

as 1 class semi-rough wool, and 32% was classified as 2 class semi-rough wool. In terms of condition, 45% of the wool was classified as normal, 35% of the wool was classified as 1 group of weed-and-burdock wool, and 20% of the wool was classified as 2 group of weed-and-burdock wool. The wool of the KPG heifers meets the requirements.

Keywords: breed, wool productivity, wool shearing, wool fineness, fleece, wool quality.

Вклад авторов: Исламов Есенбай Исраилович: Концептуализация; Курирование данных; Приобретение финансирования; Администрирование проекта; Расследование; Методология;

Кулманова Гульжан Абжанановна: Письмо – первоначальный проект; Ресурсы; Программное обеспечение; Надзор;

Жумашева Сауле Токановна: Написание – обзор и редактирование.

FTAXP 34.31.13

DOI <https://doi.org/10.37884/3-2025/03>

Амзеев Р.Е.⁴, Ермекова М.Ш.^{2,3},
Қапасұлы Т.^{1,2}, Амандықова М.Д.¹, Досыбаев К.Ж.^{1,2}, Нуркенов Т.Т.^{3,4},

¹ҚР ЖБҒМ ҒК «Генетика және физиология институты» РМК, Алматы қ., Қазақстан,
makpal_30.01@mail.ru,

²«Қазақ мал шаруашылығы және жеміс-өндірісі ғылыми-зерттеу институты»
ЖШС, Алматы қ., Қазақстан, tilek.kapas@mail.ru, kairat1987_11@mail.ru,

³Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы қ., Қазақстан,
nurii_90@mail.ru,

⁴Абай атындағы Қазақ Ұлттық Университеті, Алматы қ., Қазақстан,
rauanbiolog@mail.com, t.nurkenov@abaiuniversity.edu.kz

ҚАЗАҚСТАНДА ӨСІРІЛЕТІН ГИССАР ҚОЙ ТҰҚЫМЫНЫҢ мтДНҚ d-ІЛМЕГІ (d-loop) АЙМАҒЫНЫҢ ПОЛИМОРФИЗМІН ЗЕРТТЕУ

Аңдатпа

Зерттеу жұмысында Қазақстанда өсірілетін құйрықты қылшық жүнді Гиссар қойларының мтДНҚ d-ілмегі (d-loop) 840 жұп негізді (bp) нуклеотидтен тұратын тізбегінің SNP полиморфизмін пайдаланып, генетикалық әртүрлілікті анықтау мақсатында талдау жұмыстары жүргізілді. Зерттеу жұмыстың барысында Гиссар қойының қаны мен жүн фолликулаларының үлгілері жинақталып, популяциядан 30 қой іріктелді. Қойлардан ДНҚ молекуласы бөліп алынып, сәйкесінше праймерлерді қолдану арқылы ПТР жүргізілді. Алынған амплификат өніміне секвенс талдауы жүргізіліп, нәтижесінде пуринді және пиримидинді нуклеотидтер тізбегінің бірізділігі 33,46 % аденин, 34,19% тимин, 13,42% гуанин мен 18,93% цитозинді құрады. Гиссар қойының мтДНҚ d-ілмегі (d-loop) секвенс талдауын BLAST программасын қолдану арқылы, NCBI базасындағы қолжетімді үй қойлары мен жабайы қой тұқымдарының секвенстік талдауы нәтижелерімен салыстырмалы талдау жасалды. MEGA X бағдарламасы негізінде жүргізілген филогенетикалық талдау нәтижесінде қазақстандық Гиссар қойлары арасында жоғары деңгейдегі генетикалық туыстық (74–80%) анықталды. Гиссар тұқымы Дуамо және Халха қойларымен бір тармақтан таралып, жақын филогенетикалық қатынас көрсетті. Еуропалық және азиялық (кейбір) қой тұқымдары салыстырмалы түрде генетикалық тұрғыда алшақ орналасып, олардың әртүрлі эволюциялық тармақтарға жататыны байқалды.

Кілт сөздер: генетикалық әртүрлілік, D-ілмегі, генотип, ДНҚ маркерлер, филогенетика, секвенирлеу, гаплотоп

Kіріспе

Қой шаруашылығы - мал шаруашылығының негізгі салаларының бірі. Қазақстандағы қой шаруашылығы ежелден қалыптасқан, тарихи дамыған және кең тараған мал шаруашылығының бір саласы. Сондықтан да қазақтардың өмір салты ежелден осы ауылшаруашылық саласының дамуына тығыз байланысты болды. Тарихи жазба деректеріне сәйкес, қойлардың жабайы арғы тектерін қолға үйрету және қазіргі құйрықты қой тұқымдарының пайда болуы Орта Азия мен Оңтүстік Қазақстан аймақтарында пайда болғаны белгілі [1]. Тұқымды сақтау үшін зерттеудің заманауи тәсілдерін қолданып, тұқымішілік генетикалық әртүрлілікті бағалап және қолдап отыру қажет. Гиссар қойының генетикалық әртүрлілігі мен гаплотиптік ерекшеліктері әлемдегі басқа қой тұқымдарынан даралап тұрады. Бұл тұқымды сақтау және асылдандыру аймақтық мал шаруашылығын дамытуда маңызды рөл атқарады [2]. Қазақстанда өсірілетін Гиссар қойының шығу тегі, туралы ғалымдардың көзқарасы әртүлі ақпараттарды көздейді. Ресей ғалымдардың пікірінше, гиссар қойлары Өзбекстанның көшпелі мал шаруашылығы негізінде Тәжікстанға әкелінген. Алайда, кейбір мәліметтер бойынша, Гиссар қойлары Тәжікстандағы Гиссар алқабында дәстүрлі селекциялық іріктеу арқылы шығарылған қолтұқым. Ғалымдардың зерттеуі бойынша Гиссар қойы жергілікті қылшық жүнді қой тұқымдарының ұзақ мерзімді табиғи және қолдан сұрыптау нәтижесінде пайда болған. Қ.Ж. Досыбаев және оның әріптестері ISSR-PCR маркерлерін қолдану арқылы Тараз және Шымкент популяцияларындағы түйелердің генетикалық әртүрлілігіне зерттеу жұмыстарын жүргізген. Талдау негізінде генетикалық қашықтық көрсеткіштері екі популяция арасындағы айырмашылық Шымкент популяциясы: полиморфты локустардың үлесі–77,78%, Тараз популяциясы: полиморфты локустардың үлесі – 33,3% деңгейін көрсеткен [3].

Т. Deniskova өзінің зерттеу жұмысында Гиссар, Айкөл және Қырғыз қылшық жүнді қой тұқымдары Иран мен Қытай қойларына генетикалық жағынан ұқсас екендігін атап өтсе, Тянь-Шань қойлары мен ресейлік жартылай жүнді қой тұқымдарының шығу тегі ортақ. Айкөл тұқымы әртүрлі қой тұқымдармен будандастырылуы арқылы пайда болғанын дәлелденді [4].

Қойлардың генетикалық әртүрлілігіне зерттеулер жүргізу үшін қолжетімді әрі тиімді ДНҚ-маркерлердің бірі STR локустары және мтДНҚ D-ілмегі аймағының кодталмайтын бөліктері басты биоматериал болып табылады [5, 6].

S. Bas өзінің шәкірттерімен бірге Шавак Аққараман қойларында генетикалық полиморфизмнің жоғары деңгейі анықтап, 24 гаплотип және бірнеше вариация аналық желі бойынша генетикалық әртүрлілігі мол екенін көрсетті. Қойларда мтДНҚ гаплотоптарын анықтау үшін мтДНҚ-ны секвенирлеу ең тиімді әдіс ретінде қолданылады. Құйрықты қылшық жүнді қойлар Орталық Азияда таралғандықтан, олардың мтДНҚ гаплотоптары А немесе С гаплотобына жатуы мүмкін. Бұл оларды еуропалық тұқымдардан генетикалық тұрғыда ажыратады [7].

G.Radoslavov және оның әріптестері жүргізген зерттеуде Болгарияның сегіз жергілікті қой тұқымының митохондриялық D-loop аймағының генетикалық әртүрлілігі мен филогенетикалық қатынастарын зерттеген. Талдау нәтижесінде В - гаплогруппалар (95.2%) және А (4.8%), 240- полиморфты сайттар анықталған.

И.Е.Мухаметжарова өзінің зерттеу жұмысында алты қой тұқымы арасындағы генетикалық әртүрлілік үлгілерін анықтау үшін мтДНҚ-ны пайдаланды. Зерттеу нәтижесінде қой тұқымының ішінде ең жоғары әртүрлілік Оңтүстік Қазақстан меринос тұқымында (0,047), ел ең төменгісі Еділбай қойында (0,029) тіркелген [9]. Әртүрлі генотиптегі қой тұқымдарының өзіне тән тұқымдық айрықша зерттелген SNP массивтері мен анықталған полиморфты нұсқаларды NCBI халықаралық базасында депонирленген нұсқалармен салыстыру арқылы генетикалық әртүрлілікті жоғары дәлдікпен анықтауға мүмкіндік береді [10].

Hiendleder өзінің зерттеу жұмысында жабайы және үй қойларының мтДНҚ d-loop аймағының полиморфизмін зерттеген. Нәтижесінде үй қойларының шығу тегі, екі түрлі жабайы арғы тектен шыққанын дәлелдейді [11]. Қазіргі таңда көптеген қойлардың (соның

ішінде Ақжайық, қазақтың биязы жүнді, Еділбай, Сарыарқа және қазақтың жартылай қылшық жүнді қой тұқымдары) Illumina Ovine SNP50 панелі көмегімен генотиптелді, олардың популяция құрылымы мен әлемдік қой түрлерінің әртүрлілігімен байланысы зерттелді [12]. Beadchip SNP технологиясы жануарларының геномын зерттеуде қой, ірі қара, ешкі және жылқылардың геномдарын талдауда тиімді құрал ретінде пайдаланылып келеді. Микросателлиттік зерттеудің жоғары дәлдігі зерттеуге нысана ретінде алынған жануарлардың шығу тегін бақылауда, линиялар арасындағы генетикалық алшақтықты, және де филогенетикалық талдаулар мен эволюциялық байланыстарды анықтау үшін де қолдануда кеңінен қолданылады [13]. Көптеген ДНҚ-микросателлиттік локустары соншалықты полиморфты болғандықтан кез келген ауылшаруашылық малдарының барлық түрлері мен тұқымдарының геномын зерттеуде кеңінен қолданысқа ие болды. Мысалы, М.Ю.Озеров өзінің зерттеу жұмысында нысана ретінде 16 микросателлиттік локустардың көмегімен 10 қой тұқымын (қаракөл, еділбай, ромни-марш, романов, таулы карпат, грозныйлық, опаринск, соколь, ставрополь, цигай) зерттеген [14].

Зерттеу әдістері

Зерттеудің биологиялық материалы ретінде Қазақстандағы өсірілетін гиссар қой тұқымынан қан үлгілері жиналды. Нысана ретінде алынған Гиссар қойлары «Дарбаза» шаруа қожалығынан (30 дара қой) іріктелді. Қойлардан қан үлгілерін жинау барысында білікті ветеринар мамандарының көмегімен жүзеге асырылды. Қан үлгілері арнайы стерильді инелер арқылы құрамында ЭДТА реагенті болатын вакуумды құтыларға жиналды.

Қойлардың перифериялық қан үлгілерінен ДНҚ молекуласын бөліп алуға *QIA amp DNA blood MINI KIT (250)* жиынтығы қолданылды. Бөліп алынған ДНҚ молекуласының концентрациясы *NanoDrop One (Thermo Fisher Scientific, АҚШ)* спектрофотометрінде тексерілді. ПТР синтезін жүргізу кезінде пайдаланылған праймерлер *MacroGen* (Сеул, Оңтүстік Корея) компаниясында синтезделген. ДНҚ *d-ілмегі* аймағына амплификация жүргізу үшін *Mastercycler (Eppendorf, Германия)* құрылғысы қолданылды. Полимеразды тізбекті реакцияның шарты: денатурация 5 мин 95°C; 95°C денатурация – 45 сек, байланысу 55°C – 30 сек, синтез 72°C – 1 мин (35 цикл); соңғы синтез кезеңі 75°C, 2 мин құрады. ПТР өніміне секвенстік талдау жүргізіліп, MEGA X бағдарламасы негізінде филогенетикалық ағаштың сызбасы құрастырылды.

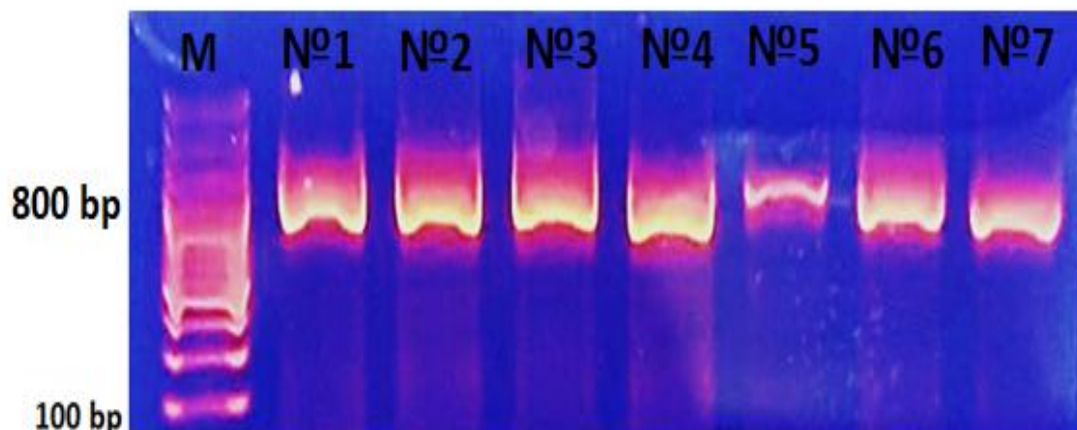
Зерттеу нәтижелері

мтДНҚ d-ілмегі аймағына сәйкесінше праймерлерді қолдану арқылы ПТР-талдауын жүргізілді (сурет-1.) ПТР нәтижесінде синтезделіп алынған амплификан өнімін 2%-дық агарозды геледе электрофорездік талдау жасалды.

Кесте 2- Зерттеу тобындағы Гиссар қойлардан бөлініп алынған ДНҚ молекуласының концентрациясы

№	нг/мкл	A260/280	A260/230
1	15.6	2.08	0.23
2	7.8	1.65	0.56
3	16.6	1.62	0.83
4	14.5	2.52	0.55
5	11.5	1.73	0.86

ПТР нәтижесінде алынған амплификат үлгілердің сандық және сапалық қатынасын тексеру үшін, горизонтальді электрофорез әдісі мен спектрофотометр қолданылды.



Сурет 1. Гиссар қой тұқымының мтДНҚ D – ілмегі аймағына жүргізілген ПТР. (1–7 зерттеу жүргізілген үлгілер): М- молекулалық массасы белгілі маркер

Суретте 2% агарозды геледе қойлардың мтДНҚ d-ілмегі (d-loop) аймағына жүргізілген ПТР нәтижесінде синтезделген амплификан өнімі көрсетілген. Сәйкесінше F5 CACTGAAGCATGTAGGGTATTAG-3, R5-GCTTGATACCTGCTCCTTTTA-3, праймерлерді қолдану арқылы ПТР синтезі жүргізілген амплификат өнімінің жалпы молекулалық массасы 840 (bp) құрады. Амплификат өніміндегі нуклеотидтердің бірізділігін анықтауға үшін секвенстік талдау жүргізілді. Алынған нуклеотидтер тізбегінің бірізділігі 33,46 % аденин, 34,19% тимин, 13,42% гуанин мен 18,93% цитозинді құрады.

Салыстырмалы талдауға NCBI базасындағы GenBank-тан қойдың ата-тегі ретінде *ovis vignei bochariensis* (AF039580.1), *ovis ammon collium* (AY091492.1), *ovis ammon darwini* (AF242348.1), *ovis ammon nigrimontana* (AY091493.1) және үй қойларының секвенстік талдау нәтижелері алынды (сурет 2).

DNA Sequences	Translated Protein Sequences
Species/Abbrev	
1. LC486466.1	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
2. KF677034.1	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
3. MW428051.1	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
4. DQ491596.1	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
5. JN574086.1	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
6. PQ723851.1	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
7. AY091498.1	T A C A T T C A C T T C A C T G A A G C A T A T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
8. MK174516.1	T A C A T T C A C T T C A C T G A A G C A T A T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
9. KP228033.1	T A C A T T C A C T T C A C T G A A G C A T G T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
10. AY829400.1	T A C A T T C A C T T C A C T G A A G C A T A T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
11. OR137274.1	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
12. AY829381.1	T A C A T T C G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
13. AY091492.1	T A C A T T A C C T T C A C T G A A G C A T A C A G G A C A T T A A A C T G C T T G C T C G T A C A T A G T A C A
14. AY091493.1	T A C A T T A G C C C C A T T G A A G C A C A C A G G A C A T T A A A C T G C T T G T T C G T A C A T A G T A C A
15. AF242348.1	T A C A T T A A C T T C A C T G A A G C A C A C A G G A C A T T A A A T T G C T T G T T C G T A C A T A G T A C A
16. AF039580.1	T A C A T T A T T C C A C T G A A G C A C A T A G G A C A T T A A G T G C T T G T T C G T A C A T A G T A C A
17. s1	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G G T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
18. s2	T A C A T T C A C T T C A C T G A A G C A T G T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
19. s3f	T A C A T T C A C T T C A C T G A A G C A T G T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
20. s4f	T A C A T T C A C T T C A C T G A A G C A T G T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
21. s5f	T A C A T T C A C T T C A C T G A A G C A T G T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C R T A C A T A R T A C A
22. s6f	T A C A T T C A T T T C A C T G A A G C A T A T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
23. s7f	T A C A T T C A T T T C A C T G A A G C A T A T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
24. s8f	T A C A T T C A T T T C A C T G A A G C A T A T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
25. s9f	T A C A T T C A T T T C A C T G A A G C A T A T A G G G C A T T G A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A
26. s10f	T A C A T T T G T T T C A C T G A A G C A T G T A G G A T A T T A A A C T G C T T G A C C G T A C A T A G T A C A

Сурет 2. MEGA X программасын қолдана отырып, D-loop аймағының нуклеотидтер бірізділігін ClustalW әдісімен Alignment жасалған үлгі

1.Имерети (Грузия, Имерети аймағы), 2. Қараяқа (Түркия,Қаратеңіз). 3. Цикита (Венгрия). 4. Пиреней (Португалия). 5.Туркана (Румыния, Карпат таулары). 6. Дабене (Болгария). 7. Гиссар (Тәжікстан). 8. Тибет қойы (Тибет авт. ауд). 9. Дуамо (ҚХР, Тибет авт, ауд). 10. Халха (Монголия). 11. Каркачан (Болгария, Балқан түбегі). 12. Дорсет (Англия). 13. *Ovis ammon collium*. 14. *Ovis ammon nigrimontana*. 15. *ovis ammon darwini*. 16. *Ovis vignei bochariensis*. 17.26 аралығы – гиссар (Қазақстан)

Филогенетикалық зерттеу бойынша үй қойлары мен жабайы қойлар нақты төрт тармаққа (кладағы) бөлінді (сурет 3). Бірінші тармаққа Еуропаның әр түрлі бөліктерінен шыққан үй қойлары (имерети, дорсет, дабене, пиреней, цикта, туркана, қараяқа және каракачан) 68–87% сәйкестікпен бір кластерге біріктірілді. Бұл қой тұқымдары еуропалық қойлардың ортақ тегі бар екендігін көрсетеді. Келесі тармақта жабайы түрлер және муфлондар кластері *Ovis ammon collium*, *ovis ammon nigrimontana clone*, *Ovis ammon darwini* және *Ovis vignei bochariensis* топтастырылды. Бұл клада жабайы қойлар мен муфлондардың генетикалық жақындығын көрсетеді. Олардың арасында генетикалық ұқсастық **85-86%-ды құрады**. Бұл олардың бір эволюциялық тармақтан таралғанын көрсетіп, барлық үй қойларынан генетикалық жағынан айтарлықтай ерекшеленді. Үшінші тармаққа Азияның әр түрлі бөліктерінен шыққан үй қойлары (дуамо, халха, гиссар және тибет қойлары) **80% -ға дейінгі ұқсастықпен бір тармақта біріктірілді**. Бұл қой тұқымдарының Азия аймағында бір эволюциялық бағытта дамығанын көрсетеді. Төртінші тармаққа гиссар (Қазақстан) қойлары топтастырылды. Бұл топтың ішкі бірлігі жоғары, бір кластерде орналасқан. Филогенетикалық эволюциялық ағашты құру кезінде **бутстрэп мәндерінің дәйектілігі дұрыс шығу мақсатында** гиссар қойларынан 10 үлгісі іріктелді. Зерттеуге алынған Гиссар қойларының—барлық үлгілері 74–80% сәйкестікпен бір-біріне генетикалық туыстығы жағынан өте жақын екендігі байқалды. Талдауға алынған қой тұқымдарының ішінде Дуамо және Халха қой тұқымы салыстырмалы түрде Гиссар тұқымына жақын екені анықталды. Гиссар қойы мен Дуамо қойы **бір ортақ түйіннен (node)** тармақталып, өзара **ең жақын туыстық байланысқа** ие екені анықталды. Бұл олардың **ортақ арғы тектен** тарағанын және генетикалық дивергенция деңгейінің төмен екенін көрсетеді. Жүргізілген жұптық генетикалық қашықтықтарды салыстыру нәтижесінде **Гиссар – Дуамо: 0.0051, Гиссар – Халха: 0.0078, Дуамо – Халха: 0.0065. құрады**. Бұл мәндер Гиссар қойының Дуамо қойына **айтарлықтай жақын генетикалық туыстығын** дәлелдейді. **Құрылған филогенетикалық ағаштағы** зерттеуге алынған қой тұқымдарының нуклеотидтер тізбегіндегі әрбір SNP бойынша айырмашылықтар есептеліп, **популяциялар арасындағы генетикалық қашықтық pairwise distances** әдісінің көмегімен анықталады (кесте-3).



Сурет 3. MEGA X программасында *Maximum likelihood estimation* әдісімен құрастырылған филогенетикалық ағаш сызбасы. (**Log likelihood** = - 3 984,23 *филогенетикалық ағаштың статистикалық моделі*)

Кесте 3- MEGA X программасында Pairwise distances әдісімен қой тұқымдарының жұптық генетикалық айырмашылықтың сандық өлшемі

Қой тұқымдары	Имерети	Қарақалпақ	Цикита	Пиреней	Туркмена	Дабене	Гиссар Тәжікстан	Тибет	Дуамо	Халха қойы	Қарақалпақ	Дорсет	ovis ammon nigritum	ovis ammon darwini	ovis vignei bochariensis	Гиссар
Имерети қойы	0															
Қарақалпақ қойы	0,00516															
Цикита қойы	0,00430	0,00596														
Пиреней қойы	0,00171	0,00510	0,00425													
Туркменақойы	0,00516	0,00853	0,00425	0,00510												
Дабене қойы	0,00517	0,00853	0,00767	0,00510	0,00853											
Гиссар Тәжікстан	0,03437	0,03396	0,03484	0,03395	0,03574	0,03757										
Тибет қойы	0,03347	0,03307	0,03395	0,03306	0,03484	0,03667	0,00084									
Дуамо қойы	0,03285	0,03496	0,03390	0,03179	0,03495	0,03601	0,00400	0,00400								
Халха қойы	0,03710	0,03666	0,03754	0,03664	0,03844	0,04028	0,00254	0,00339	0,00703							
Қарақалпақ қойы	0,00516	0,00681	0,00767	0,00510	0,00853	0,00853	0,03038	0,02950	0,03284	0,03307						
Дорсет қойы	0,00257	0,00596	0,00339	0,00254	0,00595	0,00596	0,03306	0,03217	0,03179	0,03575	0,00595					
ovis ammon collum	0,05662	0,05687	0,05777	0,05684	0,06057	0,06063	0,05599	0,05691	0,05555	0,05879	0,05685	0,05684				
ovis ammon nigritum	0,05753	0,05777	0,05867	0,05774	0,06147	0,06153	0,05597	0,05689	0,05662	0,05877	0,05590	0,05774	0,03013			
ovis ammon darwini	0,06242	0,06353	0,06445	0,06351	0,06728	0,06734	0,05421	0,05328	0,05345	0,05701	0,05977	0,06351	0,05414	0,05505		
ovis vignei bochariensis	0,05303	0,05517	0,05422	0,05330	0,05701	0,05706	0,06266	0,06172	0,06232	0,06550	0,05514	0,05330	0,05143	0,05418	0,03675	
Гиссар-1 Қазақстан	0,16515	0,16658	0,16512	0,16512	0,16788	0,16636	0,20058	0,20058	0,10264	0,20205	0,16515	0,16376	0,19933	0,27105	0,21494	0,20805

3-ші кестеде қой тұқымдарының мтДНҚ D-ілмегі аймағы бойынша жұптық генетикалық айырмашылығының сандық өлшемдері көрсетілген. Еуропалық қой тұқымдары арасындағы генетикалық қашықтық (0.001–0.005) 0.1%-0.5%, бұл олардың бір-біріне жоғары деңгейде ұқсас екенін көрсетеді. Азиялық қой тұқымдары арасындағы генетикалық қашықтық (0.0008–0.004) 0.08%-0.4%, дуамо қойы мен гиссар-1 (Қазақстан) қойының арасындағы генетикалық қашықтық 0.000847 (0.0847%) құрайды, бұл олардың генетикалық тұрғыдан өте жақын екенін көрсетеді. Сондай-ақ, Гиссар қойының басқа қой тұқымдарынан (Еуропалық, Азиялық және де жабайы қой тұқымдарынан) генетикалық алшақтығы айтарлықтай байқалды. Бұл ерекшелік гиссар қойының оқшауланған селекция, аймақтық бейімделу және эволюциялық тарихтың әсерінен жеке генетикалық топ ретінде қалыптасқанын білдіреді.

Қорытынды

Қорыта келе, мтДНҚ-ның d-ілмегі аймағы қойлар популяциясының генетикалық әртүрлілігін анықтауға, олардың шығу тегіне фиолгенетикалық талдау жасауға мүмкіндік береді. Секвенирлеу барысында 840 ж.н тұратын D-ілмегі аймағы алынды. Алынған нуклеотидтер тізбегінің бірізділігі 33,46 % аденин, 34,19% тимин, 13,42% гуанин мен 18,93% цитозинді құрады. Алынған секвенс талдауын, NCBI базасындағы қолжетімді қой тұқымдарының секвенс нәтижелерімен салыстырмалы талдау жүргізгенде тандемді қайталанымдар арасында бір нуклеотидті бірнеше SNP полиморфизмдері анықталды. Зерттеуімізде D-loop аймағы негізінде жасалған филогенетикалық ағаштан қой тұқымдарының генетикалық алуан түрлілігін, географиялық шығу тегін және эволюциялық туыстығын анық көруге болады. MEGA X программасында *Maximum likeleihoood estimation* әдісімен құрастырылған филогенетикалық ағаш сызбасында зерттеуге алынған қойлар нақты төрт тармаққа бөлінді. Бірінші тармаққа Еуропалық қой тұқымдары 68–87% сәйкестікпен өз алдына жеке кластерге біріктірілді. Бұл олардың жергілікті селекция мен эволюциялық оқшаулану нәтижесінде дамыған, ортақ ата-тегі бар екенін көрсетеді. Екінші тармақта жабайы түрлер *Ovis ammon collium*, *Ovis ammon nigrimontana clone*, *Ovis ammon darwini* және *Ovis vignei boharensis* топтастырылды. Олардың арасында генетикалық ұқсастық **85-86%-ды құрады**. Бұл кластер жабайы қойлар мен муфлондардың генетикалық жақындығын көрсетеді.

Үшінші тармаққа Азияның әр түрлі бөліктерінен шыққан үй қойлары бір тармақта біріктірілсе, Қазақстандық Гиссар қойларына жүргізілген генетикалық талдау нәтижесінде олардың барлық үлгілері арасында 74–80% деңгейінде генетикалық ұқсастық байқалып, бір-біріне жақын туыстық байланыс анықталды. Зерттеуге алынған тұқымдардың ішінде Дуамо және Халха қойлары Гиссар тұқымына генетикалық тұрғыдан барынша жақын тұқымдар ретінде айқындалды. Филогенетикалық талдау нәтижесінде Гиссар және Дуамо қой тұқымдары бір ортақ тармақтан (түйіннен) шыққанын және өзара ең жақын туыстық қатынасқа ие екенін көрсетті. Гиссар қойлары еуропалық қой тұқымдарынан генетикалық (генетикалық алшақтық) тұрғыда анық ажыратылады.

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

Әдебиеттер тізімі

1. Pozharskiy A. et al. SNP genotyping and population analysis of five indigenous Kazakh sheep breeds // *Livestock Science*. – 2020. – Т. 241. – С. 104252. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104252>
2. Канапин К.К. Едилбаевская овца. – Алматы: Бастау, 2009. – С. 25–30.
3. Шәлтенбай Г.Н., Амандыкова М.Д., Қапасұлы Т., Бекманов Б.О., Досыбаев К.Ж., Уалиева Д.А. Тараз және Шымкент популяциясына жататын түйелердің генетикалық әртүрлігін ISSR-PCR маркерлері негізінде салыстырмалы талдау // *Ізденістер, нәтижелер*. – 2023. – № 4 (100). – Б. 35–44. – ISSN 2304-3334. – DOI: <https://doi.org/10.37884/4-2023/05>

4. Deniskova T. et al. Population structure and genetic diversity of sheep breeds in the Kyrgyzstan // *Frontiers in Genetics*. – 2019. – Т. 10. – Article 1311. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.01311>
5. Ibrahim A. et al. The genetic profiles and maternal origin of local sheep breeds on Java island (Indonesia) based on complete mitochondrial DNA D-loop sequences // *Veterinary World*. – 2020. – Т. 13, № 12. – С. 2625–2634. – DOI: <https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.2625-2634>
6. Radoslavov G. et al. Genetic diversity of native Bulgarian sheep breeds based on the mitochondrial D-loop sequence analysis // *Small Ruminant Research*. – 2025. – Т. 249. – С. 107527. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2025.107527>
7. Yağcı S., Baş S., Kiraz S. Study of mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region polymorphism in Şavak Akkaraman sheep // *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*. – 2020. – Т. 44, № 2. – С. 323–330. – DOI: <https://doi.org/10.3906/vet-1905-57>
8. Осипов Ю.С. (ред.). Большая российская энциклопедия. – М.: Большая российская энциклопедия, 2007. – Т. 8. – С. 185–186.
9. Мухаметжарова И.Е. Материалы международной научно-практической конференции «Сейфуллинские чтения – 18(2): Наука XXI века – эпоха трансформации». – 2022. – Т. I, Ч. II. – С. 156–158.
10. Zhumadillayev N. et al. SNP genotyping characterizes the genome composition of the new Baisary fat-tailed sheep breed // *Animals*. – 2022. – Т. 12, № 11. – С. 1468. – DOI: <https://doi.org/10.3390/ani12111468>
11. Hiendleder S., Kaupe B., Wassmuth R., Janke A. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies // *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. – 2002. – Vol. 269, No. 1492. – P. 893–904. – DOI: <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.1975>
12. Machová K., Málková A., Vostrý L. Sheep post-domestication expansion in the context of mitochondrial and Y chromosome haplogroups and haplotypes // *Genes*. – 2022. – Т. 13, № 4. – С. 613. – DOI: <https://doi.org/10.3390/genes13040613>
13. Wang X., Chen H., Lei C.Z. Genetic diversity and phylogenetic analysis of the mtDNA D-loop region in Tibetan sheep // *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. – 2007. – Т. 20, № 3. – С. 313–315. – DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.2007.313>
14. Озеров М.Ю. Характеристика аллелофонда у различных пород овец по микросателлитам: автореф. дис. ... канд. биол. наук: 03.00.15. – М.: ВИЖ, 2004. – 24 с.

References

1. Pozharskiy A. et al. SNP genotyping and population analysis of five indigenous Kazakh sheep breeds. *Livestock Science*. 2020;241:104252. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104252>
2. Kanapin K.K. Edilbaevskaya ovtsa. Almaty: Bastau; 2009. p. 25–30. [in Russian]
3. Shaltenbay G.N., Amandykova M.D., Kapassuly T., Bekmanov B.O., Dossybayev K.Zh., Ualiyeva D.A. Taraz zhane Shymkent populyatsiyasynda zhatatyn tuielerdin genetikalik arturligin ISSR-PCR markerleri negizinde salystyrmaly taldaу. *Izdenister, natizheler*. 2023;4(100):35–44. ISSN 2304-3334. <https://doi.org/10.37884/4-2023/05> [in Kazakh]
4. Deniskova T. et al. Population structure and genetic diversity of sheep breeds in the Kyrgyzstan. *Frontiers in Genetics*. 2019;10:1311. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.01311>
5. Ibrahim A. et al. The genetic profiles and maternal origin of local sheep breeds on Java island (Indonesia) based on complete mitochondrial DNA D-loop sequences. *Veterinary World*. 2020;13(12):2625–2634. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.2625-2634>
6. Radoslavov G. et al. Genetic diversity of native Bulgarian sheep breeds based on the mitochondrial D-loop sequence analysis. *Small Ruminant Research*. 2025;249:107527. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2025.107527>
7. Yagci S., Bas S., Kiraz S. Study of mitochondrial DNA (mtDNA) D-loop region polymorphism in Şavak Akkaraman sheep. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences*. 2020;44(2):323–330. <https://doi.org/10.3906/vet-1905-57>

8. Osipov Yu.S. (ed.). Bol'shaya rossiskaya entsiklopediya. Moscow: Bol'shaya rossiskaya entsiklopediya; 2007. Vol. 8. p. 185–186. [in Russian]
9. Mukhametzharova I.E. Materialy mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii «Seifullinskie chteniya – 18(2): Nauka XXI veka – epokha transformatsii». 2022;I(II):156–158. [in Russian]
10. Zhumadillayev N. et al. SNP genotyping characterizes the genome composition of the new Baisary fat-tailed sheep breed. *Animals*. 2022;12(11):1468. <https://doi.org/10.3390/ani12111468>
11. Hiendleder S., Kaupe B., Wassmuth R., Janke A. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2002;269(1492):893–904. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.1975>
12. Machová K., Málková A., Vostrý L. Sheep post-domestication expansion in the context of mitochondrial and Y chromosome haplogroups and haplotypes. *Genes*. 2022;13(4):613. <https://doi.org/10.3390/genes13040613>
13. Wang X., Chen H., Lei C.Z. Genetic diversity and phylogenetic analysis of the mtDNA D-loop region in Tibetan sheep. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2007;20(3):313–315. <https://doi.org/10.5713/ajas.2007.313>
14. Ozerov M.Yu. Kharakteristika allelofonda u razlichnykh porod ovets po mikrosatellitam: avtoref. dis. kand. biol. nauk: 03.00.15. Moscow: VIZh; 2004. 24 p. [in Russian]

Амзеев Р.Е⁴, Ермакова М.Ш^{2,3},

Қапасұлы Т^{1,2}, Амандықова М.Д¹, Досыбаев К.Ж^{1,2}, Нуркенов Т.Т^{3,4},

¹Институт генетики и физиологии КН МОН РК, г. Алматы, Казахстан,
takpal_30.01@mail.ru, kairat1987_11@mail.ru,

²ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и
кормопроизводства», г. Алматы, Казахстан, tilek.kapas@mail.ru, kairat1987_11@mail.ru,
nurii_90@mail.ru,

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

⁴Казахский национальный педагогический университет имени Абая, г. Алматы,
Казахстан, rauanbiolog@mail.com, t.nurkenov@abaiuniversity.edu.kz

ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ОБЛАСТИ D-ПЕТЛИ (D-LOOP) МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК У ГИССАРСКОЙ ПОРОДЫ ОВЕЦ, РАЗВОДИМОЙ В КАЗАХСТАНЕ

Аннотация

В рамках исследования была проведена работа по выявлению генетического разнообразия у курдючных грубошёрстных гиссарских овец, разводимых в Казахстане, с использованием SNP-полиморфизма в D-петле (d-loop) мтДНК, представляющей собой последовательность длиной 840 пар оснований (bp). В ходе исследования были собраны образцы крови и волосяных фолликулов гиссарских овец, отобрано 30 животных из популяции. Из образцов была выделена молекула ДНК и проведена ПЦР с использованием соответствующих праймеров. Амплифицированный продукт подвергли секвенированию. В результате анализа последовательности нуклеотидов было установлено, что она состоит на 33,46% из аденина, на 34,19% тимина, на 13,42% гуанина и на 18,93% цитозина. Секвенс-анализ гиссарских овец был сопоставлен с результатами секвенирования домашних и диких пород овец, доступных в базе данных NCBI, с использованием программы BLAST. Филогенетический анализ, проведённый на основе программы MEGA X, показал высокий уровень генетического родства (74–80%) среди казахстанских гиссарских овец. Порода Гиссар произошла от одной ветви с овцами Дуамо и Халха, продемонстрировав близкие филогенетические связи. Европейские и некоторые азиатские породы овец, напротив, оказались генетически удалёнными, что указывает на их принадлежность к различным эволюционным линиям.

Ключевые слова: генетическое разнообразие, D-петля, генотип, ДНК маркеры, филогнетика, секвенирование, гаплогруппа

**Amzeyev R.E⁴, Yermekova M.Sh^{2 3}, Kapasuly T^{1 2}, Amandykova M.D¹,
Dossybayev K.Zh^{1 2}, Nurkenov T.T^{3 4}**

¹*Institute of Genetics and Physiology, Committee of Science, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Kazakhstan, makpal_30.01@mail.ru, kairat1987_11@mail.ru,*

²*Kazakh Research Institute of Animal Husbandry and Forage Production LLP, Almaty, Kazakhstan, tilek.kapas@mail.ru, kairat1987_11@mail.ru, nurii_90@mail.ru,*

³*Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan, nurii_90@mail.ru,*

⁴*Abai Kazakh National Pedagogical University, Almaty, Kazakhstan, rauanbiolog@mail.com, t.nurkenov@abaiuniversity.edu.kz*

STUDY OF POLYMORPHISM IN THE mt DNA D-LOOP REGION OF THE GISSAR SHEEP BREED RAISED IN KAZAKHSTAN

Abstract

In the course of the study, an analysis was conducted to determine the genetic diversity of the fat-tailed coarse-wool Gissar sheep bred in Kazakhstan using SNP polymorphism in the mitochondrial DNA d-loop region, which consists of an 840 base pair (bp) sequence. Blood and wool follicle samples were collected from Gissar sheep, and 30 animals were selected from the population. DNA molecules were extracted from the samples, and PCR was performed using appropriate primers. The amplified product was then subjected to sequencing. As a result, the nucleotide sequence was found to consist of 33.46% adenine, 34.19% thymine, 13.42% guanine, and 18.93% cytosine. The sequence analysis of the Gissar sheep was aligned with sequence data of domestic and wild sheep breeds available in the NCBI database using the BLAST program. A phylogenetic analysis conducted using the MEGA X program revealed a high level of genetic relatedness (74–80%) among Kazakh Hisar sheep. The Hisar breed originated from the same branch as the Duamo and Khaikha sheep, showing a close phylogenetic relationship. In contrast, European and some Asian sheep breeds were found to be genetically distant, indicating that they belong to different evolutionary lineages.

Key words: genetic diversity, d-loop, genotype, DNA markers, phylogenetics, sequencing, haplotype

Вклад авторов

АР: осуществил концептуализацию и дизайн исследования, провёл экспериментальные работы, выполнил поиск и критический анализ литературных источников. КТ и ЕМ: принимали участие в разработке и проведении методической части исследования, обеспечивали подготовку и оформление рукописи в соответствии с требованиями издания и участвовали в выполнении экспериментальной части исследования и сборе данных. АМ и ДК: провели статистическую обработку полученных результатов и осуществили биоинформационный анализ данных. Н.Т: выполнил комплексный поиск и систематизацию литературных источников. Все авторы внесли существенный вклад в исследование, обсудили результаты, согласовали выводы и утвердили окончательную версию рукописи.