

ӨОЖ 636.082.12;636.1;636.03
ҒТАХР 68.03.05, 34.23.59

DOI 10.52578/2305-9397-2024-2-2-266-276

- Бекова Г.С.**, PhD докторант, негізгі автор, <https://orcid.org/0000-0003-0230-1352>
«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан к. 51, 090009, Қазақстан Республикасы, bek_gulmira@mail.ru
- Бейшова И.С.**, биол. ғыл. д., қауымд. профессор, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>
«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан к. 51, 090009, Қазақстан Республикасы, indira_bei@mail.ru
- Гриценко Д.А.**, PhD, <https://orcid.org/0000-0001-6377-3711>
Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты, Алматы қ., Тимирязев к. 45, 050040, Қазақстан Республикасы, d.kopytina@mail.ru
- Белая Е.В.**, биол. ғыл. докторы, <https://orcid.org/0000-0003-1786-0341>
«Максим Танк атындағы Беларусь мемлекеттік педагогикалық университеті» ҚБ 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 к. 51, 090009, Қазақстан Республикасы, tatyana.poddudinskaya@gmail.com
- Ковальчук А.М.**, PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4106-4954>
«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан к. 51, 090009, Қазақстан Республикасы, kovalchuk_s89@mail.ru
- Салимова Д.К.**, PhD докторант, <https://orcid.org/0000-0003-3197-6586>
«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қаласы, Жәңгір хан к. 51, 090009, Қазақстан Республикасы, salimova.dinara98@gmail.com
- Бейшов Р.С.**, PhD, <https://orcid.org/0000-0002-6114-0002>
«А. Байтұрсынұлы атындағы Қостанай өңірлік университеті» КеАҚ, Қостанай қаласы, Байтұрсынов көшесі 47, 110000, Қазақстан Республикасы, mr.rus.kvn@mail.ru
- Кобжасаров Т.Ж.**, Ph.D, <https://orcid.org/0000-0002-6157-4652>
«А. Байтұрсынұлы атындағы Қостанай өңірлік университеті» КеАҚ, Қостанай қаласы, Байтұрсынов көшесі 47, 110000, Қазақстан Республикасы, tkzt@mail.ru
- Bekova G.S.**, doctoral student, the main author, <https://orcid.org/0000-0003-0230-1352>
NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, Zhangir Khan st. 51, 090009, Kazakhstan, bek_gulmira@mail.ru
- Beishova I.S.**, Doctor of Biological Sciences, Associate Professor, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>
NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, Zhangir Khan st. 51, 090009, Kazakhstan, indira_bei@mail.ru
- Gritsenko D.A.**, PhD, <https://orcid.org/0000-0001-6377-3711>
Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Timiryazeva str., 45, 050040, Republic of Kazakhstan, d.kopytina@mail.ru
- Belaya E.V.**, Doctor of Biological Sciences, <https://orcid.org/0000-0003-1786-0341>
Belarusian State Pedagogical University named after Maxim Tank, 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, Zhangir Khan st. 51, 090009, Kazakhstan, tatyana.poddudinskaya@gmail.com
- Kovalchuk A.M.**, PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4106-4954>
NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, Zhangir Khan st. 51, 090009, Kazakhstan, kovalchuk_s89@mail.ru
- Salimova D. K.**, doctoral student, <https://orcid.org/0000-0003-3197-6586>
NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, Zhangir Khan st. 51, 090009, Kazakhstan, salimova.dinara98@gmail.com
- Beishov R.S.**, PhD, <https://orcid.org/0000-0002-6114-0002>
NJSC «Akhmet Baitursynuly Kostanay Regional University», Kostanay, 47 Baitursynova str., 110000, Republic of Kazakhstan, mr.rus.kvn@mail.ru

Kobzhasarov T.Z., Ph.D., <https://orcid.org/0000-0002-6157-4652>

NJSC «Akhmet Baitursynuly Kostanay Regional University», Kostanay, 47 Baitursynova str., 110000, Republic of Kazakhstan, tkzt@mail.ru

**ЖЫЛҚЫЛАРДЫҢ ОТАНДЫҚ ТҰҚЫМДАРЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘРТҮРЛІЛІГІ
МЕН ӨНІМДІЛІК ҚАСИЕТТЕРІН ЗЕРТТЕУ ҮШІН SNP ТОЛЫҚ ГЕНОМДЫ
ТАЛДАУЫН ПАЙДАЛАҢУ**

**THE USE OF GENOME-WIDE SNP ANALYSIS TO STUDY THE GENETIC DIVERSITY
AND PRODUCTIVE QUALITIES OF DOMESTIC HORSE BREEDS**

Аннотация

Equine 80k HTS («Illumina Inc.», АҚШ) микрочиптерін пайдалану негізінде бір нуклеотидті полиморфизмдердің (SNP) отандық жылқылардың өнімділік қасиеттерімен байланысын толық геномды іздеу және генетикалық әртүрлілігін зерттеу нәтижелері келтірілген.

Жылқылардың келесі тұқымдары мен типтері зерттеу нысаны болып табылды: жабы (n = 631), адай (n = 303) және найман (n = 158) типтері, мұғалжар (n = 584), көшім (n = 226) және қостанай (n = 116) тұқымдары. SNP-генотиптеудің сапасын бақылау PLINK1.9 бағдарламалық жасақтамасын қолдану арқылы жүргізілді. Деректерді өңдеу және визуалдандыру үшін PLINK1.9, R-пакет, BEAGLE, ADMIXTURE, CLUMPAK және FigTree бағдарламалары қолданылды. Сапаны бақылау және талдауға қолдану нәтижелері бойынша іріктеп алынған маркерлердің қорытынды жиынтығына 60 987 SNP кірді. Жылқылардың фенотиптік деректері бойынша ақпарат сынамаларды іріктегенге дейін жиналды, бұл ретте шоқтығының биіктігі, тұрқының қиғаш ұзындығы, кеудесінің орамы, жіліншігінің орамы және тірілей салмағы сынды көрсеткіштер есепке алынды.

Жылқылардың барлық зерттелетін тұқымдары күтілетін және бақыланатын гетерозиготалықтары бойынша бір-біріне өте жақын мән көрсетті – орташа есеппен 0,3478 және 0,3443. Бақыланатын гетерозиготалық дәрежесі қазақ тұқымының адай типі және мұғалжар тұқымында 0,3402-ден көшім тұқымында 0,3514-ке дейін ауытқыды. Басты компоненттер әдісі (principal component analysis, PCA), ADMIXTURE бағдарламасы, күтілетін және бақыланатын гетерозиготалықтар (He және Ho), фиксация индексінің жұп мәндері (Fst) негізінде аталмыш зерттелетін тұқымдар арасында генетикалық өзгергіштік жоқ екені анықталды. Осылайша SNP толық геномды талдауын алғаш рет пайдалану арқылы жылқылардың отандық тұқымдарының генетикалық әртүрлілігін зерттедік. Бұл нәтижелер тұқымдардың гендік қорын терең зерттеудің және ауыл шаруашылығы өндірісінің келешегі үшін олардың мәнін бағалаудың бастамасы болып табылады.

Талдау барысында дәнекер тіні мен сүйек жүйесінің, жүйке жүйесінің, иммундық жүйесінің даму және басқа үрдістерді реттеуге қатысатын гендермен тіркескен 60 полиморфизм анықталды. Атқарылған жұмыс барысында аталмыш тәсілдерді толық геномды-ассоциативтік зерттеулерде жеке белгілермен байланысы бар, дара СНП детекциялау барысында қолданудың өзектілігі расталды.

ANNOTATION

The article presents the results of a study of genetic diversity and a genome-wide search for associations of single nucleotide polymorphisms (SNP) with productive qualities in domestic horse breeds conducted using Equine 80k HTS microchips (Illumina Inc., USA).

The object of research was horses of the following breeds and types: Kazakh types of jabe (n=631), adai (n=303) and Naiman (n=158), Mugalzhar (n=584), Kushum (n=226) and Kostanay (n=116) breeds. Quality control of SNP genotyping was performed using PLINK1 software. PLINK1.9, R-package, BEAGLE, ADMIXTURE, CLUMPAK and FigTree programs were used for data processing and visualization. The final set of markers selected based on the results of quality control and used for analysis included 60,987 SNPs. The collection of information on the phenotypic data of horses was carried out before sampling, while the following indicators were measured: height at the withers, oblique length of the trunk, chest girth, pastern girth and live weight.

All the studied horse breeds had very similar values of expected and observed heterozygosity - on average 0.3478 and 0.3443. The degree of observed heterozygosity in the studied horse breeds varied from 0.3402 in the Kazakh breed of the Adai type and the Mugalzhar breed to 0.3514 in the Kushum breed. Using the principal component analysis (PCA) method, the ADMIXTURE program, expected and observed heterozygosity (H_e and H_o), pairwise values of the fixation index (F_{st}), the absence of genetic variability between the studied horse breeds was revealed. Thus, for the first time using a full-genome SNP analysis, we studied the genetic diversity of domestic horse breeds. These results serve as the beginning of an in-depth study of the gene pool of breeds and an assessment of their importance for the prospects of agricultural production.

The analysis revealed 60 polymorphisms linked to genes involved in the regulation of the development of connective tissue and bone system, nervous system, regulation of the immune system and other processes. The work carried out confirmed the relevance of using this approach in genome-wide associative studies to detect single SNPs associated with individual traits.

Түйін сөздер: *Equus caballus*, SNP, ассоциацияларды толық геномды іздеу, жабе типінің қазақ тұқымы, қазақ тұқымы, жылқылар.

Key words: *Equus caballus*, SNP, genome-wide association search, Kazakh breed jabe type, Kazakh breed, horses.

Кіріспе. 2007 жылы жылқылар геномының толық жүйелігін жариялау олардың геномикасын зерттеулерде маңызды оқиғаға айналды және олардың генетикасын, физиологиясы мен эволюциясын зерттеу үшін жаңа мүмкіндіктер ашты. Бұл өнімділік қасиеттерімен байланысты олардың генетикалық құрылымын, сондай-ақ тұқымдар арасындағы байланысын терең түсінуге мүмкіндік берді [1]. Жылқылар геномының жүйелігі жарияланғаннан кейін зерттеушілер геномда көптеген бір нуклеотидті полиморфизмдерді (SNP) сәйкестендіре алды. Аталмыш SNP жылқыларды генотиптеу үшін маңызды маркерлер бола алады. SNP коммерциялық массивтерін жасау жылқылардың генетикалық зерттеулерін, соның ішінде тегін талдауды, белгілі ауруларға бейімділігін зерттеуді және генетикалық ерекшеліктерін ескере отырып малдарды өсіруді анағұрлым тиімді жүргізуге мүмкіндік берді [2]. Бұл жылқылардың геномикасындағы ілгерілісті және осы ақпаратты өмірдің әртүрлі салаларында қолдануды, соның ішінде жылқылардың әртүрлі тұқымдары мен олардың өнімділік қасиеттерін зерттеуді айтарлықтай жылдамдатты [3]. Қазіргі таңда жылқылардың өнімділік қасиеттері сияқты полигендік мөлшерлік белгілерінің генетикасы туралы ақпарат шектеулі болуы мүмкін. Бұл жылқылардың геномикасын зерттеулерде жуық арада жеткен жетістіктермен, сондай-ақ көптеген гендер мен қоршаған ортаның өзара байланысымен анықталатын полигендік белгілерді талдау күрделілігімен байланысты [4]. Алайда генетикалық зерттеулердегі ілгерілеудің арқасында, әсіресе SNP-маркерлер мен ДНҚ-генотиптеу массивтерін пайдалану негізінде, сондай-ақ талдаудың статистикалық әдістерін дамыта отырып, жылқылардың генетикасы туралы ақпараттың мөлшері мен сапасы ұлғайғанын байқаймыз. Өз кезегінде бұл жылқылардың өнімділік қасиеттерінің генетикалық негіздері мен олардың тұқым қуалаушылығын анағұрлым терең түсінуге ықпал етеді. Осы саладағы одан арғы зерттеулер жылқылардың өнімділік қасиеттерін жақсарту арқылы оларды селекциялау мен өсіру үшін маңызды болады, бұл спорттық және шаруашылық мақсаттары үшін өте маңызды [5].

Жергілікті қазақ жылқыларының генетикасын зерттеулер маңызды бағыт болып табылады, әсіресе Қазақстандағы жылқы шаруашылығының маңыздылығы ескерілуі тиіс. Жылқылардың жергілікті тұқымдарының маңызды өнімділік және экономикалық белгілеріне әсер ететін генетикалық ерекшеліктер мен факторларды түсіну елдегі жылқылардың популяциясын сақтауға және жақсартуға көмектесіп қана қоймай, жылқы шаруашылығын сала ретінде дамытуға ықпал етеді. Жергілікті қазақ жылқыларының генетикасын зерттеу жергілікті жағдайларға бейімделу үшін және генетикалық әртүрлілікті сақтау үшін өзекті бола алатын бірегей генетикалық ерекшеліктерді айқындауға көмектесе алады [6]. Өз кезегінде бұл аталмыш тұқымдардың сипаттамаларын жақсартуға бағытталған селекциялау және өсіру бағдарламаларын әзірлеуге және олардың жергілікті әрі халықаралық деңгейлердегі бәсекеге қабілеттілігін арттыруға әкеледі. Осы сала әлемдік нарықта тиімді бәсекелесе алу үшін жылқы

шаруашылығын ауқымды жаңғыртуды талап етеді. Заманауи молекулалық генетика және геномика әдістерін асыл тұқымдық жылқы шаруашылығына енгізу саланы жаңғыртуда өзекті рөл атқарады. Бұл әдістер жылқылардың желілері мен тұқымдарының генетикалық құрылымын анағұрлым терең түсінуге, жіктеуді жақсартуға және генотиптерді басқаруға, сондай-ақ ұнамды шаруашылыққа пайдалы белгілермен байланысты молекулалық маркерлерді пайдалану негізінде тиімді селекция жүргізуге мүмкіндік береді [7]. Молекулалық генетика мен геномиканы қолдану жылқылардың шыдамдылық, жылдамдық, күш және ауруларға төзімділік сияқты ұнамды сипаттамаларымен байланысты генетикалық маркерлерді сәйкестендіруге мүмкіндік берді. Бұл жылқы өсірушілерге өсіру үшін жылқыларды айтарлықтай дәл таңдауға көмектеседі, өз кезегінде асыл тұқымдық қасиеттерін жақсарту үрдісін жылдамдата алады және ұрпақтардың кезеңін қысқарта алады. Сонымен қатар, молекулалық генетиканың заманауи әдістері генетикалық ақауларды және ауруларға бейімділікті сәйкестендіруге мүмкіндік береді, бұл осы қасиеттердің ұрпаққа берілуіне жол бермеуге көмектеседі және жылқылар популяциясының денсаулығы мен қолайлығын жақсартады [8]. Осылайша, молекулалық генетиканы асыл тұқымдық жылқы шаруашылығына енгізу жылқылар тұқымдарының сапасын арттыру, өнімділігін жақсартуға және популяцияның әртүрлі тәуекел факторларына төзімділігін жақсарту үшін маңызды қадам болып табылады.

Әдістер мен материалдар. Зерттеулерді жүргізу үшін жабы (ZHB, $n = 631$), адай (ADA, $n = 303$) және найман (NMN, $n = 158$) типтерінің, мұғалжар (MUG, $n = 584$), көшім (KSH, $n = 226$) және қостанай (KOS, $n = 116$) тұқымдарының қазақ тұқымдарының жүн талшықтары пайдаланылды. Жүн талшықтары Ақмола, Ақтөбе, Батыс Қазақстан, Қостанай, Маңғыстау, Солтүстік Қазақстан, Жамбыл, Алматы және Шығыс Қазақстан облыстарының шаруа қожалықтарында іріктеп алынды. Жүн талшықтары жануарлардың жалдары мен құйрықтарынан іріктеп алынды. Ыдырау немесе бактериялық өсу үрдістерін тежеу мақсатында іріктеп алынған материал $+4^{\circ}\text{C}$ температурасында сақталды, бұл материалды келесі талдау немесе қолдану үшін сақтауға мүмкіндік берді. Геномдық ДНҚ «ДНҚ-Экстрен-2» («Синтол» ЖШҚ, Ресей) жиынтығын пайдалана отырып, өндірушінің нұсқаулығы негізінде бөлініп шығарылды. Флуориметр Qubit 4 (Thermo Fisher Scientific, АҚШ) ДНҚ-н концентрациясын анықтау мақсатында қолданылды. ДНҚ-н сапасы электрофорездің көмегімен агарозалық геледе анықталды.

Equine 80k HTS микрочиптері («Illumina Inc.», АҚШ) өндірушінің нұсқаулықтарын дәл ұстана отырып, SNP-генотиптеуді жүргізу үшін пайдаланылды. PLINK1.9 бағдарламалық жасақтамасы генотиптеу сапасын бақылау үшін қолданылды [9, 10].

SNP генотиптеудің дәлдігі мен тиімділігін бағалау үшін бірінші кезеңде GenCall (GC) және GenTrain (GT) көрсеткіштері бойынша сапа бақыланды. Әр SNP генотиптерін анықтау барысында келесі бөліну параметрлері қоланылды: GC - 0,8, GT - 0,7. Одан әрі мынадай сүзгілер қолданылды: жануарлардың 90%-нан кем емес мөлшерінде генотиптелген SNP, минорлық аллельдердің жиілігі 5%-дан кем, Харди-Вайнберг бойынша тепе-теңдік тесті $p < 1 \cdot 10^{-10}$. Орналасуы беймәлім SNP талдаудан алынып тасталды. Осы критерийлерге сай келетін барлық деректер R деректерін өңдеудің ортақ утилиталарын пайдалану негізінде PLINK (.ped + .map) мәтіндік енгізу файлдарына экспортталды. Жетіспейтін генотиптер BEAGLE қолдану негізінде есептелді [11].

Жылқылардың зерттелетін іріктемелерінің кластерлік топтарын анықтау мақсатында деректердің талданатын жиынтығында (ADMIXTURE) тұрақты элеуетті компоненттің (кластерлердің) болуы айқындалды, іріктемені K тобының белгілі санына ($K = 1-10$) бөлудің анағұрлым ықтимал нұсқасы анықталды, K санының әрбір мәні үшін 10 итерация орындалды.

Популяциялық талдау PLINK1.9 пайдалану негізінде жүргізілді және R-атқарымдарын пайдалана отырып ортақтандырылды. Оған ілінісу тепе-теңсіздігін (LD), күтілетін және бақыланатын гетерозиготалықты (He, Ho), фиксация индексінің жұп мәндерін (Fst) бағалау кіреді.

Отандық тұқымдардың жылқыларын SNP-генотиптеу деректерін шетелдік тұқымдарға қатысты салыстырмалы талдау Petersen et al. деректерін пайдалану негізінде жүргізілді [12]. Басты компоненттерді талдау PLINK көмегімен орындалды және 'ggplot2' пакеті бар R көмегімен визуалдандырылды. ADMIXTURE талдауы K үшін 10 итерациямен 1-ден 40 дейін жүргізілді және CLUMPAK көмегімен визуалдандырылды. Арақашықтар матрицасы 'dartR' пакетінде манхэттендік арақашықтықты пайдалану арқылы есептелді, тамырланған ағаш 'ape' пакетін пайдалану негізінде жақын көршілер (neighbor-joining) әдісі бойынша құрылды және FigTree бағдарламалық жасақтамасының көмегімен визуалдандырылды [13].

Генотиптеу сапасын бақылау PLINK1.9 бағдарламасының көмегімен жүргізілді. Оның нәтижелері бойынша 60 987 SNP іріктеп алынды.

Толық геномды ассоциативтік талдау PLINK1.9 пайдалану арқылы жүргізілді. Бұрын алынған генетикалық құрылымды талдау нәтижелері GWAS үшін үлгілерді іріктеп алу кезінде назарға алынды. Байланысты талдау жылқылардың тірілей салмағы мен өлшемдерінің көрсеткіштері бойынша жүргізілді. Үш жасқа дейінгі жануарлар және есепке алынбаған үлгілер талдаудан алынып тасталды. Пирсонның корреляциялық тесті фенотиптік ауыспалы мәндердің жасқа тәуелсіздігін қамтамасыз ету үшін пайдаланылды. Өлшемдердің ауыспалы мәндері шоқтығының биіктіктігі, тұрқының қиғаш ұзындығы, кеудесінің орамы, жіліншігінің орамы өлшемдерін пайдалану арқылы анықталды. Бұл параметрлер орташа мәнді есептеу арқылы және стандартты ауытқымаға бөлу негізінде қалыпқа келтірілді, содан кейін басты компоненттер (PCA) талданды және бірінші компонент жануарлардың жаңа ауыспалы өлшемдері ретінде таңдалды.

Ассоциацияларды толық геномды іздеу үшін көптеген салыстыруларды есепке алу мақсатында р-мәнін коррекциялау негізінде Монте-Карло орын ауыстырулардың бейімді әдісімен желілік регрессия тесті қолданылды, көптеген салыстыруларды есепке алмай, р-мәні түзетілді (PLINK ‘--linear perm’ пәрмені). Байланыстардың күшті тепе-теңсіздігі күйіндегі SNP талдаудан алынып тасталды ($r^2 > 0,7$).

Р-мәні 0,001 белгіленген шегінен төмен маркерлер VEP (variant effect predictor) құралы мен DAVID веб-серверін пайдалану негізінде аңдатпаланды [14]. Аңдатпа үшін сілтеме ретінде жылқы геномының EquCab3.0 (GCA_002863925.1) жиынтығы пайдаланылды.

Нәтижелер және талқылау. Генотиптік ақпарат келтірілген барлық файлдарды біріктіріп, іріктегеннен кейін одан арғы зерттеулер мақсатында 60 987 жоғары сапалы SNP алынды.

Жылқылардың барлық зерттелетін тұқымдары ортақ популяциялық статистиканың көрсеткіштерін, соның ішінде күтілетін және бақыланатын гетерозиготалықты және тұқымдар арасындағы Fst фиксация индексінің жұп мәндері талданды (1-кесте).

Кесте 1 – Жылқылардың қазақ (жабы, адай, найман типтері), мұғалжар, көшім және қостанай тұқымдарының генетикалық әртүрлілігінің сипаттамасы

Тұқым (тип)	N	H _e	H _o	Типтер / жұптар арасындағы жұптық Fst Райта					
				Адай типі	Жабы типі	Мұғалжар	Көшім	Найман типі	Қостанай
Адай типі	303	0,3438	0,3402	0,0000					
Жабы типі	631	0,3496	0,3453	0,0011	0,0000				
Мұғалжар	584	0,3456	0,3402	0,0010	0,0005	0,0000			
Көшім	226	0,3564	0,3514	0,0050	0,0029	0,0043	0,0000		
Найман типі	158	0,3462	0,3472	0,0014	0,0016	0,0016	0,0046	0,0000	
Қостанай	116	0,3451	0,3419	0,0003	0,0009	0,0011	0,0037	0,0016	0,0000

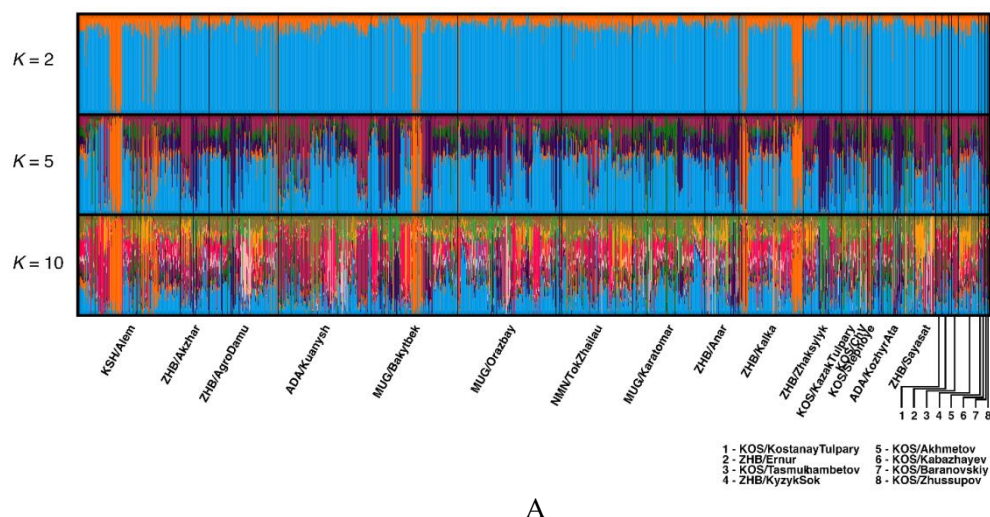
Ескертпе: N – үлгілердің саны, H_e – күтілетін гетерозиготалық, H_o – қадағаланатын гетерозиготалық.

Жылқылардың барлық зерттелетін тұқымдарында күтілетін және бақыланатын гетерозиготалықтың мәндері өте жақын, орташа есеппен 0,3478 және 0,3443 болды. Бақыланатын гетерозиготалықтың дәрежесі адай типінің қазақ тұқымында және мұғалжар тұқымында 0,3402-ден көшім тұқымында 0,3514-ке дейін өзгерді. Тұқымдардың барлық жұптары 0,001-ден аспайтын Fst көрсетті, бұл зерттелетін топтар арасындағы дифференциацияның ең төмен дәрежесін білдіреді. Фиксация индексінің ең төмен мәні қостанай тұқымы мен адай типінің қазақ тұқымында (Fst = 0,0003) байқалды; ең жоғары мәні – көшім тұқымы мен адай типінің қазақ тұқымында (Fst = 0,005) байқалды.

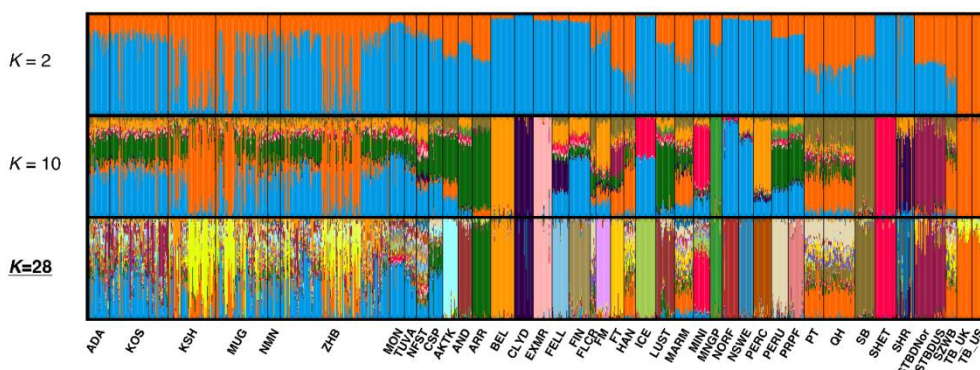
ADMIXTURE нәтижелері Fst фиксациялау индексін есептеу нәтижелерімен келісіледі. Тоғыспалы тексеріс K-ң шынайы мәнін анықтамады, себебі тоғыспалы тексерістің стандартты қатесі K-ң 1-ден 10 дейінгі минималды мәніне жетті, нәтижелерді талдау оңтайлы құрылым ретінде K = 2 таңдауға мүмкіндік берді (1 А суреті).

$K = 2$ нәтижелері көрсеткендей, кейбір қашық генотиптерді ескермегенде, жылқылардың жергілікті тұқымдарының зерттелетін іріктемесі біртекті болды. Бұл есепке алынбаған генотиптер одан арғы талдау үшін назарға алынды. K үшін 3-ден 10 дейінгі одан арғы нәтижелер популяция ішілік өзгергіштікті айқындады және популяциялар арасындағы генетикалық құрылым туралы ақпаратты берген жоқ.

Petersen et al. деректері жылқылардың отандық тұқымдарының үлгілерін жаһандық әртүрліліктің мәнмәтінінде сыйғызу үшін пайдаланылды. Шетелдік тұқымдардың өкілі болып табылатын дарақтардың саны біздің еңбегімізге қарағанда айтарлықтай төмен болғандықтан, біз бір популяцияға шаққанда 10 дарақтан аспайтын жылқылардың санын шектеу арқылы деректердің көлемдерін теңгерімдедік; бұл дарақтар кездейсоқ тәсілмен іріктеп алынды. Есептен шығарылған жоғарыда аталған генотиптер интрогрессияның ықтимал көзін анықтау үшін қосымша іріктеп алынды. Біріктірілген жиынтыққа 1 176 жануар үшін 35 419 SNP енді, соның ішінде 138 - жабы типі қазақ тұқымының жылқылары үшін, 74 - қостанай, 66 - мұғалжар, 60 – көшім және 27 – адай типінің қазақ тұқымдары үшін. ADMIXTURE талдауының тоғыспалы валидациясының 10-еселік тесті $K = 28$ кластерлердің оңтайлы саны ретінде айқындады (1 Б суреті). Нәтижелер көрсеткендей, жылқылардың жергілікті тұқымдарында шетелдік тұқымдармен салыстырғанда дербес өзгергіштік деңгейі анағұрлым жоғары болды. Жылқылардың отандық тұқымдарын ажыратуға мүмкіндік беретін кластерлеудің ешқандай заңдылықтары байқалған жоқ.



А



Б

А – Қазақстанда өсірілетін жылқылар тұқымдарының іріктемесі; Б – шетелдік тұқымдармен салыстырғанда жылқылардың отандық тұқымдарының іріктемесі [35]

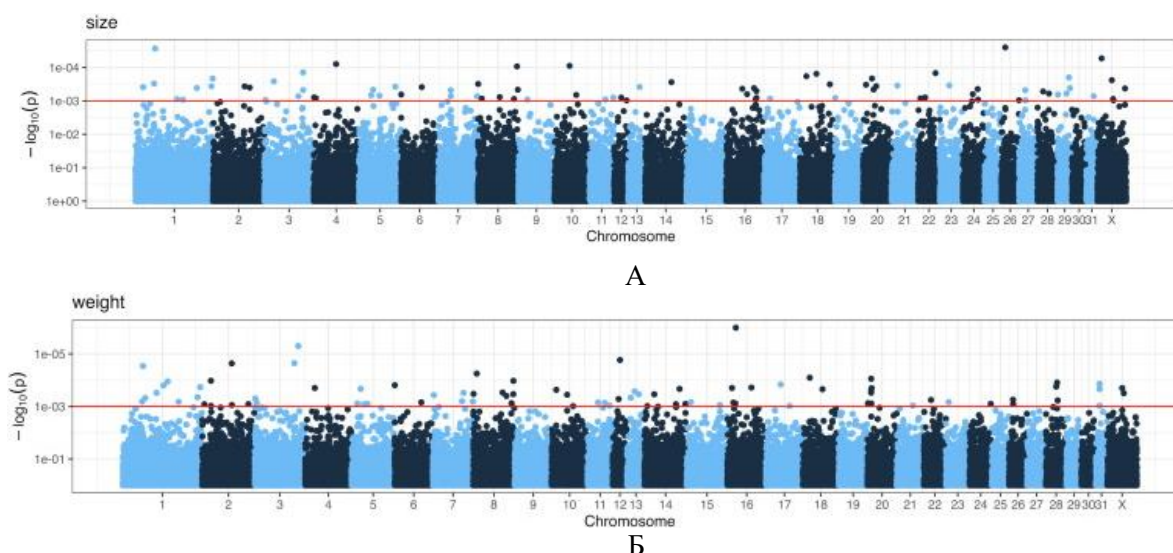
Сурет 1 – ADMIXTURE көмегімен есептелген жылқылар популяциясының салыстырмалы құрылымы

Бүгінгі таңда жылқылардың толық геномды ассоциацияларының көптеген зерттеулері жануарлардың жүйріктігі мен денсаулығын зерттеуге шоғырланған [15]. Өнімділікпен байланысты белгілерге жылқылардың геномикасында жеткілікті назар аударылмаған, себебі олардан алынатын өнім, негізінен ет көптеген елдерде экзотикалық өнім болып есептеледі. Осылайша, осындай белгілердің генетикасын зерттеу Қазақстан үшін ғана емес, басқа елдер үшін де жаңа әдіс болып табылады. Осы жұмыста біз SNP-маркерлер мен ет өнімділігін сипаттайтын жануарлардың тірілей салмағы мен өлшемдері сияқты ортақ параметрлердің байланысын талдадық.

SNP-маркерлер мен жылқылардың өлшемдерімен және тірілей салмағымен байланысты толық геномды талдау қолжетімді фенотиптік деректері бар барлық жануарлар үшін жүргізілді, 3 жасқа дейінгі жылқылар және генетикалық құрылымды талдаудың көмегімен анықталған қашық генотиптер ескерілген жоқ; барлығы 1533 дарақ зерттелді. Талданатын іріктемеде жануардың жасы әсер етпейтінін тексеру үшін біз барлық фенотиптік ауыспалы мәндер үшін Персон корреляциялық талдауын жүргіздік. Шоқтығының биіктігі және тұрқының қиғаш ұзындығы көрсеткіштері $p = 0,05$ (сәйкесінше $p = 0,8388$ және $0,4211$) шекті мәнділік деңгейі кезінде маңызды корреляция жоқ екенін көрсетті. Өлсіз корреляциялар кеудесінің орамы ($0,0841$, $p = 0,000507$), жіліншігінің орамы ($0,1011$, $p = 2,9229 \cdot 10^{-5}$) және тірілей салмағында ($0,1121$, $p = 3,496 \cdot 10^{-6}$) анықталды. Өлшемдердің көрсеткіштері PCA пайдалану негізінде біріктірілді; ортақ ауытқудың 81% сипаттайтын бірінші негізгі компонент жаңа ауыспалы мән ретінде таңдалды.

GWAS-талдау PLINK бағдарламалық жасақтамасында жүзеге асырылған жүйелік регрессия алгоритмін пайдалану негізінде жүргізілді және Монте-Карло орын ауыстырулар тестінің негізінде p -мәндерін бейімдеп түзетуден жасақталды. Статистикалық маңызды полиморфтық сайттардың бөлуді визуалдандыру және оларды әрбір талданатын параметрдің хромосомалары бойынша бөлу үшін Манхэттендік графиктер (Manhattan plot) құрылды. Y осі бойынша әрбір полиморфтық сайт ($-\log p$) үшін маңыздылық деңгейінің теріс логарифмінің мәні кейінге шегерілді. Полиморфтық сайттар окшауланған хромосомалар X осі бойынша кейінгі шегерілді. P мәні неғұрлым төмен болса, көрсеткіштің маңыздылық деңгейі соғұрлым жоғары болды және ол Y осі бойынша координаттардың басталуына қатысты анағұрлым жоғары орналасты.

2-суретте отандық жылқылардың тірілей салмағы және өлшемдері бойынша маңызды SNP бөлу сипаты бейнеленген графиктер келтірілген.



А – өлшемдер, Б – тірілей салмағы, X осі – жылқының хромосомасы, Y осі – $-\log_{10}(p)$, қызыл сызық – $p = 0,001$.

Сурет 2 – Отандық тұқымдар жылқыларының хромосомаларында статистикалық маңызды полиморфтық сайттардың орналасуы

Таңдалған $p = 0,001$ маңыздылық деңгейінде 81 және 84 SNP-де өлшемдермен және тірілей салмақпен статистикалық маңызды ассоциациялар бар екені анықталды.

Қорытынды. Сонымен, генетикалық зерттеулер Қазақстан Республикасында жылқыларды өсіру стратегиясындағы өзгешеліктерді растаған жоқ. Барлық зерттелетін тұқымдар мен типтер, соның ішінде қостанай тұқымы, популяциялар мен тұқымдарға сәйкестендіріп бөлмей-ақ, бір топты қалыптастырды. Сонымен қатар, тұқымдар арасындағы Fst фиксация индексінің жұп мәндері популяциялардың арасында гендердің еркін ағысы бар және тұқымаралық шекаралар жоқ екенін көрсетті. Тұқымдардағы күтілетін және бақыланатын гетерозиготалықтың жақын мәндері селекциялық іріктеу жоқ екенін немесе әлсіз әсері бар екенін айқындады.

Жүргізілген толық геномды ассоциативтік зерттеу бойынша белгілердің арасында айқын корреляция бар екеніне қарамастан, барлық дерлік полиморфизмдер өлшемдермен немесе тірілей салмақпен байланысы болатыны анықталды. Атқарымдық аңдатпаланған гендердің арасында қызықтыратын белгілермен әлеуетті байланысатын биологиялық үрдістердің кейбір белгілі аспектілерін атап өтуге болады. Алайда, «Gene ontology» көмегімен орындалған гендердің аңдатпасы адам мен модельдік жануарлар туралы деректерге негізделгенін ескерген жөн. Нәтижесінде жылқыларда сәйкестендірілген гендердің шынайы физиологиялық рөлі шамалы өзгешеленуі мүмкін. Сонымен қатар, әзірге сәйкестендірілмеген нұсқалардың ықтимал ассоциациялары жылқылардың геномдары үшін жаңартылған аңдатпаланған деректерді ескере отырып, қосымша зерттеуді талап ететінін атап өткен жөн.

Алғыс сөз. Жұмыс ҚР ҒЖБМ-ң 2022-2024 жылдарға арналған гранттық қаржыландыруы негізінде ДТН № AP14870614 «Жабе типті қазақ жылқыларының өнімділік қасиеттерін геномын толық қамту арқылы SNP-генотиптеу негізінде генетикалық таңбалау» ғылыми жобасының аясында, сондай-ақ ҚР АШМ-ң 2021-2023 жылдарға арналған ДТН № BR10764999 «Жылқы шаруашылығында генетикалық ресурстарын селекциялық процесін тиімді басқару және гендік қорды сақтау технологияларын әзірлеу» ғылыми-техникалық бағдарламасының аясында орындалды.

ӘДЕБИЕТТЕР ТІЗІМІ

- 1 Chowdhary, B.P. & Raudsepp T. (2006) The horse genome. [Текст] / B.P. Chowdhary & T. Raudsepp // Genome Dynamics 2, 97–110.
- 2 Evelyn, T. Todd, Aurore Fromentier, Richard Sutcliffe, Yvette Running Horse Collin, Aude Perdureau, Jean-Marc Aury, Camille Èche, Olivier Bouchez, Cécile Donnadieu, Patrick Wincker, Ted Kalbfleisch, Jessica L. Petersen, Ludovic Orlando. [Текст] / T. Evelyn // iScience, Volume 26, Issue 7, July 2023, Pages 1-12, <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107104>.
- 3 Frantz, L.A.F., Bradley, D.G., Larson, G. et al. Animal domestication in the era of ancient genomics. [Текст] / L.A.F Frantz // Nat Rev Genet 21, 449–460 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41576-020-0225-0>.
- 4 Wright, D. Article commentary: the genetic architecture of domestication in animals. Bioinform. Biol. Insights 9S4, BBI.S28902 (2015).
- 5 Kelekna, P. The horse in human history [Текст] / P. Kelekna // Cambridge University Press, 2009.
- 6 Librado, P. Jagannathan, et al. Ancient genomic changes associated with domestication of the horse [Текст] / P. Librado, C. Gamba// Science, 356 (2017), pp. 442-445, 10.1126/science.aam5298.
- 7 L. Orlando, R. Warinner Ancient DNA analysis Nat. Rev. Methods Primers, [Текст] / L. Orlando // 1 (2021), p. 14, 10.1038/s43586-020-00011-0.
- 8 Barendse, W. Genome wide signatures of positive selection: the comparison of independent samples and the identification of regions associated to traits [Текст] / W. Barendse // BMC Genomics 10: 178.
- 9 Agresti, A (1990) Categorical data analysis [Текст] / A. Agresti// John Wiley, New York, pp 100–102.
- 10 Fleiss, J.L (1981) Statistical methods for rates and proportions [Текст] / J.L. Fleiss // 2nd ed. Wiley, New York.
- 11 Benjamini, Y. Controlling the false discovery rate—a practical and powerful approach to multiple testing [Текст] / Y. Benjamini, Y. Hochberg // J R Stat Soc Ser B 57:289–300.

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 Guillot, G. (2008) Inference of structure in subdivided populations at low levels of genetic differentiation—the correlated allele frequencies model revisited [Tekst] / G. Guillot // Bioinformatics, 24, 2222–2228.

14 Huang, D.W. DAVID bioinformatics resources: expanded annotation database and novel algorithms to better extract biology from large gene lists [Tekst] / D.W. Huang, B.T. Sherman et al. // Nucleic Acids Res., 35, W169–W175.

15 Tozaki, T. A genome-wide association study for racing performances in Thoroughbreds clarifies a candidate region near the MSTN gene [Tekst] / T. Tozaki, T. Nakano. // Anim. Genet., 41 (Suppl 2) (2010), pp. 28-35, 10.1111/j.1365-2052.2010.02095.x.

16 Beishova, I.S. Genetic polymorphism of prolactin and nitric oxide synthase in Holstein cattle [Tekst] / I.S. Beishova et al. // Veterinary World. - 2023. - Vol. 16(1). - P.161-167.

17 Pozharskiy, A. Genetic structure and genome-wide association study of the traditional Kazakh horses [Tekst] / A. Pozharskiy // Animal. - 2023. - Vol.17, Issue 9. - P.100926-1-100926-12.

18 Baymenov, B.M. Phenotypic and genotypic resistance to antibiotics in Staphylococcus aureus strains isolated from cattle milk in Northern Kazakhstan [Tekst] / B.M. Baymenov et al. // Veterinary World. - 2023. - V. 16(9).

19 Aleman, M. Investigation of known genetic mutations of arabian horses in Egyptian Arabian foals with juvenile idiopathic epilepsy [Tekst] / M. Aleman et al. // J Vet Intern Med. - 2018. - Vol. 32(1). - P. 465-468. <https://doi.org/10.1111/jvim.14873>.

20 Fanelli, H.H. Coat color dilution lethal ('lavender foal syndrome'): a tetany syndrome of Arabian foals. [Tekst] / H.H. Fanelli // Equine Veterinary Education. - 2005. - Vol. 17. - P. 260-263

REFERENCES

1 Chowdhary, B.P. & Raudsepp T. (2006) The horse genome. [Tekst] / B.P. Chowdhary & T. Raudsepp // Genome Dynamics 2, 97–110.

2 Evelyn, T. Todd, Aureo Fromentier, Richard Sutcliffe, Yvette Running Horse Collin, Aude Perdureau, Jean-Marc Aury, Camille Èche, Olivier Bouchez, Cécile Donnadiou, Patrick Wincker, Ted Kalbfleisch, Jessica L. Petersen, Ludovic Orlando. [Tekst] / T. Evelyn // iScience, Volume 26, Issue 7, July 2023, Pages 1-12, <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107104>.

3 Frantz, L.A.F., Bradley, D.G., Larson, G. et al. Animal domestication in the era of ancient genomics. [Tekst] / L.A.F Frantz // Nat Rev Genet 21, 449–460 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41576-020-0225-0>.

4 Wright, D. Article commentary: the genetic architecture of domestication in animals. Bioinform. Biol. Insights 9S4, BBI.S28902 (2015).

5 Kelekna, P. The horse in human history [Tekst] / P. Kelekna // Cambridge University Press, 2009.

6 Librado, P. Jagannathan, et al. Ancient genomic changes associated with domestication of the horse [Tekst] / P. Librado, C. Gamba // Science, 356 (2017), pp. 442-445, 10.1126/science.aam5298.

7 L. Orlando, R. Warinner Ancient DNA analysis Nat. Rev. Methods Primers, [Tekst] / L. Orlando // 1 (2021), p. 14, 10.1038/s43586-020-00011-0.

8 Barendse, W. Genome wide signatures of positive selection: the comparison of independent samples and the identification of regions associated to traits [Tekst] / W. Barendse // BMC Genomics 10: 178.

9 Agresti, A (1990) Categorical data analysis [Tekst] / A. Agresti // John Wiley, New York, pp 100–102.

10 Fleiss, J.L (1981) Statistical methods for rates and proportions [Tekst] / J.L. Fleiss // 2nd ed. Wiley, New York.

- 11 Benjamini, Y. Controlling the false discovery rate—a practical and powerful approach to multiple testing [Текст] / Y. Benjamini, Y. Hochberg // *J R Stat Soc Ser B* 57:289–300.
- 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 Guillot, G. (2008) Inference of structure in subdivided populations at low levels of genetic differentiation—the correlated allele frequencies model revisited [Текст] / G. Guillot // *Bioinformatics*, 24, 2222–2228.
- 14 Huang, D.W. DAVID bioinformatics resources: expanded annotation database and novel algorithms to better extract biology from large gene lists [Текст] / D.W. Huang, B.T. Sherman et al. // *Nucleic Acids Res.*, 35, W169–W175.
- 15 Tozaki, T. A genome-wide association study for racing performances in Thoroughbreds clarifies a candidate region near the MSTN gene [Текст] / T. Tozaki, T. Nakano. // *Anim. Genet.*, 41 (Suppl 2) (2010), pp. 28-35, 10.1111/j.1365-2052.2010.02095.x.
- 16 Beishova, I.S. Genetic polymorphism of prolactin and nitric oxide synthase in Holstein cattle [Текст] / I.S. Beishova et al. // *Veterinary World*. - 2023. - Vol. 16(1). - P.161-167.
- 17 Pozharskiy, A. Genetic structure and genome-wide association study of the traditional Kazakh horses [Текст] / A. Pozharskiy // *Animal*. - 2023. - Vol.17, Issue 9. - P.100926-1-100926-12.
- 18 Baymenov, B.M. Phenotypic and genotypic resistance to antibiotics in *Staphylococcus aureus* strains isolated from cattle milk in Northern Kazakhstan [Текст] / B.M. Baymenov et al. // *Veterinary World*. - 2023. - V. 16(9).
- 19 Aleman, M. Investigation of known genetic mutations of arabian horses in Egyptian Arabian foals with juvenile idiopathic epilepsy [Текст] / M. Aleman et al. // *J Vet Intern Med*. - 2018. - Vol. 32(1). - P. 465-468. <https://doi.org/10.1111/jvim.14873>.
- 20 Fanelli, H.H. Coat color dilution lethal ('lavender foal syndrome'): a tetany syndrome of Arabian foals. [Текст] / H.H. Fanelli // *Equine Veterinary Education*. - 2005. - Vol. 17. - P. 260-263

РЕЗЮМЕ

В статье представлены результаты исследования генетического разнообразия и полногеномного поиска ассоциаций однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) с продуктивными качествами у отечественных пород лошадей проведенного с использованием микрочипов Equine 80k HTS («Illumina Inc.», США).

Объектом исследований являлись лошади следующих пород и типов: казахской джабе (n = 631), адай (n = 303) и найман (n = 158), мугалжарской (n = 584), кушумской (n = 226) и костанайской (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. Сбор информации по фенотипическим данным лошадей проводили до отбора проб, при этом измеряли следующие показатели: высота в холке, косая длина туловища, обхват груди, обхват пясти и живую массу.

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. 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.

В ходе анализа были выявлены 60 полиморфизмов, сцепленных с генами, участвующими в регуляции процессов развития соединительной ткани и костной системы, нервной системы, регуляции иммунной системы и других процессах. Проведенная работа подтвердила актуальность применения подобного подхода в полногеномно-ассоциативных исследованиях для детектирования единичных SNP, связанных с отдельными признаками.

УДК 597
МРНТИ 34.33.33

DOI 10.52578/2305-9397-2024-2-2-276-287

Линник А. С., магистр естественных наук, **основной автор**, <https://orcid.org/0000-0003-4472-2307>

РГП на ПХВ МНВО РК «Институт зоологии», ул. Аль-Фараби, 93, Алматы, 050060, Казахстан, alexandr.linnik@zool.kz,

Қонысбаев Т.Г., магистр сельскохозяйственных наук, <https://orcid.org/0000-0002-6328-1319>

РГП на ПХВ МНВО РК «Институт зоологии», ул. Аль-Фараби, 93, Алматы, 050060, Казахстан, talgarbay.konysbayev@zool.kz

Крупна Е.Г., доктор биологических наук, <https://orcid.org/0000-0001-9401-0258>

РГП на ПХВ МНВО РК Институт зоологии, ул. Аль-Фараби, 93, Алматы, 050060, Казахстан, elena_krupa@mail.ru,

Романова С.М., доктор географических наук, <https://orcid.org/0000-0002-4875-1749>

РГП на ПХВ МНВО РК «Институт зоологии», ул. Аль-Фараби, 93, Алматы, 050060, Казахстан, sofiya.romanova@zool.kz

Linnik A.S., Master of Natural Sciences, **the main author**, <https://orcid.org/0000-0003-4472-2307>

RSE on PVC «Institute of Zoology», Almaty, st. al-Farabi 93, 050060, Kazakhstan, alexandr.linnik@zool.kz,

Konysbayev T.G., Master of Agricultural Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-6328-1319>

RSE on PVC «Institute of Zoology», Almaty, st. al-Farabi 93, 050060, Kazakhstan, talgarbay.konysbayev@zool.kz

Krupa E. G., Doctor of Biological Sciences, <https://orcid.org/0000-0001-9401-0258>,

RSE on PVC «Institute of Zoology», Almaty, st. al-Farabi 93, 050060, Kazakhstan, elena_krupa@mail.ru,

Romanova S.M., Doctor of Geographical Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-4875-1749>

RSE on PVC «Institute of Zoology», Almaty, st. al-Farabi 93, 050060, Kazakhstan, sofiya.romanova@zool.kz

**СОВРЕМЕННОЕ СОСТОЯНИЕ ВОДНОЙ ФАУНЫ И ЭКОЛОГО-
ТОКСИКОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПОЙМЕННЫХ ОЗЕР
ПАВЛОДАРСКОГО ПРИИРТЫШЬЯ
CURRENT STATE OF AQUATIC FAUNA AND ECOLOGICAL-TOXICOLOGICAL
CHARACTERISTICS OF FLOODLAND LAKES IN THE PAVLODAR IRTYSH REGION**

Аннотация

В июле 2023 г. проведены комплексные исследования трех пойменных озер (Орловское, Курколь, Старый Иртыш) Павлодарского Прииртышья. Согласно результатам гидрохимического анализа, в озерах Орловское и Старый Иртыш было зарегистрировано превышение ПДК_{вр} по нитритам и аммонийному азоту в 2,5–2,7 раз. Высоким содержанием железа (15 ПДК_{вр}) характеризовалась вода оз. Курколь. Повсеместно было выявлено превышение ПДК_{вр} по марганцу (от 3,0 до 10,0 раз). Содержание тяжелых металлов находилось на низком уровне. Численность зоопланктона была очень высокой – в среднем 872,41–4492,9 тыс.экз/м³, при биомассе 3,8–44,2 г/м³. Основу количественных показателей зоопланктона в оз. Старый Иртыш формировали коловратки и веслоногие, в озере Орловское –