

Ульянова Т.В., PhD, негізгі авторы, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қ., Қазақстан, 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 қ., Қазақстан, kovalchuk_s89@mail.ru

Ульянов В.А., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-7500-1601>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қ., Қазақстан, vadimkst@mail.ru

Бейшов Р.С., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-6114-0002>

«А. Байтұрсынов атындағы Қостанай өңірлік университеті» КеАҚ, Қостанай қ., Қазақстан, mr.rus.kvn@mail.ru

Ulyanova T.V., PhD, the main author, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, 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, Kazakhstan, kovalchuk_s89@mail.ru

Ulyanov V.A., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-7500-1601>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, Kazakhstan, vadimkst@mail.ru

Beishov R.S., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-6114-0002>

NJSC «Akmet Baitursynuly Kostanay Regional University», Kostanay, Kazakhstan, mr.rus.kvn@mail.ru

ҚАЙТА СЕКВЕНИРЛЕУ ӘДІСІМЕН ҚАЗАҚТЫҢ АҚБАС ТҰҚЫМДЫ ІРІ ҚАРА МАЛЫНЫҢ ТОЛЫҚ ГЕНОМЫН ТАЛДАУ

ANALYSIS OF THE COMPLETE GENOME OF KAZAKH WHITE-HEADED CATTLE BY RESEQUENCING METHOD

АНДАТПА

Мақалада Қазақстанда толық геномдық секвенирлеу нәтижесінде алынған қазақтың ақбас тұқымды ірі қара малы геномының алғашқы сипаттамасы ұсынылған. Қазақтың ақбас тұқымының эталондық бұқаларынан қан мен қыл сынамалары жиналды. ДНҚ «ДНК Экстран-2» (ООО «Синтол» ЖШС, Ресей) және «PureLink Genomic DNA Mini Kit» (Invitrogen, АҚШ) коммерциялық жиынтықтары арқылы бөлініп алынды. ДНҚ-ның сапалық бағалау агарозды гель-электрофорез көмегімен, ал сандық бағалау Agilent Cary 60 спектрофотометрінде жүргізілді. Үлгілер cPAS түрі бойынша DNBSEQ-G400 платформасында жұптық ұштары 150 ж.н. ұзындығымен секвенирленді, әр үлгіге кемінде 9 ГБ дерек генерацияланды. BWA 0.7.17 бағдарламасы арқылы қазақтың ақбас тұқымының геномы Bos taurus ARS-UCD2.0 (GCF_002263795.3) соңғы қолжетімді эталондық тізбегімен салыстырылды. Геномда 21 742 полиморфты вариант анықталды, транзициялар/трансверсиялар арақатынасы 1,79-ді құрады. Осылайша, қазақтың ақбас тұқымының геномын қайта секвенирлеу етті ірі қара шаруашылығын дамыту және бұл тұқымның генетикалық қорын сақтау үшін маңызды рөл атқарады. Бұл жұмыстың нәтижелері қазақтың ақбас тұқымды ірі қара малының негізгі шаруашылыққа пайдалы

белгілерінің қалыптасу негізінде жатқан генетикалық механизмдерді одан әрі зерттеуге, сондай-ақ тиісті генетикалық маркерлерді әзірлеуге негіз болады.

ANNOTATION

The article presents the first characterisation of the genome of Kazakh white-headed cattle obtained as a result of complete genomic sequencing in Kazakhstan. Blood and hair bulb samples were collected from reference bulls of the Kazakh white-headed breed. DNA was extracted using commercial DNA kits 'Extran-2' (Syntol LLC, Russia) and 'PureLink Genomic DNA Mini Kit' (Invitrogen, USA). DNA was qualitatively assessed by agarose gel electrophoresis and quantitatively assessed on an Agilent Cary 60 spectrophotometer. Samples were sequenced by cPAS typing on a DNBSEQ-G400 platform in paired-end mode with a read length of 150 bp, generating at least 9 GB of data per sample. Using the BWA 0.7.17 programme, the genome of the Kazakh white-headed breed was compared with the latest available *Bos taurus* ARS-UCD2.0 reference sequence (GCF_002263795.3). A total of 21,742 polymorphic variants were identified in the genome, and the transitions/transversions ratio was 1.79. Thus, resequencing of the Kazakh white-headed breed genome plays an important role in the development of beef cattle breeding and preservation of the gene pool of this breed. The results of this work provide a basis for further studies of genetic mechanisms underlying the formation of key economically useful traits of the Kazakh white-headed cattle breed, as well as for the development of appropriate genetic markers.

Түйінді сөздер: ірі қара мал, қазақтың ақбас тұқымы, ДНҚ, геном, қайта секвенирлеу

Key words: cattle, Kazakh white-headed breed, DNA, genome, resequencing

Кіріспе. 2009 жылы ірі қара мал (ІҚМ) геномын секвенирлеу және жинақтау толық аяқталды [1]. Генотиптеудің жаңа жоғары өнімді технологияларының дамуы ІҚМ геномын зерттеуде бір нуклеотидті полиморфизмдерге (single nucleotide polymorphism, SNP) негізделген ДНҚ маркерлерін кеңінен қолдануға алып келді [2]. Олардың талдауына негізделген қазіргі заманғы геномдық бағалау әдісі жануар ДНҚ-сын зерттеп, оның тізбегіндегі нуклеотидтердің ауысуын анықтауды көздейді.

Қазіргі уақытта жергілікті тұқымдарды шетелдік коммерциялық тұқымдармен алмастыру немесе оларды жетілдіру үрдісі белең алуда. Осыған байланысты жергілікті тұқымдардың генетикалық әртүрлілігі, жергілікті жағдайларға бейімделу іздері мен тарихи байланыстар жөніндегі ақпарат геномдарында шифрланған күйінде қалып, зерттеліп үлгермей жойылып кету қаупі бар [3]. Екінші жағынан, жергілікті популяциялар коммерциялық тұқымдарды жетілдіру үшін бағалы генетикалық вариациялардың көзі бола алады [4, 5, 6].

Секвенирлеу – ірі қара мал популяцияларының генетикалық әртүрлілігін сипаттау және табиғи, әрі қолдан сұрыптау жағдайындағы геномдық аймақтарды анықтау үшін үлкен көлемде геномдық мәлімет берді [7, 8].

Жергілікті ІҚМ тұқымдары селекция жүргізу және жаңа тұқымдар шығару үшін бағалы генетикалық әлеуетке ие болуы мүмкін [6]. Қазақстан Республикасы үшін осындай тұқымдардың бірі – қазақтың ақбас тұқымы. Бұл тұқым 1930-1950 жылдар аралығында Қазақ КСР аумағында туран-монғолдық қазақ және қалмақ ірі қарасын герефордтармен будандастыру арқылы қалыптастырылған [9]. Бүгінгі таңда ол еліміздегі ең кең таралған ет бағытындағы ІҚМ тұқымдарының бірі. Қазақтың ақбас тұқымы Қазақстанда мамандандырылған етті мал шаруашылығының қалыптасуы мен дамуына үлкен үлес қосты және оны елдің көптеген аймақтарында табысты өсіруде [10].

Қолда бар әдебиеттерде жергілікті ІҚМ популяцияларына қатысты осындай зерттеулер кездеспейді. Алайда, қазақтың ақбас тұқымының тек Ресейдегі популяциясының құрылымын заманауи геномдық технологияларды қолдану арқылы

зерттеуге және олардың геномдарындағы сұрыптау іздерін іздеуге арналған жұмыстар бар [11-13]. Осы зерттеудің мақсаты – Қазақстан Республикасында өсірілетін қазақтың ақбас ірі қара малының геномын қайта секвенирлеу.

Материалдар және зерттеу әдістері. Зерттеу нысаны ретінде қазақтың ақбас ірі қара малының іріктемесі алынды. Бұл топ жасы мен жынысы бойынша теңестірілген, фенотиптік көрсеткіштері тұқым стандартына сәйкес құралды. Зерттеу үшін ең типтік эталондық бұқалардың қаны мен қыл үлгілері: «Әлем» ШҚ (Батыс Қазақстан облысы, Жәнібек ауданы, Жәнібек ауылы, n=12) және «Нарын» ШҚ (Батыс Қазақстан облысы, Бөкейорда ауданы, Бөрлі ауылы, n=15) жиналды.

ДНҚ бөлінуі «ДНҚ Экстран-2» («Синтол» ЖШС, Ресей) және «PureLink Genomic DNA Mini Kit» (Invitrogen, АҚШ) жинақтарының көмегімен жүзеге асырылды. ДНҚ сапасы 1%-дық агарозды геледе тексерілді. Концентрациясы Agilent Cary 60 спектрофотометрінде өлшенді. Секвенирлеуге дайындық VAHTS Universal DNA Library Prep Kit for MGI (Vazym) жинағы арқылы жүргізілді. Алынған кітапханалар пулдарының сапасын бақылау Qsep400 (BiOptic, Тайвань) жүйесі арқылы жүзеге асырылды, ал олардың сандық бағалауы Qubit2.0 құрылғысында HS dsDNA HS Assay (ThermoFisher Scientific) реактивтер жинағын қолдану арқылы жүргізілді.

Үлгілерді секвенирлеу DNBSEQ-G400 платформасында CPAs типі бойынша ұзындығы 150 ж.н. жұп ұшты секвенирлеу режимінде жүргізілді, бір үлгіге кемінде 9 ГБ дерек алынды.

Алынған секвенирлеу деректері келесі протокол бойынша талданды. Адаптерлік тізбегі бар немесе сапасы төмен тізбектер SOAPnuke (BGI әзірлеген) бағдарламалық жасақтамасының көмегімен сүзіліп алынды. Оқылымдарды ІҚМ эталонды геномымен сәйкестендіру BWA 0.7.17 бағдарламасы арқылы орындалды. ІҚМ геномының эталондық жинағы ретінде ARS-UCD2.0 (GCF_002263795.3) қолданылды. SamTools 1.19.2 бағдарламасы индекс жасау, сұрыптау және қайталанатын оқылымдарды жою үшін пайдаланылды. Нұсқаларды анықтау, олардың сапа бойынша фильтрациясы (DP шегі ≥ 20) және статистикалық талдауы Bcftools 1.13 бағдарламасы арқылы жүргізілді.

Зерттеу нәтижелері. Алғашқы алынған ДНҚ үлгілері агарозды геледегі электрофорез әдісімен деградация деңгейі бойынша бағаланды. ДНҚ концентрациясын анықтау үшін Agilent Cary 60 спектрофотометрі қолданылды. ДНҚ-ның орташа концентрациясы 82,5 ng/μl құрады, ал A260/A280 қатынасы 1,6 болды, бұл қайта секвенирлеу үшін жеткілікті көрсеткіш.

Секвенирлеу үшін cPAS (Combinatorial Probe-Anchor Synthesis) әдісі қолданылды, бұл cPAL (Combinatorial Probe-Anchor Ligation) секвенирлеу әдісінің модификацияланған түрі. Секвенирлеудің бастапқы кезеңінде DNB-ге секвенирлеу праймері (Ancor) жалғанды. Кейіннен төрт түрлі нуклеотид, әрқайсысы ерекше флуоресцентті маркермен таңбаланған, реакцияға қосылды. Нуклеотидтер инкорпорацияланғаннан кейін, реакциядан спецификалық емес қалдықтар жойылды. Флуоресцентті белгілер детекцияланып, кейін ажыратылып, ағынды ұяшық жуылды.

Алынған тізбектер бастапқы фильтрациядан өткізіліп, BWA 0.7.17 бағдарламасының көмегімен Ensembl Genome Browser [14] деректер қорындағы ARS-UCD1.2 (GCF_002263795.3) эталонды геномымен сәйкестендірілді. Геномдағы жұп негіздердің жалпы саны – 2 715 853 792. Кодтаушы гендер саны – 21 880, кодталмайтын гендер саны – 5 235. Сонымен қатар, жинақта 492 псевдоген анықталды.

Кесте 1 – Қазақтың ақбас тұқымды ірі қара малында анықталған полиморфты нұсқалардың сипаттамалық статистикасы

№ 5-5 үлгісі	Саны
Нұсқалардың жалпы саны	21742
SNP саны	20130
Делециялар/инсерциялар (indels) саны	1612

Көп аллельді нұсқалардың саны	49
Көп аллельді SNP саны	19
Транзициялар	12935
Трансверсиялар	7226
Транзициялар/трансверсиялар (Ts/Tv)	1.79
Транзициялар (қосымша нұсқалар жоқ)	12930
Трансверсиялар (қосымша нұсқалар жоқ)	7200
Транзициялар/трансверсиялар (қосымша нұсқалар жоқ)	1.80

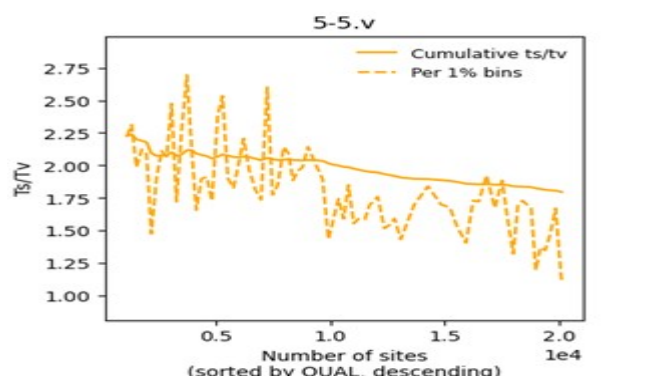
Референстік геноммен салыстырғанда барлығы 21 742 полиморфты нұсқа анықталды (1-кесте). Нұсқалардың басым бөлігі (92,59%) екіаллельді бірнуклеотидті полиморфизмдер (SNP) болды. Инсерция/делеция (InDels) нұсқалары 7,41%-ды құрады. Қазақтың ақбас тұқымына тән SNP-лерді болашақта тұқымдық сипаттамаларды зерттеуде қолданып, ал тұқымдар арасындағы туыстық деңгейі жалпы SNP саны бойынша анықталуы мүмкін.

Анықталған SNP сапасын бағалау үшін транзиция/трансверсия (Ts/Tv) қатынасы есептелді және ол 1,79-ға тең болды (1-кесте). Бұл мән ірі қара малдың әртүрлі тұқымдары бойынша жүргізілген алдыңғы зерттеулердің нәтижелерімен сәйкес келеді [15], бұл осы зерттеуде алынған SNP деректерінің жоғары сапасын көрсетеді.

1-суретте сапа бойынша сұрыпталған генетикалық нұсқалар үшін транзиция/трансверсия (Ts/Tv) қатынасын көрсететін график берілген. Графиктен транзиция/трансверсия қатынасы 1.0-ден 2.75-ке дейін өзгередіні көрінеді.

Графиктегі тұтас сызық (Cumulative Ts/Tv) сайттар санының артуына қарай жалпы Ts/Tv қатынасын көрсетеді. Бұл сызық бастапқыда шамамен 2.2 мәнінен басталып, біртіндеп төмендеп, 1.5-тен төмен деңгейде аяқталады, бұл сапа төмендеген сайын қатынастың да төмендейтінін көрсетеді.

Пунктирлі сызық (Per 1% bins) әр 1% сайт аралығындағы Ts/Tv қатынасын көрсетеді. Ол 1.0-ден 2.75-ке дейінгі аралықта тербеліс жасап, шыңдау мен төмендеу байқалады, бұл сапаға байланысты Ts/Tv қатынасының өзгергіштігін көрсетеді.



Сурет 1 – Нұсқалардың сапасына қарай сұрыпталған транзиция/трансверсия қатынасының графигі

Жоғары сапалы сайттарда (графиктің сол жақ бөлігі) Ts/Tv қатынасы жоғары, бұл күтілетін жағдай, өйткені транзициялар эволюциялық тұрғыдан жиі кездеседі және бейтарап болады. Ts/Tv қатынасы сапасы төмен сайттарға ауысқан сайын төмендейді, бұл әдетте сирек кездесетін және қателерге бейім трансверсиялар санының артуына байланысты болуы мүмкін.

Қорытынды. Біз жүргізген зерттеу барысында қазақтың ақбас тұқымды ірі қара малының толық геномдық қайта секвенирлеу әдісімен талдауы ұсынылды. Бұл үшін DNBSEQ-G400 платформасы қолданылды. Таңдалған секвенирлеу әдісі зерттелген ірі қара мал үлгілерінде 20 130 SNP және 1 612 InDels нұсқаларын анықтауға мүмкіндік берді.

Осылайша, қазақтың ақбас тұқымының геномын қайта секвенирлеу бұл тұқымды сақтау және ет бағытындағы мал шаруашылығын дамытуда маңызды рөл атқарады. Бұл зерттеу қазақтың ақбас тұқымды ірі қара малының негізгі шаруашылыққа пайдалы белгілерінің қалыптасуында жатқан генетикалық механизмдерді әрі қарай зерттеу үшін негіз болады. Сондай-ақ, ол тиісті генетикалық маркерлерді әзірлеуге мүмкіндік береді.

Алғыс. Бұл жұмыс Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігінің 2023-2025 жылдарға арналған гранттық қаржыландыру жобасы AP19680057 «Қайта секвенирлеу және транскриптомдық талдау әдісімен қазақтың ақбас тұқымды ірі қара малының шаруашылыққа пайдалы белгілерін және генофондының сипаттамасын зерттеу» (мемлекеттік тіркеу нөмірі: 0123PK00236) аясында орындалды.

ӘДЕБИТТЕР ТІЗІМІ

1. 1 Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium. The genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution [Text] / Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium // Science. – 2009. – V. 324(5926). – P. 522-528. doi: 10.1126/science.1169588.
2. Shen, R. High-throughput SNP genotyping on universal bead arrays [Text] / R. Shen, J.B. Fan, D. Campbell, et al. // Mutation Research. – 2005. – V. 573(1-2). – P. 70-82. doi: 10.1016/j.mrfmmm.2004.07.022.
3. Gaouar, S.B. Admixture and local breed marginalization threaten Algerian sheep diversity [Text] / S.B. Gaouar, A. Da Silva, E. Ciani, et al. // PLoS One. – 2015. – V. 10(4). – P. e0122667-1- e0122667-13. doi: 10.1371/journal.pone.0122667.
4. Gao, Y. Single Cas9 nickase induced generation of NRAMP1 knockin cattle with reduced off-target effects [Text] / Y. Gao, H. Wu, Y. Wang, et al. // Genome Biol. – 2017. – V. 18(1). – P. 13-1-13-15. doi: 10.1186/s13059-016-1144-4.
5. Beynon, S.E. Population structure and history of the Welsh sheep breeds determined by whole genome genotyping [Text] / S.E. Beynon, G.T. Slavov, M. Farré, et al. // BMC Genet. – 2015. – V. 16. – P. 65-1-65-15. doi: 10.1186/s12863-015-0216-x.
6. Kantanen, J. Utilization of farm animal genetic resources in a changing agro-ecological environment in the Nordic countries [Text] / J. Kantanen, P. Lovendahl, E. Strandberg, et al. // Front. Genet. – 2015. – V. 6. – P. 52-1-52-9. doi: 10.3389/fgene.2015.00052.
7. Chen, N. BGVD: An Integrated Database for Bovine Sequencing Variations and Selective Signatures [Text] / N. Chen, W. Fu, J. Zhao, et al. // Genomics Proteomics Bioinformatics. - 2020. - V. 18(2). - P. 186-193. doi: 10.1016/j.gpb.2019.03.007.
8. van Binsbergen, R. Genomic prediction using imputed whole-genome sequence data in Holstein Friesian cattle [Text] / R. van Binsbergen, M.P. Calus, M.C. Bink, et al. // Genet. Sel. Evol. - 2015. - V. 47. - P. 71-1-71-13. doi: 10.1186/s12711-015-0149-x.
9. Dmitriev, N.G. Animal genetics resources of the USSR [Text] / N.G. Dmitriev, L.K. Ernst // Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy. - 1989. - <http://www.fao.org/docrep/009/ah759e/ah759e00.html>.
10. Омбаев, А.М. Современные тенденции развития аграрной науки Казахстана в области животноводства [Текст] / А.М. Омбаев // Известия Национальной академии наук Республики Казахстан. - 2013. - № 6. - С. 3-18.
11. Yudin, N.S. Population structure and phylogeny of the Russian cattle breeds determined by whole genome genotyping [Text] / N.S. Yudin, A. Yurchenko, R. Aitnazarov, A. Plyusnina, D.M. Larkin // Plant & Animal Genome XXV (PAGXXV). - 2017. – P. 1069.
12. Igoshin, A. Genome-wide association study for body temperature maintenance under the cold stress in Siberian cattle [Text] / A. Igoshin, N. Belonogova, A. Yurchenko, Yudin N., et al. // 11-ая Международная конференция по биоинформатике регуляции и структуры геномов и системной биологии. – 2018. - 10.18699/BGRSSB-2018-183.
13. Yurchenko, A.A. Scans for signatures of selection in Russian cattle breed genomes reveal new candidate genes for environmental adaptation and acclimation [Text] / A.A.

Yurchenko, H.D. Daetwyler, N. Yudin, et al. // Sci Rep. - 2018. – V. 8. – P. 12984-1-12984-16. doi: 10.1038/s41598-018-31304-w.

14. Martin, F.J. Ensembl [Text] / F.J. Martin, M.R.Amode, A. Aneja, et al. // Nucleic Acids Res. – 2023. – V. 51(D1). – P. D933-D941. doi:10.1093/nar/gkac958.

15. Das, A. Deep sequencing of Danish Holstein dairy cattle for variant detection and insight into potential loss-of-function variants in protein coding genes [Text] / A. Das, F. Panitz, V.R. Gregersen, et al. // BMC genomics. - 2015. – V. 16(1). – P. 1-12. doi: 10.1186/s12864-015-2249-y.

REFERENCES

1. 1 Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium. The genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution [Text] / Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium // Science. – 2009. – V. 324(5926). – P. 522-528. doi: 10.1126/science.1169588.

2. Shen, R. High-throughput SNP genotyping on universal bead arrays [Text] / R. Shen, J.B. Fan, D. Campbell, et al. // Mutation Research. – 2005. – V. 573(1-2). – P. 70-82. doi: 10.1016/j.mrfmmm.2004.07.022.

3. Gaouar, S.B. Admixture and local breed marginalization threaten Algerian sheep diversity [Text] / S.B. Gaouar, A. Da Silva, E. Ciani, et al. // PLoS One. – 2015. – V. 10(4). – P. e0122667-1- e0122667-13. doi: 10.1371/journal.pone.0122667.

4. Gao, Y. Single Cas9 nickase induced generation of NRAMP1 knockin cattle with reduced off-target effects [Text] / Y. Gao, H. Wu, Y. Wang, et al. // Genome Biol. – 2017. – V. 18(1). – P. 13-1-13-15. doi: 10.1186/s13059-016-1144-4.

5. Beynon, S.E. Population structure and history of the Welsh sheep breeds determined by whole genome genotyping [Text] / S.E. Beynon, G.T. Slavov, M. Farré, et al. // BMC Genet. – 2015. – V. 16. – P. 65-1-65-15. doi: 10.1186/s12863-015-0216-x.

6. Kantanen, J. Utilization of farm animal genetic resources in a changing agro-ecological environment in the Nordic countries [Text] / J. Kantanen, P. Lovendahl, E. Strandberg, et al. // Front. Genet. – 2015. – V. 6. – P. 52-1-52-9. doi: 10.3389/fgene.2015.00052.

7. Chen, N. BGVD: An Integrated Database for Bovine Sequencing Variations and Selective Signatures [Text] / N. Chen, W. Fu, J. Zhao, et al. // Genomics Proteomics Bioinformatics. - 2020. - V. 18(2). - P. 186-193. doi: 10.1016/j.gpb.2019.03.007.

8. van Binsbergen, R. Genomic prediction using imputed whole-genome sequence data in Holstein Friesian cattle [Text] / R. van Binsbergen, M.P. Calus, M.C. Bink, et al. // Genet. Sel. Evol. - 2015. - V. 47. - P. 71-1-71-13. doi: 10.1186/s12711-015-0149-x.

9. Dmitriev, N.G. Animal genetics resources of the USSR [Text] / N.G. Dmitriev, L.K. Ernst // Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy. - 1989. - <http://www.fao.org/docrep/009/ah759e/ah759e00.html>.

10. Ombaev, A.M. Sovremennye tendencii razvitiya agrarnoj nauki Kazahstana v oblasti zhivotnovodstva [Tekst] / A.M. Ombaev // Izvestiya Nacional'noj akademii nauk Respubliki Kazahstan. - 2013. - № 6. - S. 3-18.

11. Yudin, N.S. Population structure and phylogeny of the Russian cattle breeds determined by whole genome genotyping [Text] / N.S. Yudin, A. Yurchenko, R. Aitnazarov, A. Plyusnina, D.M. Larkin // Plant & Animal Genome XXV (PAGXXV). - 2017. – P. 1069.

12. Igoshin, A. Genome-wide association study for body temperature maintenance under the cold stress in Siberian cattle [Text] / A. Igoshin, N. Belonogova, A. Yurchenko, Yudin N., et al. // 11-aya Mezhdunarodnaya konferenciya po bioinformatike regulyacii i strukture genomov i sistemnoj biologii. – 2018. - 10.18699/BGRSSB-2018-183.

13. Yurchenko, A.A. Scans for signatures of selection in Russian cattle breed genomes reveal new candidate genes for environmental adaptation and acclimation [Text] / A.A. Yurchenko, H.D. Daetwyler, N. Yudin, et al. // Sci Rep. - 2018. – V. 8. – P. 12984-1-12984-16. doi: 10.1038/s41598-018-31304-w.

14. Martin, F.J. Ensembl [Text] / F.J. Martin, M.R.Amode, A. Aneja, et al. // *Nucleic Acids Res.* – 2023. – V. 51(D1). – P. D933-D941. doi:10.1093/nar/gkac958.
15. Das, A. Deep sequencing of Danish Holstein dairy cattle for variant detection and insight into potential loss-of-function variants in protein coding genes [Text] / A. Das, F. Panitz, V.R. Gregersen, et al. // *BMC genomics.* - 2015. – V. 16(1). – P. 1-12. doi: 10.1186/s12864-015-2249-y.

РЕЗЮМЕ

В статье представлена первая характеристика генома крупного рогатого скота казахской белоголовой породы, полученная в результате полного геномного секвенирования в Казахстане. От эталонных быков казахской белоголовой породы были собраны пробы крови и волосных луковиц. ДНК выделяли коммерческими наборами ДНК Экстран-2» (ООО «Синтол», Россия) и «PureLink Genomic DNA Mini Kit» (Invitrogen, США). Качественную оценку ДНК проводили с помощью агарозного гель-электрофореза, а количественную оценку - на спектрофотометре Agilent Cary 60. Образцы секвенировали по типу cPAS на платформе DNBSEQ-G400 в режиме парных концов с длиной чтения 150 п.н., генерируя не менее 9 Гб данных на образец. С использованием программы BWA 0.7.17 геном казахской белоголовой породы сопоставляли с последней доступной эталонной последовательностью *Bos taurus* ARS-UCD2.0 (GCF_002263795.3). В геноме было идентифицировано 21 742 полиморфных варианта, соотношение транзиций/трансверсий составило 1,79. Таким образом, ресеквенирование генома казахской белоголовой породы играет важную роль в развитии мясного скотоводства и сохранении генофонда этой породы. Результаты данной работы предоставляют базу для дальнейших исследований генетических механизмов, лежащих в основе формирования ключевых хозяйственно-полезных признаков казахской белоголовой породы крупного рогатого скота, а также для разработки соответствующих генетических маркеров.

УДК: 636.082.22

МРНТИ 68.39.13

Елеугалиева Н. Ж., кандидат сельскохозяйственных наук, <https://orcid.org/0000-0002-3845-9031>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана, 51, 090009, Казахстан nur_el70@mail.ru

Yeleugaliyeva N. Zh., Candidate of Agricultural Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-3845-9031>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, nur_el70@mail.ru

КАЧЕСТВО МЯСА И КУРДЮКА МОЛОДНЯКА ЭДИЛЬБАЕВСКОЙ ПОРОДЫ ПРИУРАЛЬЯ

QUALITY OF MEAT AND FAT TAIL OF YOUNG ANIMALS OF THE EDILBAEV BREED IN THE URALS REGION

АННОТАЦИЯ

Последние годы в Казахстане наблюдается большой интерес к эдильбаевским овцам как источнику получения молодой баранины при низкой затрате средств. Учитывая это нами проведены исследования мясных качеств молодняка породы на родине выведения в Западно-Казахстанской области, Жангалинском районе. Исследованиями установлены,