinburne, T. Tozaki, M. Vaudin, C.M. Wade, M.E. McCue // PLOS ONE. - 2013. – V. 8, - P. e54997-1-e54997-15.

13. Petersen J.L. Genome-Wide Analysis Reveals Selection for Important Traits in Domestic Horse Breeds [Text] / J.L. Petersen, J.R. Mickelson, A.K. Rendahl, S.J. Valberg, L.S. Andersson // PLoS Genet. - 2013. – V. 9. – P. 1003211-1-1003211-17.

14. Purcell S. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses [Text] / S. Purcell, B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M.A.R. Ferreira, D. Bender, J. Maller, P. Sklar, P.I.W. De Bakker, M.J. Daly, P.C. Sham // American Journal of Human Genetics. - 2007. - V. 81. – P. 559-575.

15. Chang C.C. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets [Text] / C.C. Chang, C.C. Chow, L.C. Tellier, S. Vattikuti, S.M. Purcell, J.J. Lee // GigaScience. - 2015. – V. 4. – P. 7-1-7-16.

16. R Core Team 2019. R: A Language and Environment for Statistical Computing.

17. Browning B.L. A One-Penny Imputed Genome from Next-Generation Reference Panels [Text] / B.L. Browning, Y. Zhou, S.R. Browning // American Journal of Human Genetics. - 2018. – V. 103. – P. 338-348.

18. Wickham H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis [Text] / H. Wickham // Springer-Verlag New York. - 2016. – 213 p.

19. Kopelman N.M. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K [Text] / N.M. Kopelman, J. Mayzel, M. Jakobsson, N.A. Rosenberg, I. Mayrose // Molecular Ecology Resources. - 2015. – V. 15. – P. 1179-1191.

20. Rambaut A. FigTree: tree figure drawing tool (Version 1.4.4) [Text] / A. Rambaut // Retrieved from <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>. – 2018.

**И.С. Бейшова<sup>1</sup>, Д.А. Гриценко<sup>2</sup>, М.Х. Шамекова<sup>2</sup>, А.С. Пожарский<sup>2</sup>,  
Т.В. Ульянова<sup>1\*</sup>, А.М. Ковальчук<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> «Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КЕАҚ, Орал қаласы, Қазақстан Республикасы, [indira\\_bei@mail.ru](mailto:indira_bei@mail.ru), [tatyana.poddudinskaya@gmail.com](mailto:tatyana.poddudinskaya@gmail.com)\*, [kovalchuk\\_s89@mail.ru](mailto:kovalchuk_s89@mail.ru),

<sup>2</sup> «Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты» ШЖҚ РМК, Алматы қаласы, Қазақстан Республикасы, [d.kopytina@gmail.com](mailto:d.kopytina@gmail.com), [shamekov@gmail.com](mailto:shamekov@gmail.com), [aspozharsky@gmail.com](mailto:aspozharsky@gmail.com)

## **ТОЛЫҚ ГЕНОМДЫҚ SNP ТАЛДАУ НЕГІЗІНДЕ ОТАНДЫҚ ЖЫЛҚЫ ТҰҚЫМДАРЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘРТҮРЛІЛІГІН ЗЕРТТЕУ**

### **Аңдатпа**

Мақалада Equine 80k HTS микрочиптері («Illumina Inc.», АҚШ) арқылы жүргізілген бір нуклеотидтік полиморфизмнің (single nucleotide polymorphism, SNP) толық геномдық талдауына негізделген отандық жылқы тұқымдарының генетикалық әртүрлілігін зерттеу нәтижелері келтірілген.

Зерттеу материалы ретінде қазақ тұқымының жабы (ZHB, n = 631), адай (ADA, n = 303) және найман (NMN, n = 158), мұғалжар (MUG, n = 584), көшім (KSH, n = 226) және қостанай (KOS, n = 116) типті жылқы тұқымдарының қыл түйіндері пайдаланылды. SNP-генотиптеудің сапасын бақылау PLINK1.9 бағдарламалық жасақтамасының көмегімен жүргізілді. Деректерді өңдеу және визуализациялау үшін PLINK1.9, R-пакет, BEAGLE, ADMIXTURE, CLUMPAK және FigTree бағдарламалары қолданылды. Сапаны бақылау нәтижелері бойынша таңдалған және талдау үшін пайдаланылған маркерлердің соңғы жиынтығына 60 987 SNP кірді.

Барлық зерттелген жылқы тұқымдарының күтілетін және бақыланатын гетерозиготалылықтың өте жақын мәндеріне ие, орташа есеппен 0,3478 және 0,3443. Зерттелген жылқы тұқымдарында бақыланатын гетерозиготалылық дәрежесі адай типті қазақ жылқы тұқымында және мұғалжар тұқымында 0,3402-ден және көшім тұқымында 0,3514-ке

дейін өзгерді. Негізгі компоненттер әдісі (principal component analysis, PCA), ADMIXTURE бағдарламасы, күтілетін және бақыланатын гетерозиготалылық (He және Ho), жұптық мәндердің фиксация индексі (Fst) арқылы зерттелген жылқы тұқымдары арасында генетикалық өзгергіштігінің болмауы анықталды. Жылқы тұқымдарының генетикалық әртүрлілігі туралы бұрын жарияланған шетелдік тұқымдардың мәліметтермен салыстыру нәтижесінде, отандық жылқылардың жекеленген әртүрлілігінің салыстырмалы түрде жоғары деңгейін анықтады. Сонымен қатар, жылқыларға ең жақын тұқымдар ретінде моңғол және тува тұқымдары дәлелденді. Осылайша, алғаш рет толық геномдық SNP талдауын қолдана отырып, отандық жылқы тұқымдарының генетикалық әртүрлілігі зерттелді. Бұл нәтижелер тұқымдардың гендік қорын терең зерттеудің және олардың ауыл шаруашылығы өндірісінің болашағы үшін маңыздылығын бағалаудың бастамасы болып табылады.

**Кілт сөздер:** *Equus caballus*, жабы типті қазақ жылқысы, адай типті қазақ жылқысы, найман типті қазақ жылқысы, мұғалжар тұқымы, көшім тұқымы, қостанай тұқымы, SNP.

*I.S. Beishova<sup>1</sup>, D.A. Gritsenko<sup>2</sup>, M.Kh. Shamekova<sup>2</sup>, A.S. Pozharskiy<sup>2</sup>,  
T.V. Ulyanova<sup>1\*</sup>, A.M. Kovalchuk<sup>1</sup>*

<sup>1</sup> NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, Kazakhstan, [indira\\_bei@mail.ru](mailto:indira_bei@mail.ru), [tatyana.poddudinskaya@gmail.com](mailto:tatyana.poddudinskaya@gmail.com)\*, [kovalchuk\\_s89@mail.ru](mailto:kovalchuk_s89@mail.ru),

<sup>2</sup> RSE on the REM «Institute of Plant Biology and Biotechnology», Almaty, Kazakhstan, [d.kopytina@gmail.com](mailto:d.kopytina@gmail.com), [shamekov@gmail.com](mailto:shamekov@gmail.com), [aspozharsky@gmail.com](mailto:aspozharsky@gmail.com)

## STUDY OF THE GENETIC DIVERSITY OF TRADITIONAL HORSE BREEDS USING WHOLE GENOME SNP ANALYSIS

### Abstract

The article presents the results of the study of genetic diversity of traditional horse breeds based on whole genome analysis of single nucleotide polymorphisms (SNPs) using Equine 80k HTS microarrays (Illumina Inc., USA).

Hair follicle samples from Kazakh horses of the breeds Zhabe (ZHB, n = 631), Adai (ADA, n = 303) and Naiman (NMN, n = 158), Mugalzhar (MUG, n = 584), Kushum (KSH, n = 226) and Kostanay (KOS, n = 116) were used as material for the studies. Quality control of SNP genotyping was performed using PLINK1.9 software, PLINK1.9, R-package, BEAGLE, ADMIXTURE, CLUMPAK, and FigTree software was used for data processing and visualisation. The final set of markers selected by quality control and used for analysis contained 60 987 SNPs.

All horse breeds studied had very close values of expected and observed heterozygosity, with an average of 0,3478 and 0,3443. The degree of observed heterozygosity in the horse breeds studied varied from 0,3402 in the Kazakh breed Adai type and Mugaljar breed to 0,3514 in the Kushum breed. Using Principal Component Analysis (PCA), ADMIXTURE program, expected and observed heterozygosity (He and Ho), and between-group fixation index (Fst), the absence of genetic variability between the studied horse breeds was revealed. Comparison with previously published data on the genetic diversity of horse breeds revealed a relatively high level of individual diversity in traditional horses compared with foreign breeds. At the same time, Mongolian and Tuva breeds were identified as the most closely related horse breeds. This is the first time that we have investigated the genetic diversity of traditional horse breeds using whole genome SNP analysis. These results serve as the beginning of an in-depth study of the gene pool of the breeds and an assessment of their importance for the prospects of agricultural production.

**Key words:** *Equus caballus*, Kazakh breed Zhabe type, Kazakh breed Adai type, Kazakh breed Naiman type, Mugalzhar breed, Kushum breed, Kostanay breed, SNP.