

Almaty region, Karasay district, 040909, Almalybak village, 1 Yerlepessov Str., tel.: +7-747-133-77-95, e-mail: kunyipyayeva_gulya@mail.ru.

Kunyipyayeva Gulya Tleuzhankyzy – Candidate of Agricultural Sciences, Senior Researcher of the "Agriculture" laboratory, Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing, Republic of Kazakhstan, Almaty region, Karasay district, 040909, Almalybak village, 1 Yerlepessov Str., tel.: +7-747-133-77-95, e-mail: kunyipyayeva_gulya@mail.ru.

Zhapparova Aigul Absultanovna* – Candidate of Agricultural Sciences, Professor of the Department of soil science, agricultural chemistry and ecology, Kazakh National Agrarian Research University NJSC, Republic of Kazakhstan, 050010, Almaty, 8 Abai Ave., tel.: +7-707-746-00-60, e-mail: aigul7171@inbox.ru.

Yesseyeva Gainiya Kalimzhanovna – Candidate of Agricultural Sciences, Professor, M. Dulatov Kostanay University of Engineering and Economics, Republic of Kazakhstan, 110000, Kostanay, 59 Chernyshevskiy Str., tel.: +7-707-896-52-89, e-mail: gainia@mail.ru.

XFTAP 34.23.23, 34.23.59

ӨОЖ 575.175

<https://doi.org/10.52269/RWEP2521114>

ТОЛЫҚГЕНОМДЫ SNP КӨМЕГІМЕН ҚАЗАҚ ТАЗЫ ИТ ТҰҚЫМЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘРТҮРЛІЛІГІН ЗЕРТТЕУ

Зекен Д.* – студент, Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Биология және биотехнология факультеті, Алматы қ., Қазақстан Республикасы.

Ержан А. – магистр, кіші ғылыми қызметкер, молекулалық генетика зертханасы, Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитеті «Генетика және физиология институты» Республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Алматы қ., Қазақстан Республикасы.

Ерғали Қ. – магистр, кіші ғылыми қызметкер, молекулалық генетика зертханасы, Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитеті «Генетика және физиология институты» Республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Алматы қ., Қазақстан Республикасы.

Бекманов Б.О. – биология ғылымдарының кандидаты, профессор, жетекші ғылыми қызметкер, молекулалық генетика зертханасы, Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитеті «Генетика және физиология институты» Республикалық мемлекеттік кәсіпорны, Алматы қ., Қазақстан Республикасы.

Қазақтың Тазы ит тұқымы ерекше морфологиялық сипатымен және бірегей мінез-қылығымен ерекшеленетін ит тұқымы. Тазы биологиялық ерекшеліктерімен бірге қазақ халқының мәдени-тарихи дәстүрінде де ерекше орын алып, ұлттық құндылықтың бірі ретінде ресми танылған. Тарихқа көз жүгіртсек, Тазы иті аңшылық өмірдің ажырамас бөлігі бола отырып, қазақ халқының көшпелі өмір салтында шешуші рөл атқарған. Қазақ халқында «жеті қазына» деген ұғым бар және осы жеті қазына құрамына Тазы итінің де кіруі оның мәртебесінің жоғары екенін көрсетеді. Бұған дейін қазақтың Тазы ит тұқымы мен басқа тазы тұқымды иттер арасындағы генетикалық туыстыққа баға берілген болатын. Осы зерттеуде бұл талдау кеңейтіліп, Тазы ит тұқымының аңшылық иттердің кең ауқымдағы тұқымдарымен генетикалық байланысын бағалауға бағытталды. Зерттеуге қазақтың Тазы ит тұқымына жататын 39 өкілі, 16 әртүрлі аңшылық мақсаттағы 471 ит тұқымы, сондай-ақ салыстыру мақсатында сұр қасқырдың (*Canis lupus*) 18 үлгісіне жүргізілген толық геномдык SNP мәліметтері қолданылды. Алынған нәтижелер қазақтың Тазы ит тұқымының шығыс тазыларымен, атап айтқанда Арабтың салюгі мен Ауған тазылары арасында генетикалық байланыстың болатындығын, сондай-ақ оның басқа ит тұқымдарынан генетикалық оқшауланғанын көрсетті және бұрын анықталған мәліметтерді растады. Сонымен қатар, филогенетикалық талдау Тазы иті мен Басенджи тұқымының арасында байланыс болатындығын көрсетті. Бұл олардың арасында генетикалық байланыстың ежелден екендігін көрсетеді. Алынған нәтижелер аңшылық мақсаттағы ит тұқымдарының филогенетикалық тарихы туралы түсінікті кеңейтіп, Тазы ит тұқымының бірегей мәдени және генетикалық мұра ретіндегі құндылығын тағы да атап көрсетеді.

Түйінді сөздер: Тазы, SNP, геном, филогенетикалық шежіре, PCA.

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КАЗАХСКОЙ ПОРОДЫ ТАЗЫ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДАННЫХ ПОЛНОГО ГЕНОМА SNP

Зекен Д.* – студент, факультет биологии и биотехнологии, Казахский Национальный Университет имени Аль-Фараби, г. Алматы, Республика Казахстан.

Ержан А. – магистр, младший научный сотрудник, лаборатория молекулярной генетики Республиканского Государственного предприятия «Институт генетики и физиологии» Комитета Науки Министерства науки и высшего образования РК, г. Алматы, Республика Казахстан.

Ергали К. – магистр, младший научный сотрудник, лаборатория молекулярной генетики Республиканского Государственного предприятия «Институт генетики и физиологии» Комитета Науки Министерства науки и высшего образования РК, г. Алматы, Республика Казахстан.

Бекманов Б.О. – кандидат биологических наук, профессор, ведущий научный сотрудник, лаборатория молекулярной генетики Республиканского Государственного предприятия «Институт генетики и физиологии» Комитета Науки Министерства науки и высшего образования РК, г. Алматы, Республика Казахстан.

Казахская порода Тазы представляет собой уникальную породу собак, характеризующуюся специфическими морфологическими признаками и поведенческими чертами. Помимо биологических особенностей, Тазы занимает особое место в культурной и исторической традиции казахского народа и официально признана элементом национального наследия. Исторически она играла ключевую роль в кочевом образе жизни казахов, выступая неотъемлемым участником охотничьего быта. В традиционной казахской системе ценностей, обозначаемой как «семь сокровищ», включение Тазы подчеркивает её высокий социокультурный статус. Ранее была дана оценка генетических взаимоотношений казахской породы Тазы с борзыми породами. В настоящей работе данный анализ был расширен и направлен на оценку генетических связей Тазы с более широким спектром охотничьих пород собак. В исследование были включены данные полногеномного SNP-типирования 39 представителей казахской породы Тазы, 471 собаки из 16 различных охотничьих пород, а также 18 образцов серого волка (*Canis lupus*), использованного в качестве внешней группы. Полученные результаты подтвердили ранее установленные данные о генетическом родстве казахской породы Тазы с восточными борзыми, в частности с арабским салюки и афганской борзой, а также о её генетической обособленности от других пород. Кроме того, филогенетический анализ выявил тесную связь Тазы с породой басенджи, что указывает на древнее происхождение данной генетической линии. Полученные результаты расширяют представление о филогенетической истории охотничьих пород и в очередной раз подчёркивают ценность Тазы как уникального культурного и генетического наследия.

Ключевые слова: Тазы, SNP, геном, филогенетическая древа, PCA.

STUDY OF THE GENETIC DIVERSITY OF THE KAZAKH TAZY DOG BREED USING WHOLE-GENOME SNP DATA

Zeken D.* – Student, Faculty Biology and Biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Yerzhan A. – Master, Junior Researcher, Molecular Genetics Laboratory, Republican State Enterprise “Institute of Genetics and Physiology” of the Science Committee, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Yergali K. – Master, Junior Researcher of the Molecular Genetics Laboratory, Republican State Enterprise “Institute of Genetics and Physiology” of the Science Committee, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Bekmanov B.O. – Candidate of Biological Sciences, Professor, Leading Researcher of the Molecular Genetics Laboratory, Republican State Enterprise “Institute of Genetics and Physiology” of the Science Committee, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Republic of Kazakhstan.

The Kazakh Tazy is a unique breed of dog characterized by its special morphological features and behavior. In addition to its biological characteristics, the Tazy occupies a special place in the cultural and historical heritage of the Kazakh people and has been officially recognized as part of the national heritage. Historically, it played an important role in the nomadic lifestyle of life of the Kazakhs and was an indispensable companion in traditional hunting. Within the traditional Kazakh value system known as the “Seven Treasures”, the inclusion of the Tazy emphasizes its high socio-cultural status. Previous studies have examined the genetic relationships between the Kazakh Tazy and other sight hound breeds. In this study, analysis was extended to examine the genetic relationship of the Tazy with a wider range of hunting dog breeds. The dataset included whole-genome SNP genotyping results from 39 Kazakh Tazy dogs, 471 dogs representing 16 different hunting dog breeds, and 18 gray wolves (*Canis lupus*) that served as an outgroup. The results confirmed earlier findings indicating a close genetic relationship between the Kazakh Tazy and the eastern sighthounds, the Arabian Saluki and the Afghan Hound, while also confirming the breed’s genetic distinction from other breeds. In addition, phylogenetic analysis revealed a remarkable genetic relationship between the Tazy and the Basenji, suggesting an ancient origin of this lineage. These results contribute to a deeper understanding of the

phylogenetic history of hunting dog breeds and demonstrate once again the importance of the Tazy as a unique cultural and genetic heritage.

Key words: *Tazy, SNP, genome, phylogenetic tree, PCA.*

Қысқашы. Адамның қолға үйреткен жануарларының ішінде алғашқыларының бірі болып ит (*Canis familiaris*) есептеледі және ол адамзат өмірінде маңызды рөлді атқарады [1, 992 б.]. Көшпенді өмір салты арқылы мал шаруашылығымен айналысқан Қазақ халқының тарихында да ит өте үлкен маңызға ие. Қазақ аңшылық мақсатта Тазы ит тұқымын өзіне серік еткен [2, 318 б., 3, 17 б.]. Тазы ит тұқымы қазірдің өзінде Қазақстан аймағында осы иттің жанашырлары және жанкүйерлері арқылы өсірілуде. Тазы ит тұқымы жалпы Қазақ халқының ұлттық құндылықтарының біріне жатады. Бәрімізге белгілі ұлттық мәдениет, салт-дәстүр, қоғамдағы тұрақтылық және елдің рухани тұтастығын айқындайтын ұлттық болмыс осы ұлттық құндылықтардың арқасында сақталып отырады. Ұлттық құндылықтарды дәріптеу, сақтау, зерделеу және ұрпақтан-ұрпаққа жеткізу кез-келген мемлекеттің басты ұстанымы болуы қажет. Осы орайда Тазы ит тұқымын ғылыми тұрғыдан зерттеу, сипаттау және сақтау өзекті мәселелердің біріне жатады.

Қазіргі кезде жануарлар тұқымының әртүрлілігін генетикалық сипаттағанда SNP-маркерлерін (*Single Nucleotide Polymorphism*) қолданады [4, 177 б.]. Толықгеномының ішіндегі SNP-маркерлердің жиынтығын қолдана отырып генотиптеу арқылы зерттелетін организмнің популяциялық-тұқымдық сипатын анықтауға, тұқымның генетикалық әртүрлілігін және құрылымын сипаттауға, басқа тұқымдардан генетикалық айырмашылығы мен ұқсастықтарын табуға, ондағы аурулардың дамуына жауапты кандидат гендерді болжауға мүмкіндік ашылады [5, 928 б., 6, 68 б.]. Осыған байланысты, бұл жұмыстағы негізгі мақсат толықгеномдық SNP-маркерлерін пайдалана отырып, қазақтың Тазы ит тұқымының SNP мәліметтерін геномдық дерекқорда бар басқа да аңшылық мақсатта қолданатын ит тұқымдарымен салыстыра отырып талдаулар жүргізу. Осыған орай зерттеу жұмысының негізгі міндеттері, дерекқордан әртүрлі ит тұқымдарына жататын SNP мәліметтерін жүктеу және оларға «сапалық бақылау» жүргізу және зерттеу үлгілерінің генетикалық айырмашылықтары мен ұқсастықтарын филогенетикалық талдау. Бұл жұмыстың нәтижесінде алынған мәліметтер Тазы ит тұқымын жақсартуға, сақтауға және халықаралық деңгейде танылуына көмектеседі. Сондай-ақ, еліміздегі ұлттық құндылықтардың бірі болып есептелетін қазақтың Тазы ит тұқымына деген оң көзқарасты қалыптастыру және өскелең ұрпаққа оның маңыздылығын дәріптеу мәселелеріне қол жеткізуге болады.

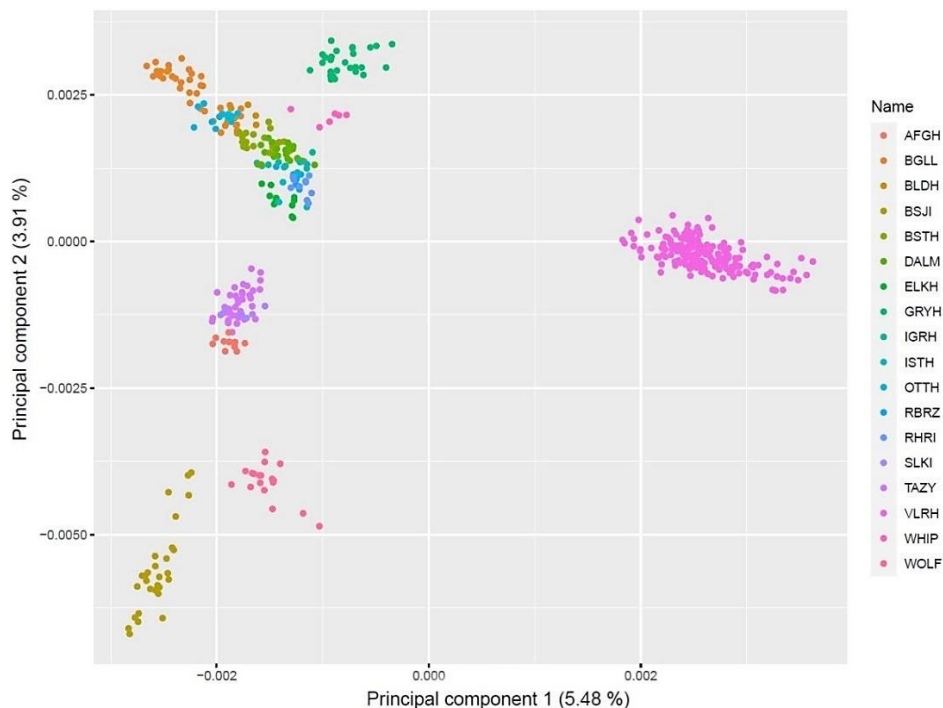
Зерттеу материалдары мен әдістері. Зерттеу материалдары ретінде қазақтың Тазы ит тұқымына жататын 39 өкілі *Open Science Framework* қорынан ([doi:10.17605/OSF.IO/5SHWU](https://doi.org/10.17605/OSF.IO/5SHWU), <https://osf.io/5shwu/>), 471 әртүрлі ит тұқымдарына жататын өкілдер және 18 сұр қасқыр SNP деректері *Dryad* репозиторийінен жүктелді ([doi:10.5061/dryad.v9t5h](https://doi.org/10.5061/dryad.v9t5h), <https://datadryad.org/dataset/doi:10.5061/dryad.v9t5h>). Ары қарай SNP деректері біріктіріліп, бір жүйеге жинақталды. Талдауға алынған ит тұқымдары: Басенджи, Араб салюги, Ауған тазысы, Бассетхаунд, Блодхаунд, Оттерхаунд, Бигль, Далматин, Родезиялық Риджбек, Истриандық тазы, Элкхаунд, Борзой (Орыс тазысы), Италияндық грейхаунд, Уиппет, Грейхаунд, Ирландық бөрібасар және сұр қасқыр. Зерттеудегі үлгілердің жалпы саны, сұр қасқырды есептегенде 528 болды. Айта кету керек, мұндағы Тазы ит тұқымына жататын 39 үлгі ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты» 2021-2023 жылдарға арналған гранттық қаржыландыру бойынша жүзеге асырылған ғылыми-зерттеу жобасы аясында жиналған материалдар. Мұндағы SNP мәліметтері 172,115 SNP-маркерлерді құрайды [7, e0282041].

SNP мәліметтерінің алғашқы сапалық бақылауы. Зерттеуге іріктелген үлгілердің SNP мәліметтері келесі ретте *PLINK 1.09* бағдарламасын қолдану арқылы алғашқы өңдеулерден өткізілді [8, 559 б.]. Алғашқы өңдеулер *.map* және *.ped* форматында болған он төрт файлға жүргізілді. Өңдеуде *--geno* опциясы қолданылды және негізгі мәні 0.05 болды. Деректерді талдаудың келесі қадамы ретінде *--mind* опциясы пайдаланылды. Мұндағы мән 0.01 құрады және бұл зерттеу үлгілерінде 10%-дан астам жетіспейтін генотиптерді алып тастауды білдіреді. Келесі реттегі өңдеуде *--maf* (0.05) және Харди-Вайнберг тепе-теңдігін ретке келтіретін *--hwe* (0,001) опциясы пайдаланылды. Сапалық бақылаудан өткен 528 үлгілердегі іріктелген SNP мәліметтері 12,915 тең болды. Нәтижелерді визуализациялау *RStudio* және филогенетикалық шежіре *Figtree v.1.4.4* бағдарламасы көмегімен жүзеге асырылды [9].

Зерттеу нәтижелері және оларды талқылау.

Кеңгеномды SNP мәліметтерін қолдану бойынша талдау әдістері түрлер арасындағы генетикалық әртүрлілікті анықтаудың маңызды құралы болып табылады және қысқа, ұзақ мерзімді эволюциялық өзгерістердің негізіндегі мәліметтерді бағалау және сипаттауда пайдаланылады. Қазіргі кезде кеңгеномды SNP мәліметтері арқылы жүзеге асырылып жатқан ғылыми жұмыстар және олардың нәтижелілігі барлық тірі организмдерге жүргізілуде [10, 601 б., 11, 2349 б., 12, 1468 б.]. Әсіресе, ол ауыл шаруашылығы малдарына, мәдени өсімдіктерге, соның ішінде ит тұқымдарына да қолданылуда. Осыған байланысты, бұл ғылыми-зерттеу жұмысында қазақтың Тазы ит тұқымының генетикалық ерекшелігі мен әртүрлілігін бағалау және сипаттау мақсатында аталған ит тұқымының SNP мәліметтерін қолдану арқылы және одан бөлек аңшылық мақсатта қолданылатын 16 ит тұқымының

SNP мәліметтерін қолжетімді қорлардан жүктеу арқылы өзара салыстыру қарастырылған. Талдау негізгі компоненттерді талдау (*principal component analysis*, PCA) әдісі, сонымен қатар филогенетикалық шежіре құру арқылы жүзеге асырылды. Алынған үлгілерге толықтай сипаттама берейік. Зерттеуге тазы ит тұқымы деп танылған 39 дара және 16 тұқымға жататын жалпы саны 471 үлгі және 18 сұр қасқыр іріктеліп алынды. Келесі ретте осы үлгілерге талдаулар жүргізілді. Зерттеудегі ит тұқымдарының арасындағы генетикалық ұқсастықтар мен айырмашылықтарды көрсететін нәтиже төмендегі суретте көрсетілген (сурет 1).



Сурет 1 – Зерттеудегі 16 ит тұқымы және сұр қасқырдың генетикалық байланысын көрсететін PCA талдау нәтижесі

Белгілеулер: AFGH – Ауған тазысы; BGLL – Бигль; BLDH – Блодхаунд; BSJI – Басенджи; BSTH – Бассетхаунд; DALM – Далматин; ELKH – Элкхаунд; GRYH – Грейхаунд; IGRH – Италиялық грейхаунд; ISTH – Истриандық тазы; OTTH – Оттерхаунд; RBRZ – Борзой (Орыс тазысы); RHRI – Родезиялық Риджбек; SLKI – Араб салюги; TAZY – Қазақ тазысы; VLRH – Ирландық бөрібасар; WHIP – Уиппет; WOLF – Сұр қасқыр.

Мұндағы PCA графигінде ит тұқымдарының кеңістікте шашыру принципі арқылы бір-бірімен айырмашылықтар мен ұқсастықтары көрсетілген. Негізінен PCA талдауы зерттелетін үлгілердің кластерге бірігу заңдылықтарына сүйене отырып көрсетіледі және үлгілердің арасындағы байланыстар туралы толық мәлімет алуға болады (сурет 1). 1-ші суреттен көріп тұрғанымыздай, зерттеуге алған ит тұқымдарын бірнеше кластерге жіктеуге болады. Мысалы, біздегі негізгі зерттеу объектісі ретінде алынған қазақтың Тазы ит тұқымы арабтың салюги мен ауғанның тазы ит тұқымдарымен бірігіп бір кластер құрып тұр [7, e0282041]. Одан бөлек, жалпы ит тұқымдарының ішінде Ирландық бөрібасар ит тұқымы басқа ит тұқымдарымен араласпай жеке кластерге жіктелді. Ал, Басенджи ит тұқымы мен сұр қасқыр бір кластерге бірікті (сурет 1). Бұл аталған ит тұқымы мен сұр қасқырдың бір-біріне жақындығын көрсетеді. Мәліметтер бойынша Басенджи ит тұқымы ежелгі иттер, яғни олардың ата-тегі Ежелгі Египеттің Конго тайпаларының аңшы иттерінен шыққан деп есептеледі [10, 188 б.]. Бұл иттер қазірдің өзінде өздерінің өткір көру қабілетімен және тамаша иіс сезімімен танымал [10, 188 б.]. Зерттеудегі басқа ит тұқымдары төртінші кластерге жіктеліп отыр.

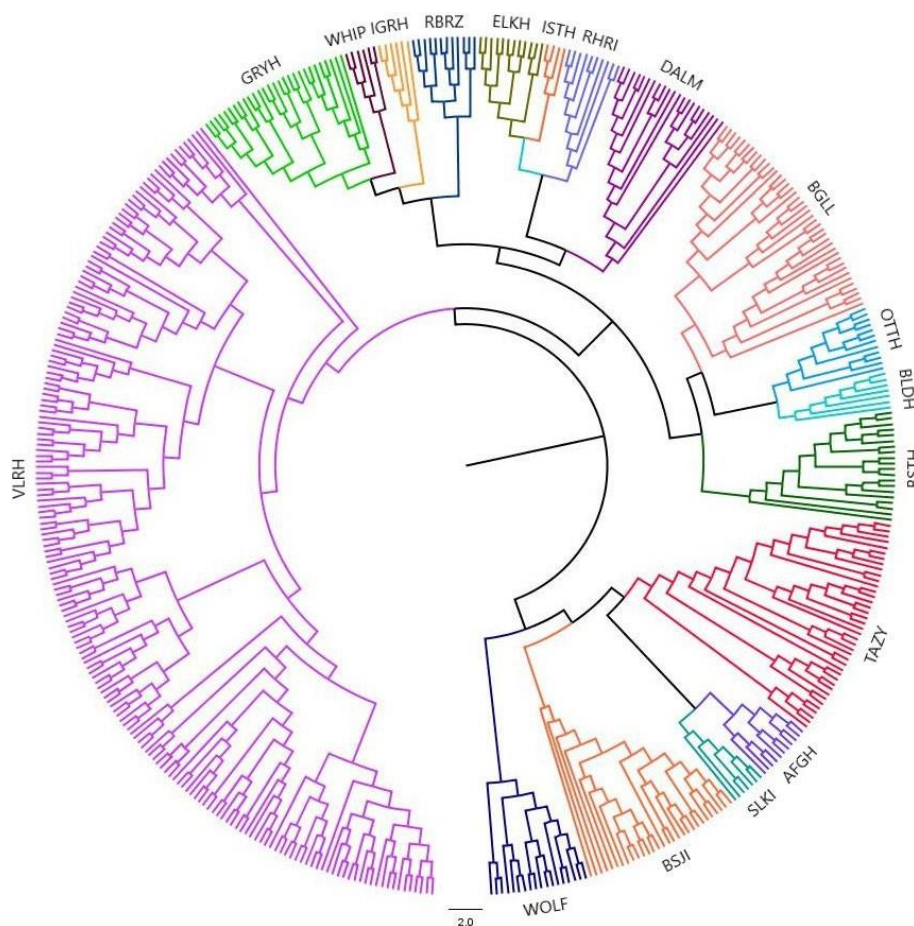
Негізгі компоненттерді талдаудағы бірінші вариация 5,45% және екінші вариациясы бойынша 3,91% мәндеріне тең болды. PCA мәліметтерінен Грейхаунд, Уиппет, Италиялық грейхаунд, Орыс тазысы, Элкхаунд, Истриандық тазы және Далматин ит тұқымдары бір кластерге жіктеліп отыр. Сондай-ақ, бұл кластердің ішінде қосымша екі топтамаға жіктелгенін көруге болады. Мысалы, Грейхаунд, Уиппет, Италиялық грейхаунд және Орыс тазысы бір топта бола отырып, өздерінің бір-біріне жақын екендігін көрсетіп тұр. Айта кету керек, зерттеудегі барлық ит тұқымдары (Тазы ит тұқымынан басқасы) халықаралық кинологиялық федерация (*Federation Cynologique Internationale*, FCI) құрамына тіркелген.

Келесі реттегі талдауға қазақтың Тазы ит тұқымынан бөлек сұр қасқыр және 16 ит тұқымы іріктеліп алынды. Бұл іріктелген ит тұқымдарының барлығы негізінен «аңшылық мақсаттағы» ит тұқымдарына жатады. Ары қарай, генетикалық және эволюциялық байланыстарды одан әрі талдау үшін геном

бойынша алынған SNP мәліметтерін пайдалана отырып және *Figtree v1.4.4* бағдарламасының көмегімен филогенетикалық шежіре құрастырылды. Бұл мақсатта жоғарыдағы PCA талдауында қолданылған SNP мәліметтері пайдаланылды. Бұл шежіре Тазы ит тұқымы мен сұр қасқыр және басқа ит тұқымдары арасындағы генетикалық қашықтықты көрнекі түрде көрсетіп тұр (сурет 2). Шежіренің басында сұр қасқыр кластері орналасқан. Онан кейін ежелгі ит тұқымына жататын Басенджи орналасқан. Сонан кейін Араб салюгі мен Ауған тазысы бір-біріне жақын орналасқан және одан кейін ғана қазақ Тазысы осы кластерге бірігіп бір топты құрап тұр (сурет 2).

Шежіренің жалпылама сипатына қарайтын болсақ, мұнда анық бөлінген үш топтағы кластерді байқауға болады. Олар сұр қасқыр, Басенджи, Араб салюгі, Ауған тазысы және қазақтың Тазы ит тұқымы бір топтамаға бірігіп тұр. Бұл мәлімет келесі ретте аталған ит тұқымдарының ежелгі ит тұқымына жататындығын және Жер бетіндегі жалпы ит тұқымдарының «арғы тегі» ретінде қарастырылатын сұр қасқырға жақындығын көрсетеді. Бұл өз кезегінде қазақтың Тазы ит тұқымын ежелгі ит тұқымдарының қатарына жатқызуға болатын тұжырымдаманы дәлелдейді. Яғни, әдебиет беттерінде Тазы ит тұқымын Оңтүстік Қазақстан аймағында табылған петроглифтердегі көптеген бейнелер негізінде біздің дәуірімізге дейінгі X-XII ғасырға жатқызады [2, 318 б., 3, 15 б.]

Филогенетикалық шежіре құрылымда Тазы ит тұқымымен бірге Ауған тазысы және Араб салюгі бір тармаққа біріккенін байқауға болады (сурет 2). Бұл мәліметтен қазақтың Тазы ит тұқымы мен Ауған тазысы және Араб салюгі ит тұқымдарының арасында эволюциялық шығу тегі бойынша байланыстың болатындығын дәлелдейді.



Сурет 2 – Тазы ит тұқымы, сұр қасқыр және басқа 16 ит тұқымдарымен салыстырмалы филогенетикалық шежіре

Белгілеулер: WOLF – Сұр қасқыр; BSJI – Басенджи; SLKI – Араб салюгі; AFGH – Ауған тазысы; TAZY – Қазақ тазысы; BSTH – Бассетхаунд; BLDH – Блэдхаунд; OTTH – Оттерхаунд; BGLL – Бигль; DALM – Далматин; RHRI – Родезиялық Риджбек; ISTH – Истриандық тазы; ELKH – Элкхаунд; RBRZ – Борзой (Орыс тазысы); IGRH – Италияндық грейхаунд; WHIP – Уиппет; GRYH – Грейхаунд; VLRH – Ирландық бөрібасар.

Одан бөлек, Тазы ит тұқымы басқа аңшылық мақсатта қолданылатын ит тұқымдарынан, мысалы, Блэдхаунд, Бигль, Бассетхаунд, Родезиялық Риджбек, Элкхаунд, орыс тазысы, Италияндық грейхаунд, Уиппет, Грейхаунд және Ирландық бөрібасар сияқты аңшылық мақсаттағы ит тұқымдарынан генетикалық алшақ орналасқан. Бұл ит тұқымдары топтарын қалыптастырған әртүрлі эволюциялық жолдар мен селекция әдістері арқылы жүргізілген деп болжауға болады. Сұр қасқыр бұл шежіреде қосымша топ

ретінде енгізілген, яғни ол ит тұқымдары арасындағы эволюциялық қатынастарды түсіну үшін бастапқы нүкте ретінде ғана бола алады.

Бұл филогенетикалық шежіре эволюциялық тарих пен әртүрлі ит тұқымдарының арасындағы генетикалық байланыс туралы құнды ақпарат береді. Ол қазақтың Тазы ит тұқымының бірегей генетикалық құрамын және оның басқа да аңшылық мақсатта қолданылатын тазы тектес ит тұқымдарымен тығыз байланысын көрсетеді.

Қорытынды

Сонымен, қазақтың Тазы ит тұқымы зерттеуге алған басқа да ит тұқымдарынан генетикалық ерекшелігі және филогенетикалық шежіреде нақты өзінің орны болатыны көрсетілді. Тазы ит тұқымы Араб салюгі мен Ауған тазысына жақын екендігі, олармен бірегей генетикалық профилді бөлісетіндігі анықталды. Сондай-ақ, филогенетикалық шежіреде Тазы итінің, Ауған тазысының, Араб салюгінің, Басенджи итінің бір кластерде топтасатыны анықталды. Осыдан, аталған ит тұқымдарының шығу тегі ертеректе болған деп болжауға болады, сондай-ақ Тазы ит тұқымының Орталық Азияның қатаң климатына бейімделген, қолға үйретілген тұқым ретіндегі тарихи маңыздылығын растайды және оның шығу тегі мен дамуы туралы түсінік береді.

Қаржыландыру көзі

Бұл жұмыс ҚР Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитеті тарапынан қаржыландырылатын «BR21881977» Тұқымды тиімді қалпына келтіру және сақтау үшін Төбет ұлттық қазақ ит тұқымының генофондын және оларды криоконсервациялау әдістерін зерттеуге ұсыныстар даярлау» мақсатты-нысаналы бағдарлама қолдауымен жүзеге асырылған.

ӘДЕБИЕТТЕР:

1. Tancredi D., Cardinali I. Being a dog: a review of the domestication process [Text] / Tancredi D., Cardinali I. // Genes (Basel). – 2023. – Vol.14(5). – P.992.
2. Плахов К.Н., Плахова А.С. Сохранение, восстановление породы казахская тазы и формирование ее современного облика [Text] / Плахов К.Н., Плахова А.С. // Современные проблемы природопользования, охотоведения и звероводства. – 2012. – №1. – С.318-320.
3. Плахов К.Н., Плахова А.С. Древняя и средневековая история породы борзых собак - казахская тазы: опыт реконструкции [Text] / Плахов К.Н., Плахова А.С. // Вестник РГАЗУ. – 2017. – №23(28). – С.15-25.
4. Brookes A.J. The essence of SNPs [Text] / Brookes A.J. // Gene. – 1999. – T.234. – №2. – С.177-186.
5. Sachidanandam R., Weissman D., Schmidt S. et al. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms [Text] / Sachidanandam R., Weissman D., Schmidt S. et al. // Nature. – 2001. – T.409. – №6822. – С.928-933.
6. 1000 Genomes Project Consortium et al. A global reference for human genetic variation [Text] / 1000 Genomes Project Consortium et al. // Nature. – 2015. – T.526. – №7571. – С.68.
7. Perfilyeva A., Bessalova K., Bessalov S., Begmanova M. et al. Kazakh national dog breed Tazy: What do we know? [Text] / Perfilyeva A., Bessalova K., Bessalov S., Begmanova M. et al. // Plos one. – 2023. – T.18. – №3. – С.e0282041.
8. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L. et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses [Text] / Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L. et al. // Am. J. Hum. Genet. – 2007. – Vol.81(3). – P.559-575.
9. Rambaut A. FigTree v.1.4.4. – 2018. [accessed 17 April 2025]. <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/>.
10. Lee S.Y., Kim S.M., Oyungerel B., Cho G.J. Single nucleotide polymorphisms for parentage testing of horse breeds in Korea [Text] / Lee S.Y., Kim S.M., Oyungerel B., Cho G.J. // Anim. Biosci. – 2024. – Vol.37(4). – P.600-608.
11. Tao W., Aniwar L., ZuliPicar A., Tulafu H. et al. Analysis of genetic diversity and population structure of Tarim and Junggar bactrian camels based on simplified GBS genome sequencing [Text] / Tao W., Aniwar L., ZuliPicar A., Tulafu H. et al. // Animals. – 2023. – Vol.13(14). – P.2349.
12. Zhumadillayev N., Dossybayev K., Khamzina A., Kapasuly T. et al. SNP genotyping characterizes the genome composition of the new Baisary fat-tailed sheep breed [Text] / Zhumadillayev N., Dossybayev K., Khamzina A., Kapasuly T. et al. // Animals. – 2022. – Vol.12(11). – P.1468.
13. Edwards R.J., Field M.A., Ferguson J.M., Dudchenko O. et al. Chromosome-length genome assembly and structural variations of the primal Basenji dog (Canis lupus familiaris) genome [Text] / Edwards R.J., Field M.A., Ferguson J.M., Dudchenko O. et al. // BMC Genomics. – 2021. – Vol.22(1). – P.188.

REFERENCES:

1. Tancredi D., Cardinali I. Being a dog: a review of the domestication process. Genes (Basel), 2023, vol.14(5), 992 p.

2. Plahov K.N., Plahova A.S. *Sohranenie, vosstanovlenie porody' kazhskaya tazy' i formirovaniye ee sovremennogo oblika* [Preservation, restoration of the Kazakh Tazy breed and the formation of its modern appearance]. *Sovremennyye problemy' prirodopol'zovaniya, ohotovedeniya i zverovodstva*, 2012, no.1, pp.318-320. (In Russian).
3. Plakhov K.N., Plakhova A.S. *Drevnyaya i srednevekovaya istoriya porody' borzy'h sobak - kazhskaya tazy: opyt' rekonstrukcii* [Ancient and medieval history of the greyhound breed - Kazakh tazy: reconstruction experience]. *Vestnik RGAZU*, 2017, no. 23(28), pp. 15-25. (In Russian)
4. Brookes A.J. The essence of SNPs. *Gene*, 1999, vol. 234, no.2, pp.177-186.
5. Sachidanandam R., Weissman D., Schmidt S. et al. A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. *Nature*, 2001, vol.409, no. 6822, pp. 928-933.
6. 1000 Genomes Project Consortium et al. A global reference for human genetic variation. *Nature*, 2015, vol. 526, no. 7571, 68 p.
7. Perfilyeva A., Bepalova K., Bepalov S., Begmanova M. et al. Kazakh national dog breed Tazy: What do we know? *Plos one*, 2023, vol.18, no.3, e0282041 p.
8. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L. et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.*, 2007, vol.81(3), pp. 559-575.
9. Rambaut A. FigTree v.1.4.4. 2018, available at: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/> (accessed 17 April 2025)
10. Lee S.Y., Kim S.M., Oyungerel B., Cho G.J. Single nucleotide polymorphisms for parentage testing of horse breeds in Korea. *Anim. Biosci.*, 2024, vol.37(4), pp. 600-608.
11. Tao W., Aniwar L., ZuliPicar A., Tulafu H. et al. Analysis of genetic diversity and population structure of Tarim and Junggar bactrian camels based on simplified GBS genome sequencing. *Animals*, 2023, vol.13(14), p. 2349.
12. Zhumadillayev N., Dossybayev K., Khamzina A., Kapasuly T. et al. SNP genotyping characterizes the genome composition of the new Baisary fat-tailed sheep breed. *Animals*, 2022, vol.12(11), 1468 p.
13. Edwards R.J., Field M.A., Ferguson J.M., Dudchenko O. et al. Chromosome-length genome assembly and structural variations of the primal Basenji dog (*Canis lupus familiaris*) genome. *BMC Genomics*, 2021, vol.22(1), 188 p.

Авторлар туралы мәліметтер:

Зекен Дінмұхамед Сансызбайұлы* – студент, «Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті», Биология және биотехнология факультеті, Қазақстан Республикасы, 050040, Алматы қ., Әл-Фараби даңғылы, 71, тел.: +7-700-487-19-45, e-mail: dinmuhamedzeken@gmail.com.

Ержан Арайлым Ерғалиқызы – биотехнология магистрі, кіші ғылыми қызметкер, молекулалық генетика зертханасы, Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитеті «Генетика және физиология институты» РМҚ, Қазақстан Республикасы, 050060, Алматы қ., Әл-Фараби даңғылы, 93, тел.: +7-777-916-64-63, e-mail: aerzhan3105@gmail.com.

Ерғали Қанағат – биотехнология магистрі, кіші ғылыми қызметкер, молекулалық генетика зертханасы, Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитеті «Генетика және физиология институты» РМҚ, Қазақстан Республикасы, 050060, Алматы қ., Әл-Фараби даңғылы, 93, тел.: +7-778-938-21-51, e-mail: ergaly.qanagat@gmail.com.

Бекманов Бақытжан Орақбайұлы – биология ғылымдарының кандидаты, профессор, жетекші ғылыми қызметкер, молекулалық генетика зертханасы, Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитеті «Генетика және физиология институты» РМҚ, Қазақстан Республикасы, 050060, Алматы қ., Әл-Фараби даңғылы, 93, тел.: +7-701-758-81-84, e-mail: bobekman@rambler.ru.

Зекен Динмухамед Сансызбайұлы* – студент, факультет биологии и биотехнологии, «Казахский Национальный Университет имени Аль-Фараби», Республика Казахстан, 050040, г.Алматы, пр.Аль-Фараби, 71, тел.: +7-700-487-19-45, e-mail: dinmuhamedzeken@gmail.com.

Ержан Арайлым Ерғалиқызы – магистр биотехнологии, младший научный сотрудник, лаборатория молекулярной генетики, РГП «Институт генетики и физиологии» Комитета Науки Министерства науки и высшего образования РК, Республика Казахстан, 050060, г.Алматы, пр.Аль-Фараби, 93, тел.: +7-777-916-64-63, e-mail: aerzhan3105@gmail.com.

Ерғали Қанағат – магистр биотехнологии, младший научный сотрудник, лаборатория молекулярной генетики РГП «Институт генетики и физиологии» Комитета Науки Министерства науки и высшего образования РК, Республика Казахстан, 050060, г.Алматы, пр.Аль-Фараби, 93, тел.: +7-778-938-21-51, e-mail: ergaly.qanagat@gmail.com.

Бекманов Бақытжан Орақбаевич – кандидат биологических наук, профессор, ведущий научный сотрудник, лаборатория молекулярной генетики РГП «Институт генетики и физиологии» Комитета Науки Министерства науки и высшего образования РК, Республика Казахстан, 050060, г.Алматы, пр.Аль-Фараби, 93, тел.: +7-701-758-81-84, e-mail: bobekman@rambler.ru.

Zeken Dinmukhamed Sansyzbayuly * – Student, Faculty of biology and biotechnology, Al-Farabi Kazakh National University, Republic of Kazakhstan, 050040, Almaty, 71 Al-Farabi Ave., tel.: +7-700-487-19-45, e-mail: dinmuhammedzekan@gmail.com.

Yerzhan Arailym Yergalikyzy – Master, Junior Researcher of the Molecular Genetics Laboratory, RSE “Institute of Genetics and Physiology” of the Science Committee, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Republic of Kazakhstan, 050060, Almaty, 93 Al-Farabi Ave., tel.: +7-777-916-64-63, e-mail: aerzhan3105@gmail.com.

Yergali Kanagat – Master, Junior Researcher of the Molecular Genetics Laboratory, RSE “Institute of Genetics and Physiology” of the Science Committee, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Republic of Kazakhstan, 050060, Almaty, 93 Al-Farabi Ave., tel.: +7-778-938-21-51, e-mail: ergaly.kanagat@gmail.com.

Bekmanov Bakhytzhan Orakbayevich – Candidate of Biological Sciences, Professor, Leading Researcher of the Molecular Genetics Laboratory, RSE “Institute of Genetics and Physiology” of the Science Committee, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Republic of Kazakhstan, 050060, Almaty, 93 Al-Farabi Ave., tel.: +7-701-758-81-84, e-mail: bobekman@rambler.ru.

МРНТИ 68.33.29

УДК 631.417.2:631.84:633.1(045)

<https://doi.org/10.52269/RWEP2521121>

РОЛЬ МИНЕРАЛЬНЫХ УДОБРЕНИЙ В ТРАНСФОРМАЦИИ ОРГАНИЧЕСКОГО ВЕЩЕСТВА И НИТРАТНОГО АЗОТА В ТЕМНО-КАШТАНОВЫХ ПОЧВАХ КАРАГАНДИНСКОЙ ОБЛАСТИ

Касипхан А.* – доктор PhD, заведующая Агроэкологическим испытательным центром, НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им. С.Сейфуллина», г. Астана, Казахстан.

Кекілбаева Г.Р. – кандидат биологических наук, и.о. ассоциированного профессора, НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им. С.Сейфуллина», г. Астана, Казахстан.

Кашкаров А.А. – кандидат сельскохозяйственных наук, и.о. ассоциированного профессора, НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им. С.Сейфуллина», г. Астана, Казахстан.

Сальникова Э.Р. – доктор PhD, профессор отдела естественных наук, Институт междисциплинарных исследований, Белградский университет, г. Белград, Республика Сербия.

В представленной работе изложены результаты исследования воздействия минеральных удобрений на содержание гумуса, его фракционный состав, а также динамика нитратного азота в агроценозах яровой пшеницы сорта «Шортандинская 2012» в условиях сухостепной зоны Карагандинской области. Установлено, что в первый год применения удобрений существенных изменений в содержании гумуса не наблюдалось. При внесении удобрения P82 кг/га д.в. наблюдается небольшое повышение содержания гумуса по сравнению с контрольным вариантом. Совместное применение аммофоса и сульфата аммония (P82 кг/га д.в. + N17 мг/кг д.в.) способствовало значительному повышению содержания гумуса в темно-каштановых почвах. Установлено, что концентрация нитратного азота ($N-NO_3$) возрастала в зависимости от комбинированного внесения указанных удобрений. На варианте с предварительным внесением фосфора в дозе 82 кг/га д.в. в сочетании с азотом (17 мг/кг д.в.) уровень нитратного азота был выше по сравнению с фосфорным фоном без азотного компонента. В условиях засушливого 2021 года отмечалась повышенная аккумуляция $N-NO_3$ в верхнем горизонте почвенного профиля. По результатам проведенных исследований установлено, что в отсутствии удобрений происходит снижение содержания гумуса и азота, а также разложение не только подвижных форм элементов питания, но и устойчивых соединений органического вещества почвы.

Ключевые слова: темно-каштановые почвы, нитратный азот, фракционно-групповой состав гумуса, гуминовые кислоты, минеральные удобрения, залежь.

ҚАРАҒАНДЫ ОБЛЫСЫНЫҢ КҮҢГІРТ ҚАРА-ҚОҢЫР ТОПЫРАҚТАРЫНДАҒЫ ОРГАНИКАЛЫҚ ЗАТТАР МЕН НИТРАТТЫ АЗОТТЫҢ ТРАНСФОРМАЦИЯСЫНДА МИНЕРАЛДЫ ТЫҢАЙТҚЫШТАРДЫҢ РӨЛІ

Касипхан А.* – PhD докторы, Агроэкологиялық сынақ орталығының меңгерушісі С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Астана қ., Қазақстан Республикасы.