

ӨОЖ:636.2.082.25:636.2.033:575.174.015
ҒТАХР: 34.23.59

Бейшова И. С., ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, биология ғылымдарының докторы, қауымдастырылған профессор, негізгі автор, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>, «Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық – техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, indira_bei@mail.ru
Наметов А. М., ветеринария ғылымдарының докторы, профессор, <https://orcid.org/0000-0002-8113-1912>
«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық – техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, anametov@mail.ru
Шамшидин А. С., ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, <https://orcid.org/0000-0001-5457-1720>,
«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық – техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, 270180@mail.ru
Белая Е. В., биология ғылымдарының кандидаты, доцент, <https://orcid.org/0000-0003-1786-0341>, БМ «Максим Танк атындағы Беларусь мемлекеттік педагогикалық университеті», Минск қ., Советская к-сі, 18, 220030, Беларусь, kolyuchka005@rambler.ru
Ульянова Т. В., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>
«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық – техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, tatyana.poddudinskaya@gmail.com
Ковальчук А. М., биология ғылымдарының кандидаты, <https://orcid.org/0000-0002-4106-4954>, КеАҚ «Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық – техникалық университеті», Орал қаласы, Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, kovalchuk_s89@mail.ru
Сидарова А. Ж., жаратылыстану ғылымдарының магистрі, <https://orcid.org/0000-0001-8917-3570>
«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық – техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, sidarova.a@mail.ru

Beishova I. S., candidate of Agricultural Sciences, Doctor of Biological Sciences, Associate Professor, the main author, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>
NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, indira_bei@mail.ru
Nametov A.M., Doctor of veterinary Sciences, Professor, <https://orcid.org/0000-0002-8113-1912>, NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, anametov@mail.ru
Shamshidin A. S., candidate of Agricultural Sciences, <https://orcid.org/0000-0001-5457-1720>, NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, 270180@mail.ru
Belaya A. V., candidate of biological sciences, docent, <https://orcid.org/0000-0003-1786-0341>, «Belarusian State Pedagogical University Named after Maxim Tank», Minsk, Sovetskaya street 18, 220030, Belarus, kolyuchka005@rambler.ru
Ulyanova T. V., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>, NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, tatyana.poddudinskaya@gmail.com
Kovalchuk A. M., candidate of biological sciences, <https://orcid.org/0000-0002-4106-4954>, NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, kovalchuk_s89@mail.ru
Sidarova A. Zh., master of natural sciences, <https://orcid.org/0000-0001-8917-3570>, NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, sidarova.a@mail.ru

**ҚАЗАҚТЫҢ АҚБАС ЖӘНЕ ӘУЛІЕКӨЛ ТҰҚЫМДАРЫНЫҢ ГЕНОМЫНДА ӨСУ
КӨРСЕТКІШТЕРІМЕН БАЙЛАНЫСТЫ SNP-ДІҢ ОҚШАУЛАНУЫ
LOCALISATION OF SNP IN THE GENOME ASSOCIATED WITH GROWTH
INDICATORS IN KAZAKH WHITE-HEADED AND AULIEKOL BREEDS**

Аннотация

Ауылшаруашылық ғылымы дамуының қазіргі кезеңінде геномдық селекция жануарлардың асыл тұқымдық қасиеттерін бағалаудың тиімді және өзекті, сонымен қатар жаңашыл және сенімді әдісі болып табылады. Геномдық бағалауда ДНҚ чиптерін қолданудағы

айқын жетістіктеріне қарамастан, әртүрлі тұқым өкілдерінде бірдей SNP фенотиптік әсерлердің механизмдерін толық түсінуде күрделі мәселелер бар. Сондықтан әртүрлі тұқымдардағы SNP-дің фенотиптік әсерін анықтауға және сипаттауға бағытталған зерттеулер қызығушылық тудырады. Жұмыста қазақтың ақбас және әуликөл тұқымдарында бірдей фенотиптік әсерлері бар QTL-ассоциацияланған SNP-ларды толық геномдық зерттеу нәтижелері берілген. Қазақтың ақбас және әуликөл тұқымдарына тән фенотиптік әсерлері бар QTL-ассоциацияланған SNP іздеуге арналған «тиімді нүктелерді» мына аумақтар деп санауға болатыны анықталды: 3:27226923-80583890, 5:10025373-46,6369:49. 24247306-60786013, 14:419090-70261140 және 24:55640220-85901225. Екі тұқымға ортақ QTL-ассоциацияланған SNP бар кандидат гендер негізінен тіндердің барлық түрлерінде таралатын және жалпы дененің метаболизмі мен физиологиялық процестеріне қатысатын жасушаішілік ақуыздарды кодтайды. Қазақтың ақбас және әуликөл тұқымдары үшін бір мезгілде QTL-ассоциацияланған 479 полиморфизм анықталды (тірі туу массасы бойынша 161, 224, 10 және 84, төлді бөлу кезінде, 12 айлық және орташа тәуліктік өсім, тиісінше).

ANNOTATION

At the current stage of agricultural science, genomic selection is the most relevant, cost effective, meaningful, innovative and reliable way of assessing animal breeding performance. Despite the obvious success of using DNA chips in genomic evaluation, there are serious problems in fully understanding the mechanisms of reproducing the phenotypic effects of the same SNPs in representatives of different breeds. Therefore, studies aimed at identifying and describing the phenotypic effects of SNPs in different breeds are of considerable interest. This paper presents the results of a genome-wide association study for QTL-associated SNPs with the same phenotypic effects in Kazakh white-headed and Auliekol cattle. It was shown that "hot spots" for the search of QTL-associated SNPs with phenotypic effects common to the Kazakh white-headed and Auliekol breeds can be considered as areas: 3:27226923-80583890, 5:10025373-46633949, 6:24247306-60786013, 14:419090-70261140 and 24:55640220-85901225. Candidate genes containing QTL-associated SNPs common to both breeds mainly encode intracellular proteins that are translated in all types of tissues and are involved in general metabolic and physiological processes in the body. 479 polymorphisms were found to be QTL-associated at $p = 0.01$ for the Kazakh white-headed and Auliekol breeds simultaneously (161, 224, 10 and 84 for live weight at birth, weaning weight, at 12 months and average daily gain, respectively).

Кілт сөздер: ірі қара мал, әуликөл тұқымы, қазақтың ақбас тұқымы, фенотип, толық геномдық ассоциациялық іздеу.

Key words: cattle, Auliekol breed, Kazakh white-headed breed, phenotype, genome-wide association study.

Кіріспе. Соңғы онжылдықтарда молекулалық генетиканың жетістіктерінің арқасында SNP чиптері жасалды, бұл SNP маркерлерінің көп саны бойынша жануарларды бір уақытта генотиптеуге мүмкіндік береді. Бұл SNP чиптері ірі қара мал шаруашылығында, ең алдымен сүт бағытында кеңінен қолданылды және технологияның өзі геномдық бағалау деп аталды. Бүгінгі таңда геномдық бағалау әлемнің көптеген елдерінде сәтті енгізілді. Көптеген елдер бұқаларды геномдық бағалау дерекқорлары INTERBULL халықаралық ұйымы аясында біріктірілген, бұл бұқалардың асыл тұқымды құндылығын анықтауда жоғары дәлдікке қол жеткізуге мүмкіндік береді [1].

Ірі қара малдың алғашқы ауқымды генотипі қол жетімді және дәл генотиптеу технологиясын қамтамасыз ететін SNP 50K чипін енгізгеннен кейін мүмкін болды. Геномдық іріктеу әдістемесі бойынша көптеген кейінгі жұмыстар SNP әсеріне және геномдық қатынастар матрицасын құруға бағытталған [2, 3]. Бұл тұжырымдама геномға негізделген болжамдар арасында салыстыруға мүмкіндік берді.

Дегенмен, геномдық бағалауда чиптердің ДНҚ-сын қолданудағы айқын жетістіктерге қарамастан, әртүрлі тұқым өкілдерінде бірдей SNP фенотиптік әсерінің механизмдерін толық түсінуде күрделі мәселелер бар. Сонымен қатар, кейбір жағдайларда бірдей полиморфизм бір тұқымның әртүрлі популяцияларында әртүрлі жолдармен көрінуі мүмкін. Сондықтан әртүрлі тұқымдардағы SNP фенотиптік әсерін анықтауға және сипаттауға бағытталған зерттеулер айтарлықтай қызығушылық тудырады.

Сандық белгілерді басқарудың геномдық механизмдерін түсінудегі кейбір қадамдар тұқымға төзімді фенотиптік әсерді көрсететін SNP қандай текті, қандай гендерде және гендердің қандай функционалды аймақтарында оқшауланғанын түсіну болып табылады. Сондай-ақ, қазіргі уақытта нашар түсінілген негізгі сұрақтардың бірі – QTL-ассоциацияланған

SNP-лердің бүкіл геномға таралуы. QTL-ассоциацияланған SNP-лер геномның шығу тегіне жақын тұқымдардағы бірдей және геномдағы тұқымдық айрықша аймақтармен қаншалықты бірдей қамтылған деген сұрақ туындайды.

Бұл жұмыстың мақсаты қазақтың ақбас және әулікөл малдарында бірдей фенотиптік әсерлері бар QTL-ассоциацияланған толық геномдық SNP зерттеу болды.

Материалдар мен әдістер. Зерттеуге қазақтың ақбас тұқымды 712 бұқасының және 452 әулікөл тұқымының қыл талшықтары қолданылды.

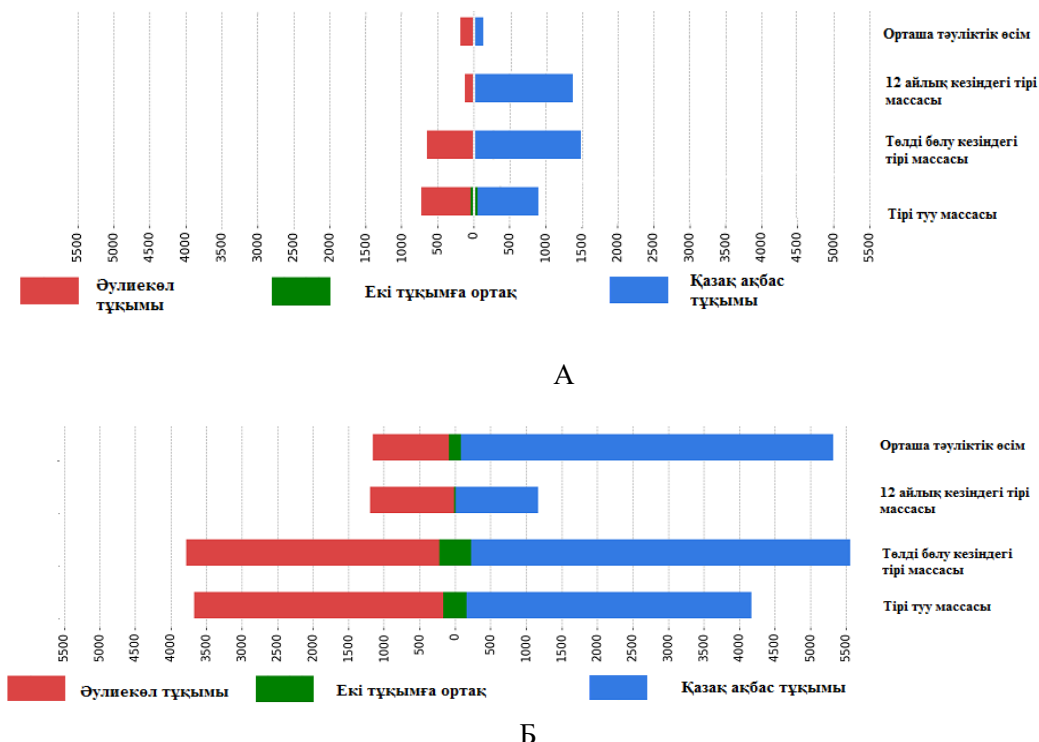
Жануарлардың генотиптері туралы мәліметтер GeneSeek GGP Bovine 150K ДНҚ чипі арқылы алынды, орташа тығыздығы 150 000 SNP («Illumina Inc.», АҚШ).

Генотиптеу деректерін іріктеу және сапаны бақылау PLINK 1.9 бағдарламалық жасақтамасын пайдалану арқылы жүзеге асырылды [4].

Геномның жалпы аймақтарын іздеу үшін гомозиготалық аймақтарды (ROH) зерттеу жүргізілді. PLINK Cattle QTL database көмегімен әр жануар үшін гомозиготалық аймақтары бағаланды [5]. Бөлу гендердің байланыс тепе-теңдігі (LD) негізінде жасалды, бірақ қысқа ROH болдырмау үшін ROH минималды ұзындығы 1 Мб деп орнатылды. ROH анықтау үшін келесі критерийлер қолданылды: (1) ROH бір жетіспейтін SNP және бір ықтимал гетерозиготалы генотипке дейін рұқсат етілді; (2) ROH құрайтын SNP-дің минималды саны [4] әдісі бойынша жалған оң ROH нәтижелерінің санын азайту үшін есептелді: мұндағы α - ROH жалған оң нәтижелерінің пайызы, n_s - бір жеке басқа шаққандағы SNP саны, n_i - жеке дарактар саны, het - барлық SNP бойынша гетерозиготалық; (3) бір SNP-нің минималды тығыздығы 100 кб-тан асады; және (4) 1 Мб сериялық SNP арасындағы максималды алшақтық [6].

Толық геномдық ассоциацияларды зерттеу (GWAS) Plink көмегімен жүзеге асырылады (бір локусты сызықтық модель қолданылады) төрт өсу көрсеткіштері үшін: тірі туу массасы, төлді бөлу кезіндегі тірі массасы, 12 айлық кезіндегі тірі массасы және орташа тәуліктік өсім.

Нәтижелер және талқылау. Біз $p \leq 0,000001$ және $p \leq 0,0000001$ мәнінің белгіленген деңгейінде ассоциацияларды толық геномдық зерттеу жүргіздік. Бұл талдау бірнеше ондаған QTL-ассоциацияланған SNP-ді тұқымдық айрықша фенотиптік әсерін анықтауға мүмкіндік берді. Алайда, мұндай маңыздылық деңгейінде қазақтың ақбас және әулікөл тұқымдары үшін фенотиптік әсері бірдей болатын бір SNP анықталған жоқ. $p \leq 0,001$ мәндерімен жұмыс істеу кезінде екі тұқымның тиісті параметрлері үшін ортақ сайттардың болуын талдау олардың мүлдем жоқтығын көрсетті (сурет 1 А), ал маңыздылық деңгейінің 0,01-ге дейін төмендеуі мұндай сайттарды барлық зерттелетін белгілер үшін анықтауға мүмкіндік берді (сурет 1 Б).



Сурет 1 – Екі тұқым үшін де зерттелетін параметрлермен байланысты полиморфты аймақтардың визуализациясы. Жасыл аймақ – екі тұқым үшін ортақ полиморфты аймақтар.

Сайттардың санын 0-ден бір бағытта ғана санау керек; $A - p = 0,001$, $B - p = 0,01$.

$p = 0,001$ кезінде QTL-ассоциацияланған SNP анықталатын жалғыз белгі тірі туу массасы екені анықталды.

Маңыздылық шегі $p = 0,01$ дейін төмендеген кезде жалпы сайттардың саны 479-ға дейін айтарлықтай артады. QTL-ассоциацияланған екі тұқымға ортақ SNP саны сәйкесінше 161, 224, 10 және 84 тірі туу массасы, төлді бөлу кезінде, 12 айлықтағы және туәліктік орташа өсім белгілері бойынша болды. ROH талдауы нәтижесінде геномның екі тұқымына ортақ 6 аймақ (жалпы ұзындығы 192,8 мБ ж.н.), қазақтың ақбас тұқымына арналған 7 тұқымдық айрықша аймақ (жалпы ұзындығы 19,52 мБ ж.н.) және әуликөл тұқымы үшін 12 тұқымдық айрықша аймақ (жалпы ұзындығы 15,10 мБ ж.н.) анықталды. Әрі қарай, екі тұқымға ортақ барлық SNP орналасуын геномның жалпы және тұқымдық айрықша аймақтарының координаттарымен байланыстырды (кесте 1).

Кесте 1 – Қазақтың ақбас және әуликөл малдарының тұқымдық айрықша QTL-ассоциацияланған SNP-дің таралуы

Санат/ұзындық (мБ)	ROH геномдық мекенжайы	n SNP/SNP тығыздығы/мБ
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/0,49	1:1529411-2023687	-
Тұқымдық айрықша аймақ к.б./5,36	2:67226923/72583890	-
Тұқымдық айрықша аймақ к.б./1,28	2:73165500/74444101	-
Жалпы/53,36	3:27226923-80583890	8/0,15
Тұқымдық айрықша аймақ к.б./0,38	4:75834041/76217768	-
Жалпы/36,61	5:10025373-46633949	1/0,03
Тұқымдық айрықша аймақ к.б./1,91	5:17125373/19033947	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/0,30	5:47722098- 48019679	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/0,07	5:48094474-48167401	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/6,62	5:53704130-60322619	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/0,40	5:60373086-60773086	-
Жалпы/36,54	6:24247306-60786013	30/0,82
Тұқымдық айрықша аймақ к.б./3,94	6:64247306/68186013	1/0,25
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/0,11	6:68808196-68915932	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/6,36	6:68938945-75294644	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/0,20	6:76396527-76594160	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/1,59	6:76717175- 78311559	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/2,60	6:79054824-81652194	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/0,15	6:82162402- 82314634	-
Тұқымдық айрықша аймақ Әуликөл тұқымы/0,63	14:24437778-25066322	-
Жалпы/28,35	14:41909059-70261140	4/0,14
Тұқымдық айрықша аймақ к.б./0,35	14:81909059/82261140	-
Жалпы/7,68	20:53165500-60844101	-
Жалпы/30,26	24:55640220-85901225	5/0,17
Тұқымдық айрықша аймақ к.б./1,88	26:48407133/50284551	-

1-кестенің деректерінен көріп отырғанымыздай, 479 жалпы тұқымдық QTL-ассоциацияланған SNP-дің тек 44-і ғана екі тұқымда мейлінше жоғары ұқсастық геномының аймақтарында және 1-і қазақтың ақбас тұқымдық айрықша аймақта оқшауланған. Бақыланатын таралым геномның жалпы аймақтары тұқымдық айрықша аймақтарға қатысты жоғары жиынтық ұзындығымен сипатталады және тиісінше қазақ ақбас және әуликөл тұқымдарындағы 15,10 және 19,52 мБ-қа қатысты 192,8 мБ құрайды деп есептеуге болады. Алайда, осы фрагменттердің жабын тығыздығын QTL-ассоциацияланған SNP-мен есептей отырып, ең жоғары тығыздық 6:24247306-60786013 ең ұзын емес бөлігімен сипатталатынын

атап өтуге болады. Бұл аймақта бірден 30 жалпы тұқымдық SNP орналасқан, бұл 6:24247306-60786013 аймақтың QTL үшін «тиімді нүкте» ретінде сипаттауға мүмкіндік береді. Басқа авторлардың еңбектерін талдау ВТА6 хромосомасы QTL-ассоциацияланған SNP-дің саны бойынша көшбасшы екенін көрсетті [7]. 2-кестеде бұл SNP толығырақ сипатталған.

Кесте 2 – Геномның жалпы және тұқымдық айрықша аймақтарында орналасқан жалпы тұқымдық QTL-ассоциацияланған SNP-дің сипаттамасы

Белгі	β	P	RS	Оқшаулануы	Ген	Сілтеме
3:27226923-80583890; геномның жалпы тұқымдық аймағы						
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	7,558	0,009	rs110323065	интрон	LEPR	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-9,608	5E-04	rs134443875	геннен тыс оқшаулану	-	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-6,113	0,009	rs135059389	геннен тыс оқшаулану	-	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-7,471	0,003	rs136069861	геннен тыс оқшаулану	-	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-10,67	0,002	rs42371486	интрон	ADGRL2	[8]
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-6,711	0,006	rs43052949	геннен тыс оқшаулану	-	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-6,323	0,003	rs43052973	геннен тыс оқшаулану	-	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	5,558	0,008	rs43344305	геннен тыс оқшаулану	-	
5:10025373-46633949; геномның жалпы тұқымдық аймағы.						
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-5,31	0,007	rs29004006	интрон	SPATS2	
6:24247306-60786013; геномның жалпы тұқымдық аймағы.						
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-10,23	0,002	rs109228503	геннен тыс оқшаулану	-	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-5,069	0,004	rs110167139	геннен тыс оқшаулану	-	[9]
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-8,839	0,001	rs133885165	геннен тыс оқшаулану	-	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	7,011	9,00E-04	rs41595968	геннен тыс оқшаулану	-	[10-12]
Орташа тәуліктік өсім	0,019	0,009	rs134263694	интрон	ABCG2	[13]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs110974806	жоғарғы жатқан нұсқа	FAM184B	[14]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs134061493	интрон	FAM184B	[14]
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	5,656	0,001	rs109218410	интрон	HERC3	[15]
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	4,823	0,006	rs109563344	интрон	HERC3	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-4,606	0,007	rs110212542	интрон	HERC3	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-5,06	0,004	rs110377022	интрон	HERC3	[16]
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-5,19	0,003	rs110537443	интрон	HERC3	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	4,823	0,006	rs110635021	интрон	HERC3	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	5,273	0,002	rs110865582	интрон	HERC3	
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs110684574	интрон	LAP3	[14]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs133185353	интрон	LAP3	[14]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs134209622	интрон	LAP3	[14, 17]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs134678579	интрон	LAP3	
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs134831868	интрон	LAP3	[17]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,011	rs135355686	интрон	LAP3	[14]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,011	rs137632853	интрон	LAP3	[14, 17]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs133017027	жоғарғы жатқан нұсқа	MED28	[17]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs137748179	3'-Таратылмайтын аймақ	MED28	[14]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs109501082	төменжатқан нұсқа	FAM184B	[14]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs109241256	3'-Таратылмайтын аймақ	LAP3	[14]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs110839532	3'-Таратылмайтын аймақ	LAP3	[14]
Орташа тәуліктік өсім	-0,014	0,01	rs41255599	3'-Таратылмайтын аймақ	LAP3	[7]
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-6,732	0,01	rs110090537	интрон	SLIT2	[18]
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-5,067	0,007	rs109301158	интрон	TSPAN5	
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	-5,373	0,004	rs134014306	интрон	TSPAN5	
6: 6424 7306/68 186013; Қазақтың ақбас тұқымына тұқымдық айрықша аймағы						
Тірі туу массасы	-11,66	0,01	rs110108391	геннен тыс оқшаулану	-	
14:41909059-70261140; геномның жалпы тұқымдық аймағы.						
Орташа тәуліктік өсім	0,016	0,004	rs109057768	интрон	EXT1	
Орташа тәуліктік өсім	0,025	0,008	rs132802721	геннен тыс оқшаулану	-	
Тірі туу массасы	0,753	0,005	rs135468636	интрон	BAALC	
Тірі туу массасы	-8,467	0,009	rs43734861	геннен тыс оқшаулану	-	[19]
24:55640220-85901225; геномның жалпы тұқымдық аймағы.						
Төлді бөлу кезіндегі тірі массасы	5,366	0,011	rs42052364	интрон	BCL2	[20]

Геномның анықталған аймақтарынан QTL-ассоциацияланған полиморфизмдер негізінен жалпы тұқымдық аймақтарда орналасқан. Геномның екі тұқымына ортақ 3:27226923-80583890, 5:10025373-46633949, 6:24247306-60786013, 14:41909059-70261140 және 24: 55640220-

85901225 тұқымға төзімді фенотиптік әсерлері бар генетикалық маркерлерді іздеуге арналған тиімді нүктелер және бұл деректер басқа зерттеу топтарының жұмыс нәтижелерімен расталады [5].

Қазақтың ақбас және әуликөл тұқымдары үшін жалпы QTL-ассоциацияланған SNP оқшауланған ақуыз-кодтаушы гендерге қатысты кейбіреулер үшін бірден бірнеше полиморфты нұсқалар анықталғанын атап өтуге болады. Мұндай гендерге FAM184B, HERO 3, LAP 3, MED 28, TSPAN5 жатады. Кейбір полиморфизмдерді басқа авторлар сипаттайды [6, 7]. Осы гендерден басқа, жалпы тұқымық QTL-ассоциацияланған SNP LEPR, SPATS2, ABCG2, LAP3, MED28, TSPAN5, EXT1, SLIT2 және BCL2 гендерінде орналасқан.

Қорытынды. Тұқымға төзімді фенотиптік әсері бар генетикалық маркерлерді іздеуді геномның әртүрлі тұқымдарға жалпы аймақтарында жүргізген жөн. Атап айтқанда, қазақтың ақбас және әуликөл тұқымдарына жалпы фенотиптік әсері бар QTL-ассоциацияланған SNP зерттеуге арналған «тиімді нүктелер» аймақтарын қарастыруға болады: 3:27226923-80583890, 5:10025373-46633949, 6:24247306-60786013, 14:41909059-70261140 және 24:55640220-85901225, екі тұқымның ең үлкен ұқсастығымен сипатталады. Екі тұқымға да жалпы QTL-ассоциацияланған SNP оқшауланған кандидат гендер негізінен тіндердің барлық түрлерінде таралатын және жалпы организмдік метаболикалық және физиологиялық процестерге қатысатын жасушаішілік ақуыздарды кодтайды. Интрагендік оқшаулануға қатысты, көбінесе жалпы тұқымдық QTL-ассоциацияланған SNP интрондардың ішінде немесе кандидат гендерінің реттеуші аймақтарында орналасқанын атап өтуге болады. Қазақтың ақбас және әуликөл тұқымдары үшін бір мезгілде $p = 0,01$ кезінде QTL-ассоциацияланған болып табылатын 479 полиморфизм анықталды (белгілері бойынша 161, 224, 10 және 84 туу кезіндегі тірі массасы, төлді бөлу кезінде, тиісінше 12 айлықтағы және орташа тәуліктік өсім), оның 27-сі басқа тұқымдар үшін де сипатталған.

Алғыс. Жұмыс ҚР АШМ-нің 2021-2023 жылдарға арналған мақсатты қаржыландыру бағдарламасы бойынша BR10764981 «Етті мал шаруашылығындағы генетикалық ресурстарды сақтау мен жетілдірудің селекциялық процесін тиімді басқарудың технологияларын әзірлеу» бағдарламасы (№ 0121PK00759), ҚР БҒМ жас ғалымдары гранттық қаржыландырудың 2020-2022 жылдарға арналған AP08052960 «Толық геномдық SNP-чиптеу негізінде әуликөл және қазақтың ақбас тұқымдарының ірі кара малдарының ет өнімділігін тұқымдық айрықша QTL-таңбалау» (0120PK00043).

ӘДЕБИЕТТЕР ТІЗІМІ

- 1 Смагдов, М.Г. Полногеномный анализ межстадной Fst-гетерогенности голштинизированного скота [Текст] / М.Г. Смагданов [и др.] // Генетика. - 2016. - Т. 52. - № 2. - С. 198-205.
- 2 VanRaden, P.M. Efficient methods to compute genomic predictions [Text] / P.M. VanRaden// J. Dairy Sci. - 2008. – Vol.91. – P.4414-4423. doi: 10.3168/jds.2007-0980.
- 3 Кудинов, А.А. Применение метода BLUP Animal Model для оценки племенной ценности коров айрширской породы Ленинградской области [Текст] / А.А. Кудинов, А.В. Петрова, К.В. Племяшов // Генетика и разведение животных. – 2017. - № (2). – С. 79-85.
- 4 Chang, C.C. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets [Text] / C.C. Chang [and etc.] //GigaScience. - 2015. - № 4:e7. - P. 1-16.doi: 10.1186/s13742-015-0047-8.
- 5 Hu, Zh.-L. Bringing the Animal QTLdb and CorrDB into the future: meeting new challenges and providing updated services [Text] / Zh.-L. Hu, C.A. Park, J.M. Reecy // Nucleic Acids Research. – 2022. – Vol. 50:eD1. P. 956–961. doi: 10.1093/nar/gkab1116.
- 6 Zhang, L. cgaTOH: Extended approach for identifying tracts of homozygosity [Text] / L. Zhang [and etc.] // PLoS ONE. - 2013. - Vol. 8(3):e57772. - P. 1-8. doi: 10.1371/journal.pone.0057772.
- 7 Bongiorno, S. Identification of a short region on chromosome 6 affecting direct calving ease in Piedmontese cattle breed [Text] / S. Bongiorno [and etc.] // PLoS One. - 2012. – Vol. 7(12):e50137. – P. 1-7. doi: 10.1371/journal.pone.0050137.

8 Hawken, R.J. Genome-wide association studies of female reproduction in tropically adapted beef cattle [Text] / R.J. Hawken [and etc.] // Journal of animal science. - 2012. - Vol. 90(5). – P. 1398-1410. doi: 10.2527/jas.2011-4410.

9 Lu, D. Genome-wide association analyses for growth and feed efficiency traits in beef cattle [Text] / D. Lu [and etc.] // Journal of animal science. – 2013. – Vol. 91 (8). – P. 3612-3633. doi: 10.2527/jas.2012-5716.

10 Nishimura, S. Genome-wide association study identified three major QTL for carcass weight including the PLAG1-CHCHD7 QTN for stature in Japanese Black cattle [Text] / S. Nishimura [and etc.] // BMC Genet. – 2012. – Vol.13:e40. – P. 1-11. doi: 10.1186/1471-2156-13-40.

11 Akanno, E.C. Genome-wide association scan for heterotic quantitative trait loci in multi-breed and crossbred beef cattle [Text] / E.C. Akanno [and etc.] // Genet Sel Evol. – 2018. – Vol. 50(1):e48. – P. 1-13. doi: 10.1186/s12711-018-0405-y.

12 Gutierrez-Gil, B. Investigation of the genetic architecture of a bone carcass weight QTL on BTA6 [Text] / B. Gutierrez-Gil [and etc.] // Anim Genet. – 2012. – Vol. 43(6). - 654-661. doi: 10.1111/j.1365-2052.2012.02322.x.

13 Olsen, H.G. Fine mapping of a QTL on bovine chromosome 6 using imputed full sequence data suggests a key role for the group-specific component (GC) gene in clinical mastitis and milk production [Text] / H.G. Olsen [and etc.] // Genetics, Selection, Evolution. - 2016. - Vol. 48(1):e79. - P. 1-16. doi: 10.1186/s12711-016-0257-2.

14 Zhang, F. Genetic architecture of quantitative traits in beef cattle revealed by genome wide association studies of imputed whole genome sequence variants: I: feed efficiency and component traits [Text] / F. Zhang [and etc.] // BMC genomics. – 2020. – Vol. 21(1):e36. – P. 1-22. doi: 10.1186/s12864-019-6362-1.

15 Snelling, W.M. Genome-wide association study of growth in crossbred beef cattle [Text] / W.M. Snelling [and etc.] // Journal of animal science. - 2010. - Vol.88(3). – P. 837-848. doi: 10.2527/jas.2009-2257.

16 Kiser, J.N. Validation of 46 loci associated with female fertility traits in cattle [Text] / J.N. Kiser [and etc.] // BMC genomics. – 2019. – Vol. 20(1):e576. – P.1-13. doi: 10.1186/s12864-019-5935-3.

17 Wang, Y. Genetic architecture of quantitative traits in beef cattle revealed by genome wide association studies of imputed whole genome sequence variants: II: carcass merit traits [Text] / Y. Wang [and etc.] // BMC genomics. – 2020. – Vol. 21(1):e38. – P. 1-22.

18 Gebreyesus, G. Multi-population GWAS and enrichment analyses reveal novel genomic regions and promising candidate genes underlying bovine milk fatty acid composition [Text] / G. Gebreyesus [and etc.] // BMC genomics. – 2019. – Vol. 20(1):e178. – P. 1-16. doi: 10.1186/s12864-019-5573-9.

19 Iung, L.H.S. Genome-wide association study for milk production traits in a Brazilian Holstein population [Text] / L.H.S. Iung [and etc.] // Journal of dairy science. – 2019. – Vol. 102(6). – P. 5305-5314. doi: 10.3168/jds.2018-14811.

20 Dadousis, C. Genome-wide association study for cheese yield and curd nutrient recovery in dairy cows [Text] / C. Dadousis [and etc.] // Journal of dairy science. - 2017. - Vol. 100(2). - P. 1259-1271. doi: 10.3168/jds.2016-11586.

REFERENCES

1 Smaragdov, M.G. Polnogenomnyj analiz mezhstadnoj Fst-geterogennosti golstinizirovannogo skota [Tekst] / M.G. Smardanov [i dr.] // Genetika. - 2016. - T. 52. - № 2. - S. 198-205.

2 VanRaden, P.M. Efficient methods to compute genomic predictions [Text] / P.M. VanRaden // J. Dairy Sci. - 2008. – Vol.91. – P.4414-4423. doi: 10.3168/jds.2007-0980.

3 Кудинов, А.А. Применение метода BLUP Animal Model для оценки племенной ценности коров айрширской породы Ленинградской области [Текст] / А.А. Кудинов, А.В. Петрова, К.В. Племяшов // Генетика и разведение животных. – 2017. - № (2). – С. 79-85.

4 Chang, C.C. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets [Text] / C.C. Chang [and etc.] // GigaScience. - 2015. - № 4:e7. - P. 1-16. doi: 10.1186/s13742-015-0047-8.

5 Hu, Zh.-L. Bringing the Animal QTLdb and CorrDB into the future: meeting new challenges and providing updated services [Text] / Zh.-L. Hu, C.A. Park, J.M. Reecy // *Nucleic Acids Research*. – 2022. – Vol. 50:eD1. P. 956–961. doi: 10.1093/nar/gkab1116.

6 Zhang, L. cgaTOH: Extended approach for identifying tracts of homozygosity [Text] / L. Zhang [and etc.] // *PLoS ONE*. – 2013. – Vol. 8(3):e57772. – P.1-8. doi: 10.1371/journal.pone.0057772.

7 Bongiorno, S. Identification of a short region on chromosome 6 affecting direct calving ease in Piedmontese cattle breed [Text] / S. Bongiorno [and etc.] // *PLoS One*. – 2012. – Vol. 7(12):e50137. – P. 1-7. doi: 10.1371/journal.pone.0050137.

8 Hawken, R.J. Genome-wide association studies of female reproduction in tropically adapted beef cattle [Text] / R.J. Hawken [and etc.] // *Journal of animal science*. – 2012. – Vol. 90(5). – P. 1398-1410. doi: 10.2527/jas.2011-4410.

9 Lu, D. Genome-wide association analyses for growth and feed efficiency traits in beef cattle [Text] / D. Lu [and etc.] // *Journal of animal science*. – 2013. – Vol. 91 (8). – P. 3612-3633. doi: 10.2527/jas.2012-5716.

10 Nishimura, S. Genome-wide association study identified three major QTL for carcass weight including the PLAG1-CHCHD7 QTN for stature in Japanese Black cattle [Text] / S. Nishimura [and etc.] // *BMC Genet*. – 2012. – Vol.13:e40. – P. 1-11. doi: 10.1186/1471-2156-13-40.

11 Akanno, E.C. Genome-wide association scan for heterotic quantitative trait loci in multi-breed and crossbred beef cattle [Text] / E.C. Akanno [and etc.] // *Genet Sel Evol*. – 2018. – Vol. 50(1):e48. – P. 1-13. doi: 10.1186/s12711-018-0405-y.

12 Gutierrez-Gil, B. Investigation of the genetic architecture of a bone carcass weight QTL on BTA6 [Text] / B. Gutierrez-Gil [and etc.] // *Anim Genet*. – 2012. – Vol. 43(6). – 654-661. doi: 10.1111/j.1365-2052.2012.02322.x.

13 Olsen, H.G. Fine mapping of a QTL on bovine chromosome 6 using imputed full sequence data suggests a key role for the group-specific component (GC) gene in clinical mastitis and milk production [Text] / H.G. Olsen [and etc.] // *Genetics, Selection, Evolution*. – 2016. – Vol. 48(1):e79. – P. 1-16. doi: 10.1186/s12711-016-0257-2.

14 Zhang, F. Genetic architecture of quantitative traits in beef cattle revealed by genome wide association studies of imputed whole genome sequence variants: I: feed efficiency and component traits [Text] / F. Zhang [and etc.] // *BMC genomics*. – 2020. – Vol. 21(1):e36. – P. 1-22. doi: 10.1186/s12864-019-6362-1.

15 Snelling, W.M. Genome-wide association study of growth in crossbred beef cattle [Text] / W.M. Snelling [and etc.] // *Journal of animal science*. – 2010. – Vol.88(3). – P. 837-848. doi: 10.2527/jas.2009-2257.

16 Kiser, J.N. Validation of 46 loci associated with female fertility traits in cattle [Text] / J.N. Kiser [and etc.] // *BMC genomics*. – 2019. – Vol. 20(1):e576. – P.1-13. doi: 10.1186/s12864-019-5935-3.

17 Wang, Y. Genetic architecture of quantitative traits in beef cattle revealed by genome wide association studies of imputed whole genome sequence variants: II: carcass merit traits [Text] / Y. Wang [and etc.] // *BMC genomics*. – 2020. – Vol. 21(1):e38. – P. 1-22.

18 Gebreyesus, G. Multi-population GWAS and enrichment analyses reveal novel genomic regions and promising candidate genes underlying bovine milk fatty acid composition [Text] / G. Gebreyesus [and etc.] // *BMC genomics*. – 2019. – Vol. 20(1):e178. – P. 1-16. doi: 10.1186/s12864-019-5573-9.

19 Iung, L.H.S. Genome-wide association study for milk production traits in a Brazilian Holstein population [Text] / L.H.S. Iung [and etc.] // *Journal of dairy science*. – 2019. – Vol. 102(6). – P. 5305-5314. doi: 10.3168/jds.2018-14811.

20 Dadousis, C. Genome-wide association study for cheese yield and curd nutrient recovery in dairy cows [Text] / C. Dadousis [and etc.] // *Journal of dairy science*. – 2017. – Vol. 100(2). – P. 1259-1271. doi: 10.3168/jds.2016-11586.

РЕЗЮМЕ

Геномная селекция на современном этапе развития сельскохозяйственной науки является наиболее актуальным, экономически эффективным и значимым, а также инновационным и

наиболее надежным способом оценки племенных качеств животных. Несмотря на очевидные успехи в применении ДНК чипов в геномной оценке, существуют серьезные проблемы с полным пониманием механизмов воспроизведения фенотипических эффектов одних и тех же SNP представителей разных пород. Поэтому исследования, направленные на выявление и описание фенотипических эффектов SNP у разных пород, представляют значительный интерес. В работе представлены результаты полногеномного поиска QTL-ассоциированных SNP с одинаковыми фенотипическими эффектами у казахского белоголового и аулиекольского скота. Выявлено, что «горячими точками» для поиска QTL-ассоциированных SNP, с общими для казахской белоголовой и аулиекольской пород фенотипическими эффектами, можно рассматривать участки: 3:27226923-80583890, 5:10025373-46633949, 6:24247306-60786013, 14:41909059-70261140 и 24:55640220-85901225. Гены-кандидаты, в которых локализованы QTL-ассоциированные SNP, общие для обеих пород, в основном кодируют внутриклеточные белки. Установлено 479 полиморфизмов, являющихся QTL-ассоциированными при $p = 0,01$ для казахской белоголовой и аулиекольской пород одновременно (161, 224, 10 и 84 по признакам живая масса при рождении, при отъеме, в 12 месяцев и среднесуточный прирост соответственно).

УДК 636.32/38
МРНТИ 68.39.31

Смагулов Д.Б., Ph.D, основной автор, <https://orcid.org/0000-0001-8992-2244>
НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана»,
Республика Казахстан, 090009, г. Уральск, ул. Жангир хана 51, dark.smagul@gmail.com

Smagulov D.B., Ph.D, the main author, <https://orcid.org/0000-0001-8992-2244>
NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir Khan»,
The Republic of Kazakhstan, 090009, Uralsk city, st. Zhangir khan 51, dark.smagul@gmail.com

ИСТОРИЯ СОЗДАНИЯ ЖАНААРКИНСКОГО ВНУТРИПОРОДНОГО ТИПА САРЫАРКИНСКОЙ ГРУБОШЕРСТНОЙ КУРДЮЧНОЙ ПОРОДЫ ОВЕЦ THE HISTORY OF CREATION ZHANAARKA TYPE SARYARKA COARSE-WOOLED FAT-TAILED SHEEP BREED

Аннотация

Курдючные овцы обладают ценными и порой уникальными признаками, отсутствующими или слабовыраженными у заводских пород, благодаря которым они и являются незаменимым генетическим материалом в селекции в настоящем и будущем, как при создании новых, так и в совершенствовании существующих. Их разведение в Казахстане является основным направлением производства качественной продукции – молочной ягнятины и молодой баранины, удельный вес которых составляет более 70% от общего поголовья овец в республике. Исключительная приспособленность к суровым пастбищным условиям содержания в сухостепных, полупустынных и пустынных регионах страны, высокая жизнеспособность и скороспелость молодняка, уровень и качество мясной продуктивности, минимальная потребность в кормах и ветеринарной защите грубошерстных овец, выработанные естественным многовековым отбором, делают их весьма перспективными. Кроме того, они являются частью культуры целых народов, звеном эволюции вида, отражают закономерности формирования географического генофонда.

ANNOTATION

Fat-tailed sheep have valuable and sometimes unique traits that are absent or weakly expressed in factory breeds, thanks to which they are an indispensable genetic material for breeding in the present and in the future, both creating new ones and improving existing ones. Their breeding in Kazakhstan is main direction the production of quality products – dairy lamb and young mutton, the share of which is more than 70% total number sheep in republic. Exceptional adaptability to harsh