

Tokusheva Assel Salimzhanovna – PhD, Senior Lecturer of the Department of agronomy, Akhmet Baitursynuly Kostanay Regional University NLC, Republic of Kazakhstan, 110000, Kostanay, 28 Abai Ave., block 3, tel.: 87058322187, e-mail: asel-tokusheva@mail.ru.*

Nugmanov Almabek Batyrzhanovich – Candidate of Agricultural Sciences, Dean of the Faculty of agricultural sciences, Akhmet Baitursynuly Kostanay Regional University NLC, Republic of Kazakhstan, 110000, Kostanay, 28 Abai Ave., block 3, tel.: 8(7142) 55-84-63, e-mail: almabek@list.ru.

XFTAP 68.39.49

ӨОЖ 636.13

<https://doi.org/10.52269/KGTD2531255>

ҚОСТАНАЙ ЖӘНЕ АДАЙ ЖЫЛҚЫЛАРЫНДАҒЫ ТҰҚЫМ ҚУАЛАЙТЫН АУРУЛАРДЫҒЫ ГЕНЕТИКАЛЫҚ МОНИТОРИНГІ: SCN4A, GYS1, GBE1, PPIB, EDNRB ЖӘНЕ STX17 МУТАЦИЯЛАРЫНЫҢ ТАСЫМАЛДАУШЫЛЫҚ ЖИІЛІГІ

Төреханов А.Ә. – ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, профессор, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Алматы қ, Қазақстан Республикасы.*

Қожанов Ж.Е. – ветеринария ғылымдарының магистрі, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Алматы қ, Қазақстан Республикасы.

Кайыпбай Б.Б. – ветеринария ғылымдарының докторы, Қазақстан Республикасы Ауыл шаруашылығы министрлігі Ветеринариялық бақылау және қадағалау комитетінің Қостанай облыстық аумақтық инспекциясы, Қостанай қ., Қазақстан Республикасы.

Талжанов Е.А. – PhD докторы, Қазақ ұлттық су шаруашылығы және ирригация университеті, Тараз қ, Қазақстан Республикасы.

Жылқылардағы тұқым қуалайтын аурулар жануарлардың денсаулығына, селекциялық жұмыстардың тиімділігіне және спорттық қолданылуына айтарлықтай әсер етеді. Бұл зерттеуде қазақстандық жылқылардың екі популяциясында – Қостанай тұқымы мен Адай типінде – алты белгілі мутация бойынша генетикалық мониторинг жүргізілді: HYPP (SCN4A), PSSM1 (GYS1), GBED (GBE1), HERDA (PPIB), LWFS (EDNRB) және Grey/меланома (STX17).

Анализ үш деректер жиынтығын қамтыды: 1630 жылқының генотиптері және 65 жылқының толық геномдық секвенирлеуі BR10764999 «Жылқы шаруашылығында селекциялық процесті тиімді басқару және генофондты сақтау технологияларын әзірлеу» бағдарламасы аясында; 96 жылқының деректері BR22885681 «Қостанай тұқымының генофондын сақтай отырып, Адай және Қостанай жылқыларының генетикалық ресурстарын басқарудың қолданыстағы әдістерін жетілдіру» бағдарламасының аясында алынды. Алғашқы екі жиынтықта 68 974 SNP қарастырылды, оның ішінде SCN4A және PPIB гендерінің позициялары болды. Барлық жануарлар референтті аллель бойынша гомозиготты болды. Үшінші жиынтықта EquCab3.0 геномындағы барлық алты ген тексерілді, бірақ ешқандай ауытқу анықталмады.

Нәтижелер көрсеткендей, зерттелген қазақстандық жылқыларда аталған мутациялар мүлдем жоқ. Бұған екі фактор ықпал етуі мүмкін: біріншіден, бұл мутациялар көбіне шетелдік тұқымдарда (American Quarter Horse, American Paint Horse, ауыр жүк тұқымдары, липициан) таралған, ал олар Қазақстанға әкелінбеген; екіншіден, дәстүрлі еркін жайылым жағдайында табиғи сұрыпталу патологиялық аллельдердің сақталу мүмкіндігін төмендетеді.

Түйінді сөздер: жылқы шаруашылығы, генетикалық аурулар, Қостанай тұқымы, Адай тұқымы, SNP генотиптеу, Геномдық секвенирлеу, Генетикалық мутация.

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ МОНИТОРИНГ НАСЛЕДСТВЕННЫХ ЗАБОЛЕВАНИЙ У ЛОШАДЕЙ КОСТАНАЙСКОЙ И АДАЙСКОЙ ПОРОДЫ: ЧАСТОТА НОСИТЕЛЬСТВА МУТАЦИЙ SCN4A, GYS1, GBE1, PPIB, EDNRB и STX17

Төреханов А.А. – доктор сельскохозяйственных наук, профессор, ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», г. Алматы, Республика Казахстан.*

Кожанов Ж.Е. – магистр ветеринарных наук, ТОО «Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства», г. Алматы, Республика Казахстан.

Кайыпбай Б.Б. – доктор ветеринарных наук, Костанайская областная территориальная инспекция Комитета ветеринарного контроля и надзора МСХ РК, г. Костанай, Республика Казахстан.

Талжанов Е.А. – PhD, Казахский национальный университет водного хозяйства и ирригации, г. Тараз, Республика Казахстан.

Генетически обусловленные заболевания у лошадей влияют на здоровье животных, эффективность племенной работы и спортивное использование. В данном исследовании проведён генетический мониторинг шести мутаций, связанных с заболеваниями: HYPP (SCN4A), PSSM1 (GYS1), GBED (GBE1), HERDA (PPIB), LWFS (EDNRB) и Grey/меланомой (STX17), в популяциях казахстанских лошадей – Костанайской породы и Адайского типа.

Анализ включал три набора данных: генотипы 1630 лошадей и полногеномное секвенирование 65 лошадей отобранных в рамках проекта Программы BR10764999 «Разработка технологий эффективного управления селекционным процессом и сохранения генофонда в коневодстве»; данные 96 лошадей, отобранных в рамках проекта Программы BR22885681 «Совершенствование существующих методов управления генетическими ресурсами адайских и костанайских лошадей с сохранением генофонда костанайской породы». В первых двух наборах рассматривалось 68 974 SNP, включая позиции в SCN4A и PPIB. Все животные оказались гомозиготами по референтным аллелям. В третьем наборе проверены все шесть генов по координатам в геноме EquCab3.0; ни в одном случае отклонений от референса не выявлено.

Таким образом, у казахстанских лошадей не обнаружено ни одной из исследованных мутаций. Возможные причины заключаются в следующем: во-первых, данные варианты характерны для зарубежных пород (American Quarter Horse, American Paint Horse, тяжеловозы, липицианы), которые, вероятно, не завозились в Казахстан; во-вторых, традиционная система свободного выпаса способствует естественному отбору, снижая вероятность закрепления патологических аллелей.

Полученные результаты свидетельствуют о генетической чистоте Костанайской породы и Адайского типа по данным мутациям и подчёркивают значение традиционных методов коневодства в поддержании устойчивости популяций.

Ключевые слова: коневодство, генетические заболевания, костанайская порода, адайская порода, SNP-генотипирование, геномное секвенирование, генетическая мутация.

GENETIC MONITORING OF HEREDITARY DISEASES IN HORSES OF THE KOSTANAY AND ADAI BREEDS: FREQUENCY OF MUTATIONS IN SCN4A, GYS1, GBE1, PPIB, EDNRB AND STX17

Torekhanov A.A.* – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging LLP, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Kozhanov Zh.Y. – Master of Veterinary Sciences, Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging LLP, Almaty, Republic of Kazakhstan.

Kaiypbay B.B. – Doctor of Veterinary Sciences, Kostanay Regional Territorial Inspection of the Committee for veterinary control and supervision of the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan, Kostanay, Republic of Kazakhstan.

Talzhanov Y.A. – PhD, Kazakh National University of Water Resources and Irrigation, Taraz, Republic of Kazakhstan.

Hereditary diseases in horses significantly affect animal health, breeding efficiency, and athletic performance. This study conducted a genetic survey of six well-known mutations associated with equine disorders – HYPP (SCN4A), PSSM1 (GYS1), GBED (GBE1), HERDA (PPIB), LWFS (EDNRB), and Grey/melanoma (STX17) – in two Kazakh horse populations: Kostanay breed and Adai type.

The analysis included three data sets: genotypes of 1630 horses and genome-wide sequencing of 65 horses selected within the program BR10764999 “Development of technologies for effective selection management and preservation of the gene pool in horse breeding”; data of 96 horses selected within the program BR22885681 “Improvement of existing methods of managing the genetic resources of the Adai and Kostanay horses while preserving the gene pool of the Kostanay breed”. In the first two datasets, 68,974 SNPs were examined, including loci in SCN4A and PPIB. All horses were homozygous in terms of reference alleles. In the third dataset, all six genes were assessed according to the EquCab3.0 genome coordinates, with no deviations from the reference genome detected.

These findings demonstrate the complete absence of the tested mutations in Kazakh horses. Two factors may explain this result: first, the mutations are predominantly found in foreign breeds (American Quarter Horse, American Paint Horse, draft breeds, Lipizzaner), which were likely never introduced into Kazakhstan; second, the traditional free grazing management system promotes natural selection, reducing the probability of preserving deleterious alleles within local populations. The results indicate the genetic purity of the Kostanay breed and the Adai type with respect to the identified mutations, and emphasize the importance of traditional horse-breeding practices in maintaining population stability.

Key words: horse breeding, genetic diseases, Kostanay breed, Adai breed, SNP genotyping, genomic sequencing, genetic mutation.

Қысқашы. Жылқы шаруашылығындағы тұқым қуалайтын ауруларды зерттеу маңызды болып табылады, себебі олар жануарлардың денсаулығына ғана емес, сондай-ақ селекциялық жұмыстардың тиімділігіне және спорттық қолданылуына әсер етеді. Соңғы онжылдықтарда молекулалық генетика әдістері SCN4A, GYS1, GBE1, PPIB, EDNRB және STX17 гендеріндегі ауру тудыратын мутацияларды дәл анықтауға мүмкіндік берді. Бұл варианттар әртүрлі патологиялармен байланысты: бұлшықет дистрофиялары, дерматологиялық аурулар және түс пигментациясының бұзылыстары (мысалы, сұр түсті жылқылардағы меланома) [1, 13-65 б.]. Сонымен қатар, соңғы жылдары жүргізілген жаңа зерттеулер жылқы геномындағы тұқым қуалайтын аурулардың молекулалық негіздерін тереңірек сипаттауға мүмкіндік берді [2, 10-22 б.; 3, 1113-1124 б.].

Әлемдік тәжірибе көрсеткендей, аталған мутациялардың таралу жиілігі әр түрлі тұқымдарда айтарлықтай өзгереді. Мысалы, HYPP/SCN4A мутациясы American Quarter Horse тұқымының halter бағытындағы желілерінде 29,9%-ға дейін жетеді [4, 556-564 б.]; PSSM1/GYS1 мутациясы ауыр жүк тұқымдарында 36%-ға дейін кездеседі, ал квотерхорстарда шамамен 10% деңгейінде таралған [5, 129-144 б.]. GBED/GBE1 мутациясы American Quarter Horse пен American Paint Horse популяцияларында тасымалдаушылық жиілігі 8–11% аралығында анықталған [6, с.228-233]. HERDA/PPIB мутациясы сирек кездескенімен, кейбір квотерхорс желілерінде 3–6%-ға жетеді [7, 572-580 б.]. LWFS/EDNRB мутациясы American Paint Horse популяциясында 21,6% гетерозиготтар үлесіне тең, ал frame overo тобының ішінде бұл көрсеткіш 89,5%-ға дейін жетеді [8, 93-102 б.]. Ал STX17 геніндегі дупликация сұр түсті тұқымдарда (липициан, андалуз) жоғары жиілікте кездесіп, кейбір популяцияларда аллельдік жиілік 0,83 деңгейіне жеткен [9, с. 306-309]. Жақында жүргізілген зерттеулер STX17 мутациясының геномдық көшірме санына байланысты жаңа үлгілерін сипаттады [10, 223-227 б.; 11, 112-124 б.], бұл аллельдің меланомамен байланысын тереңірек түсінуге мүмкіндік береді.

Қазақстанда дәстүрлі түрде өнімді жылқы шаруашылығы басым. Негізінен жылқыларды еркін жайылымда ұстау тәсілі қолданылады, бұл табиғи іріктеуге жағдай жасайды: әлсіз жануарлардың өмір сүру және ұрпақ беру мүмкіндігі төмен, ал экстерьері нашар айғырлар көбіне етке өткізіледі. Осының нәтижесінде тек төзімді және өнімді айғырлар ғана тұқым қалдырады [12]. Мұндай табиғи және жасанды іріктеу механизмдері патологиялық аллельдердің сақталу мүмкіндігін азайтады және популяцияның генетикалық тұрақтылығын қамтамасыз етеді.

Сонымен бірге Қазақстанда соңғы жылдары спорттық жылқы шаруашылығы белсенді дамып келеді. Осы мақсатта XX ғасырда шетелдік айғырларды пайдалану арқылы Қостанай жылқы тұқымы шығарылды [13]. Бұл тұқым жоғары жұмыс қабілеттілігімен, төзімділігімен және спорттық бағытта қолданылуымен ерекшеленеді. Ал Батыс Қазақстанның табиғи ерекшеліктеріне (қуаң және кең жайылымдар) бейімделген, ерекше төзімділігімен танылған Адай типі қалыптасты [14]. Бұл екі популяция қазіргі таңда Қазақстандағы ең маңызды жылқы топтарының бірі болып саналады, әрі олардың генетикалық жағдайын зерттеу ғылыми тұрғыда ғана емес, практикалық жағынан да маңызды.

Осыған байланысты бұл зерттеудің мақсаты – қазақстандық жылқы популяцияларында (Қостанай тұқымы және Адай типі) тұқым қуалайтын алты белгілі аурудың (HYPP/SCN4A, PSSM1/GYS1, GBED/GBE1, HERDA/PPIB, LWFS/EDNRB, Grey/STX17) [15, 102-107 б.] таралу жиілігін анықтау және Қазақстандағы спорттық пен өнімді жылқы шаруашылығына ықтимал селекциялық тәуекелдерді бағалау.

Зерттеудің мақсаты

Зерттеудің мақсаты – Қазақстандық жылқы популяцияларында (Қостанай және Адай тұқымы) тұқым қуалайтын алты белгілі ауруға (HYPP/SCN4A, PSSM1/GYS1, GBED/GBE1, HERDA/PPIB, LWFS/EDNRB, Grey/STX17) жауапты мутациялардың таралу жиілігін анықтау және олардың спорттық әрі өнімді жылқы шаруашылығына ықтимал селекциялық тәуекелдерін бағалау.

Міндеттері:

1. Қазақстандық жылқылардың негізгі екі популяциясында (Қостанай және Адай тұқымы) генетикалық материалдар жинау және оларға талдау жүргізу.
2. SCN4A, GYS1, GBE1, PPIB, EDNRB және STX17 гендеріндегі белгілі мутацияларды анықтау.
3. Алынған деректерді (SNP генотиптеу және толық геномдық секвенирлеу нәтижелері) салыстыру арқылы мутациялардың таралу жиілігін бағалау.
4. Зерттеу нәтижелерін халықаралық ғылыми деректермен салыстыру арқылы Қазақстан жылқыларының генетикалық ерекшеліктерін сипаттау.
5. Жылқы шаруашылығында селекциялық жұмысты жетілдіру және ұлттық генофондты сақтау үшін ғылыми негізделген ұсыныстар жасау.

Материалдар мен әдістер. *Генетикалық варианттар.* Анализ үшін жылқылардағы белгілі алты тұқым қуалайтын аурулар таңдалды: HYPP/SCN4A, PSSM1/GYS1, GBED/GBE1, HERDA/PPIB, LWFS/EDNRB, Grey/STX17. Бұл мутациялар қазіргі таңда жылқы генетикасында ең жиі зерттелетін және клиникалық тұрғыдан маңызды нұсқалар болып саналады. Олар әртүрлі ауруларға жауапты: бұлшықет қызметінің бұзылыстары, гликоген метаболизмінің патологиялары, дәнекер ұлпасының әлсіздігі, сондай-ақ түс пигментациясымен байланысты летальді жағдайлар.

Аталған мутациялар әлемдік әдебиетте кеңінен сипатталған және олардың жиілігі белгілі тұқымдарда зерттелген [1, 13-65 б.]. Мысалы, HYPP мутациясы (SCN4A) квотерхорс тұқымында [4,

с.556-564], ал PSSM1 (GYS1) ауыр жүк тұқымдарында [5, 129-144 б.] таралғаны белгілі. GBED (GBE1) мутациясы квотерхорстар мен пейнт-хорстарға тән [6, с.228-233], HERDA (PPIB) белгілі желілерде байқалады [7, 572-580 б.], LWFS (EDNRB) пейнт-хорстардың overo үлгісіндегі популяцияларында кездеседі [8, 93-102 б.], ал сұр түс пен меланомамен байланысты STX17 мутациясы липицциан және андалуз тұқымдарында жоғары жиілікке ие [9, 306-309 б.].

1. HYPP (гиперкалиемиалық мерзімді паралич). Калийге сезімталдықтың жоғарылауына байланысты бұлшықет дисфункциясымен байланысты бұзылыс, нәтижесінде параличтің мерзімді шабуылдары. Мақсатты ген SCN4A болып табылады, ол бұлшықет натрий арналарын кодтайды. Ол доминантты түрде тұқым қуалайды.

2. PSSM (полифосфорилазаны сақтайтын бұлшықет ауруы). Бұл ауру көмірсулар алмасуының бұзылуына байланысты бұлшықет әлсіздігін және зақымдануды тудырады. Мақсатты ген – бұлшықеттерде гликогеннің жиналуымен байланысты GYS1. Ол доминантты түрде тұқым қуалайды.

3. GBED (гликоген тармақталу ферментінің тапшылығы). Құлындардағы гликоген алмасуы бұзылып, әлсіздікке, құрысуларға және ерте жаста өлімге әкелетін өлімге әкелетін ауру. Гликоген молекулаларының тармақталуына жауап беретін GBE1 геніндегі мутация. Тұқым қуалаушылық рецессивті.

4. HERDA (тұқым қуалайтын дерматологиялық аномалия). Жылқылардың терісі өте нәзік, тез зақымданатын және нашар жазылатын жағдай. PPIB геніндегі мутация. Рецессивті тұқым қуалаушылық.

5. LWFS (өлетін ақ құлын синдромы). Ауру ақ түсті белгілі бір түрі бар құлындарда ішектің қалыпты жұмысының болмауымен байланысты. Түс және ішек дисфункциясымен байланысты EDNRB геніндегі мутация. Тұқым қуалаушылық рецессивті.

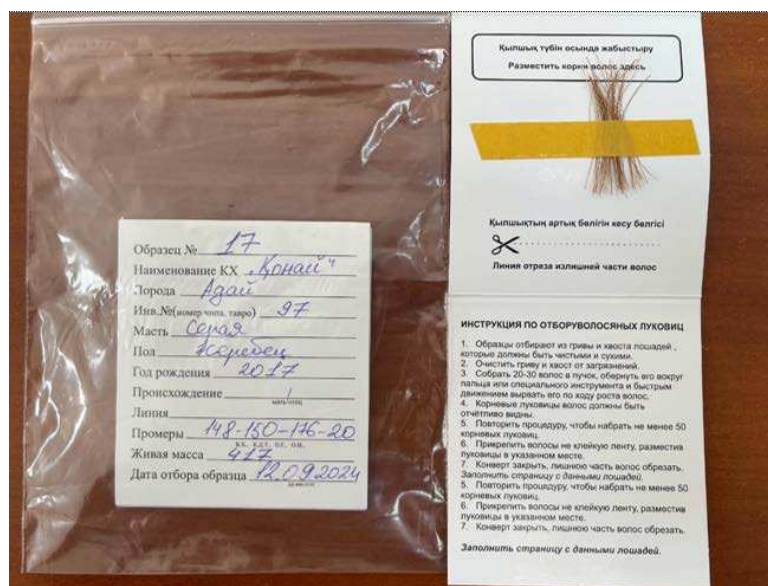
6. CSPP (конъюнктивалық эктопия). Көру қабілетінің жоғалуына әкелуі мүмкін көз тініндегі дегенеративті өзгерістер. Кейбір маркерлер STX17 сияқты көздің және тіндердің дамуына қатысатын гендердің мутацияларымен байланысты.

Бұл мутациялардың барлығы EquCab3.0 (Equus caballus genome assembly) нұсқасына сәйкес геномдық координаттары анықталған. Координаттарды пайдалану талдаудың нақтылығын қамтамасыз етеді, себебі әртүрлі зерттеу орталықтарындағы деректерді салыстыруға мүмкіндік береді (1 кесте).

1 кесте – Жылқы геномындағы тұқым қуалайтын варианттардың координаттары (EquCab3.0)

Фенотип / ген	HGVS (c./p.)	EquCab3.0 координаттары
HYPP / SCN4A	c.4248C>G (p.Phe1416Leu)	chr11: g.15474228C>G
PSSM1 / GYS1	c.926G>A (p.Arg309His)	chr10: g.19203501C>T
GBED / GBE1	c.102C>A (p.Tyr34*)	chr26: g.8667651C>A
HERDA / PPIB	c.115G>A (p.Gly39Arg)	chr1: g.129307092G>A
LWFS / EDNRB	c.353_354delinsAG (p.Ile118Lys)	chr17: g.50503041_50503042delinsCT
Grey / STX17	4.6 kb дупликация (интрон 6)	chr25: g.6625295_6629872dup

Деректер жиынтығы 1. Анализге BR10764999 «Жылқы шаруашылығында селекциялық процесті тиімді басқару және генофондты сақтау технологияларын әзірлеу» ғылыми-зерттеу жобасы аясында жиналған деректер енгізілді (сурет 1). Бұл жоба Қазақстан Республикасында жылқы шаруашылығын генетикалық тұрғыда зерттеуге және ұлттық жылқы популяцияларының генофондын қорғауға бағытталған іргелі жұмыстардың бірі болып табылады.



1 сурет – ДНҚ талдауына жылқы қылын жинау үлгісі

Зерттеу барысында 1630 жылқының генотиптері алынды. Үлгілер әртүрлі аймақтардағы жылқы шаруашылықтарынан жиналып, популяциялық алуандықты барынша қамтуға бағытталды. Генотиптеу үшін Illumina Equine SNP80K array технологиясы пайдаланылды, ол жылқы геномының әртүрлі бөліктерінде орналасқан ондаған мың SNP маркерлерін қамтиды және қазіргі уақытта популяциялық генетикалық зерттеулерде ең жиі қолданылатын платформалардың бірі болып саналады.

Алынған деректердің негізінде Қазақстан жылқыларының генетикалық құрылымы, селекциялық ерекшеліктері және тұқым қуалайтын ауруларға бейімділігі зерттелді. Жиналған массив зерттеу жұмысының негізгі ресурсы болып табылады және келесі кезеңдерде салыстырмалы анализ жүргізу үшін пайдаланылды (2-кесте). Зерттеулер Адай және Қостанай тұқымы жылқылары арасында жүргізілді (сурет 2, 3).

2 кесте – BR10764999 жобасындағы жылқылардың популяциялар бойынша бөлінуі

Жылқы популяциясы	Жылқы саны
Адай типі	209
Қостанай тұқымы	36
Көшім тұқымы	107
Муғалжар тұқымы	305
Найман типі	99
Тұқымсыз	301
Жабы типі	573
Барлығы	1630



2 сурет – Адай тұқымы жылқысы



3 сурет – Қостанай тұқымы жылқысы

2. Деректер жиынтығы. Зерттеудің екінші деректер жиынтығы BR22885681 «Қостанай тұқымының генофондын сақтай отырып, Адай және Қостанай жылқыларының генетикалық ресурстарын басқарудың қолданыстағы әдістерін жетілдіру» жобасы аясында жиналды. Бұл жоба Қазақстандағы екі

негізгі жылқы популяциясына – Адай типіне және Қостанай тұқымына – бағытталған, олардың генетикалық ерекшеліктерін зерттеу және селекциялық жұмысқа ғылыми негіздеме құру мақсатын көздейді.

Жоба шеңберінде барлығы 96 жылқының үлгілері алынып, генотиптеу жүргізілді. Үлгілер әртүрлі шаруашылықтардан жиналып, популяциялық әртүрлілікті қамтуға назар аударылды. Генотиптеу әдісі ретінде Illumina Equine SNP80K array пайдаланылды, бұл технология бірінші деректер жиынтығында да қолданылған. Осылайша, екі деректер жиынтығы арасындағы нәтижелерді тікелей салыстыруға мүмкіндік берілді, бұл салыстырмалы генетикалық талдау жүргізу үшін үлкен артықшылық болып табылады.

Алынған деректердің көмегімен Адай және Қостанай жылқыларының генетикалық құрылымындағы ұқсастықтар мен айырмашылықтарды, сондай-ақ тұқым қуалайтын ауруларға байланысты варианттардың болуы немесе болмауын зерттеу көзделді. Бұл деректер отандық жылқылардың селекциялық әлеуетін бағалауда ерекше маңызды (3-кесте).

3 кесте – Секвенирленген жылқылардың популяциялар бойынша бөлінуі

Жылқы популяциясы	Жылқы саны
Адай типі	15
Қостанай тұқымы	10
Муғалжар тұқымы	20
Жабы типі	20
Барлығы	65

3. Деректер жиынтығы. Үшінші деректер жиынтығына барлығы 65 жылқының толық геномдық секвенирлеу (Whole-Genome Sequencing, WGS) деректері енгізілді. Бұл деректер жиынтығы Illumina платформасында жоғары өнімділікпен алынған және жылқы геномындағы барлық нуклеотидтік позицияларды қамтитын ең толық генетикалық ақпаратты ұсынады.

Толық геномдық секвенирлеу деректері белгілі бір мутацияларды ғана емес, сонымен қатар геномның кез келген бөлігіндегі жаңа немесе сирек кездесетін варианттарды анықтауға мүмкіндік береді. Бұл әдіс популяциялық генетикада, селекциялық жұмыстарда және тұқым қуалайтын ауруларды диагностикалауда кеңінен қолданылады.

Осы деректер жиынтығында әртүрлі популяцияларға жататын жануарлар қамтылды. Әр популяциядан алынған үлгілердің саны 3-кестеде көрсетілген. Бұл үлестірілім зерттеу барысында популяциялар арасындағы генетикалық айырмашылықтарды және тұқым қуалайтын ауруларға байланысты варианттардың таралуын салыстыруға мүмкіндік берді.

Нәтижелер. Деректер жиынтығы 1. 1630 жылқының Illumina Equine SNP80K array арқылы алынған генотиптеу деректері талданды. Жалпы 68 974 SNP позициясы бойынша тексеру жүргізілді. SCN4A және PPIB гендерінде орналасқан локустар бойынша SNP мәліметтері қолжетімді болды. Талдау нәтижесінде барлық жануарларда осы локустар бойынша жабайы типті аллельдің гомозиготты жағдайы анықталды. Бұл дегеніміз, зерттелген популяцияда HYPP (SCN4A) және HERDA (PPIB) аурулары үшін белгілі мутациялар кездеспеді. Бұл нәтижелер, әсіресе, үлкен көлемдегі (n=1630) популяция үлгісінде, Қазақстан жылқыларының генетикалық құрылымында бұл мутациялардың таралмағанын айқын көрсетеді.

Деректер жиынтығы 2. Қосымша 96 жылқы (Адай және Қостанай тұқымы) бойынша алынған деректер де сол Illumina SNP80K array чипімен талданды. Мұнда да SCN4A және PPIB гендеріндегі SNP позициялары бойынша барлық жылқылар гомозиготты референтті аллельге ие болды.

Бұл кішігірім, бірақ мақсатты түрде таңдалған топ (спорттық және төзімділікке бағытталған екі популяция) деректері бірінші жобаның нәтижелерін растады: аталған мутациялар Қазақстан жылқыларында анықталған жоқ.

Деректер жиынтығы 3. Бұл топ үшін алты ген (SCN4A, GYS1, GBE1, PPIB, EDNRB, STX17) бойынша 1-кестеде көрсетілген нақты нуклеотидтік позициялар тексерілді. Әрбір локус бойынша референтті геномға сәйкестік бағаланды.

Секвенирлеу нәтижесінде:

SCN4A геніндегі HYPP мутациясы (chr11: g.15474228C>G) тіркелмеді;

GYS1 геніндегі PSSM1 мутациясы (chr10: g.19203501C>T) анықталмады;

GBE1 геніндегі GBED мутациясы (chr26: g.8667651C>A) кездеспеді;

PPIB геніндегі HERDA мутациясы (chr1: g.129307092G>A) табылған жоқ;

EDNRB геніндегі LWFS мутациясы (chr17: g.50503041_50503042delinsCT) байқалмады;

STX17 геніндегі сұр түс пен меланомаға жауапты дупликация (chr25: g.6625295_6629872dup)

тіркелмеді.

Яғни толық геномдық секвенирлеу деректері бойынша да зерттелген жылқыларда бұл мутациялар мүлдем анықталған жоқ.

Талқылау. Зерттеу нәтижелері тексерілген мутациялардың (SCN4A, GYS1, GBE1, PPIB, EDNRB, STX17) қазақстандық жылқыларда толықтай жоқ екенін көрсетті. Бұл мәліметтер ірі көлемдегі SNP деректерінің жиынтықтарында (68 974 SNP, $n = 1630$ және $n = 96$) және толық геномдық секвенирлеуде (65 бас) бірдей расталды. HYPP, PSSM1, GBED, HERDA, LWFS және Grey/меланомаға жауапты мутациялардың ешқайсысы анықталған жоқ.

Бұл қорытындылар белгілі мутациялардың географиялық және тұқымдық ерекшеліктерімен толық сәйкес келеді. HYPP және HERDA көбіне American Quarter Horse жылқыларында кездеседі [4, с.556-564], GBED және LWFS – American Quarter Horse пен Paint Horse жылқыларында [6, с.228-233; 8, с.93-102], PSSM1 – ауыр жүк тасушы тұқымдарда және кейбір спорттық тұқымдарда [5, с.129-144], ал STX17 мутациясы сұр тұқымды (липициан, андалуз) жылқыларға тән [9, с. 306-309]. Қазақстандық жылқыларда аталған мутациялардың кездеспеуінің алғашқы себебі – бұл аллельдердің негізінен шетелдік популяцияларда қалыптасып, Қазақстанға жүйелі түрде әкелінбеуі.

Екінші маңызды фактор – Қазақстандағы дәстүрлі мал шаруашылығы жағдайлары. Жылқыларды еркін жайылымда ұстау табиғи сұрыпталуға мүмкіндік береді: денсаулығында ақауы бар малдың өмір сүру және көбею ықтималдығы төмен, ал экстерьерлік немесе өнімділік сапасы нашар айғырлар әдетте сойылады. Нәтижесінде тек ең төзімді және өміршең жануарлар ғана тұқым қалдырады [12]. Бұл ерекшеліктер тұқым қуалайтын патологиялық аллельдердің сақталу және таралу мүмкіндігін айтарлықтай төмендетеді.

Қорытынды. Зерттеу нәтижелері Қазақстандағы Қостанай тұқымы мен Адай типіндегі жылқыларда аталған тұқым қуалайтын аурулардың генетикалық тұрғыдан таралмағанын айғақтайды. Бұл деректер генетикалық тазалықты ғана емес, сонымен қатар Қазақстандағы дәстүрлі жылқы шаруашылығы тәжірибелерінің тиімділігін де дәлелдейді.

Сонымен бірге, осы жұмыстың бірнеше шектеулері бар. Біріншіден, зерттеу тек алты белгілі мутацияға бағытталды; басқа сирек кездесетін немесе жаңа патологиялық варианттар қарастырылған жоқ. Екіншіден, зерттелген популяциялар саны шектеулі болды: негізінен Қостанай тұқымы мен Адай типі қамтылды, ал Қазақстандағы басқа жергілікті және будан популяциялар толық талданбады. Үшіншіден, Illumina SNP80K array технологиясы кең көлемді талдау жүргізуге мүмкіндік бергенімен, барлық ықтимал патогенді варианттарды қамтымайды.

Осы себепті, қазіргі жұмыс пилоттық зерттеу ретінде қарастырылады. Алдағы кезеңде зерттеуді кеңейтіп, Қазақстандағы басқа тұқымдар мен типтерді, сондай-ақ толық геномдық секвенирлеу деректерін пайдаланып, басқа белгілі және жаңа мутацияларды тексеру қажет. Әсіресе, халықаралық деректер базаларында сипатталған қосымша генетикалық ауруларға қатысты валидациялық зерттеулер жүргізу жоспарлануда.

Жалпы алғанда, бұл жұмыс Қазақстан жылқыларының генетикалық тұрақтылығын көрсетіп қана қоймай, болашақ селекциялық бағдарламаларда тұқым қуалайтын ауруларды бақылау үшін ғылыми негіз қалайды.

Қаржыландыру туралы ақпарат. Бұл жұмыс Қазақстан Республикасы Ауыл шаруашылығы министрлігі қаржыландыратын BR22885681 «Қостанай тұқымының генофондын сақтай отырып, Адай және Қостанай жылқыларының генетикалық ресурстарын басқарудың қолданыстағы әдістерін жетілдіру» жобасы аясында жүзеге асырылды.

ӘДЕБИЕТТЕР:

1. Elisabeth Sundström., et al. **Copy number expansion of the STX17 duplication in melanoma tissue from grey horses.** BMC Genomics, 2012, vol. 13, art. 365. <https://rdcu.be/eG1Ji> (сұрау күні: 20.05.2025).
2. Pozharskiy A., et al. (2023). **Genetic structure and genome-wide association study of the traditional Kazakh horses.** [Text] / A. Pozharskiy, et al. // Animal-2023. – vol.17 (сұрау күні: 20.05.2025). <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751731123002239>
3. Kabyrbekova D., et al. (2024). **Genetic Studies and Breed Diversity of Kazakh Native Horses: A Comprehensive Review.** [Text] / D. Kabyrbekova, et al. // Adv Life Sci – 2024. – 11(3) – P.1113-1124. <https://www.als-journal.com/articles/vol11issue1/1113.24/2809.pdf> (сұрау күні: 20.03.2025).
4. Naylor, J. M. et al **Familial incidence of hyperkalemic periodic paralysis in Quarter Horses** [Text] / J. M. Naylor, et al // Journal of the American Veterinary Medical Association. – 1992. – P.556-564, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39143381/> (сұрау күні: 19.02.2025).
5. McCue, M. E. et al. **Glycogen synthase 1 (GYS1) mutation in diverse breeds with polysaccharide storage myopathy** [Text] / M. E. McCue et al. //Genomics. – 2008. – P.129-144, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18691366/> (сұрау күні: 16.01.2025).
6. Ward, T. L. et al. **Glycogen branching enzyme deficiency in quarter horse foals** [Text] / T. L. Ward, et al. // Journal of Veterinary Internal Medicine. – 2004. – P.228-233, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11817063/> (сұрау күні: 20.05.2025).

7. Tryon, R. C. et al. **Homozygosity mapping approach identifies a missense mutation in equine cyclophilin B (PPIB) associated with HERDA in the American Quarter Horse** [Text] / R. C. Tryon, et al. // *Genomics*. – 2007. – P.572-580, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17498917/> (сұрау күні: 29.05.2025).
8. Santschi, E. M. et al. **Endothelin receptor B polymorphism associated with lethal white foal syndrome in horses** [Text] / E. M. Santschi, et al. // *Mammalian Genome*. – 1998. – P.93-102, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9530628/> (сұрау күні: 05.06.2025).
9. Santschi, E. M. et al. Incidence of the endothelin receptor B mutation that causes lethal white foal syndrome in white-patterned horses. [Text] / E. M. Santschi, et al. // *Am J Vet Res*. – 2001 Jan, – vol.62(1). – P.97-103., <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11197568/> (сұрау күні: 05.06.2025).
10. Nowacka-Woszek J., et al. **The equine graying with age mutation of the STX17 gene: A copy number study using droplet digital PCR reveals a new pattern.** [Text] / J. Nowacka-Woszek, et al. // *Anim Genet*.-2021. vol. 52 – P.223-227. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33550611/> (сұрау күні: 25.03.2025).
11. Andersson L. **White horses – non-coding sequences drive premature hair greying and susceptibility to melanoma.** [Text] / L. Andersson // *Nat Rev Genet*. – 2024. vol. 129. – P.112-124. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38571883/>
12. Назарбаев, Н. және т.б. **Қазақстандағы дәстүрлі мал шаруашылығы** [Text] / Н. Назарбаев және т.б. – Астана: Фолиант, 2015.
13. Ахметов, Қ. **Қостанай жылқы тұқымы** [Text] / Қ. Ахметов. – Алматы: Қайнар, 1985.
14. Құрманғожин, А. **Адай жылқысы** [Text] / А. Құрманғожин. – Ақтау: Ш. Есенов атындағы КМТУ баспасы, 2010.
15. Etalon Equine Genetics. (2024). **Top genetic muscle conditions in horses: What to know and why testing matters.** – 2024.(102-107) <https://etalondx.com/news-media/top-genetic-muscle-conditions-in-horses-what-to-know-and-why-testing-matters/> (сұрау күні: 30.05.2025).

REFERENCES:

1. Elisabeth Sundström., et al. **Copy number expansion of the STX17 duplication in melanoma tissue from Grey horses.** *BMC Genomics*, 2012, vol. 13, art. 365. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-365>.
2. Pozharskiy A., et al. (2023). **Genetic structure and genome-wide association study of the traditional Kazakh horses.** *Animal*, 2023, vol. 17, iss. 9, art. 100926. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2023.100926>.
3. Kabyrbekova D., et al. **Genetic studies and breed diversity of kazakh native horses: a comprehensive review.** *Adv Life Sci.*, 2024, 11(3), pp.18-27. <http://dx.doi.org/10.62940/als.v11i1.2809>.
4. Naylor J.M., et al **Familial incidence of hyperkalemic periodic paralysis in quarter horses.** *J Am Vet Med Assoc.*, 1992, vol. 200, no. 3, pp. 340-343, available at:<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1548168/> (accessed 19 February 2025).
5. McCue M.E. et al. **Glycogen synthase 1 (GYS1) mutation in diverse breeds with polysaccharide storage myopathy.** *J Vet Intern Med.*, 2008, vol. 22, iss.5, pp. 1228-1233. <https://doi.org/10.1111/j.1939-1676.2008.0167.x>.
6. Ward T.L. et al. **Glycogen branching enzyme deficiency in quarter horse foals.** *J Vet Intern Med*. 2001, vol. 15, iss. 6, pp. 572-580. DOI: 10.1892/0891-6640(2001)015<0572:gbediq>2.3.co;2.
7. Tryon R.C. et al. **Homozygosity mapping approach identifies a missense mutation in equine cyclophilin B (PPIB) associated with HERDA in the American Quarter Horse.** *Genomics*, 2007, vol. 90, iss. 1, pp. 93-102. DOI: 10.1016/j.ygeno.2007.03.009.
8. Santschi E.M. et al. **Endothelin receptor B polymorphism associated with lethal white foal syndrome in horses.** *Mammalian Genome*, 1998, vol. 9, iss. 4, pp. 306-309. DOI: 10.1007/s003359900754.
9. Santschi E.M. et al. **Incidence of the endothelin receptor B mutation that causes lethal white foal syndrome in white-patterned horses.** *Am J Vet Res.*, 2001, vol. 62, iss. 1, pp. 97-103. DOI: 10.2460/ajvr.2001.62.97.
10. Nowacka-Woszek J., et al. **The equine graying with age mutation of the STX17 gene: A copy number study using droplet digital PCR reveals a new pattern.** *Anim Genet.*, 2021, vol. 52, iss. 2, pp. 223-227. DOI: 10.1111/age.13044.
11. Andersson L. **White horses – non-coding sequences drive premature hair greying and susceptibility to melanoma.** *Ups J Med Sci.*, 2024, vol. 129. DOI: 10.48101/ujms.v129.10626.
12. Nazarbaev N., et al. **Kazakstandagy dastyrli mal sharuashylygy** [Traditional livestock farming in Kazakhstan]. Astana, Foliant, 2015. (In Kazakh)
13. Ahmetov K. **Kostanaj zhylyky tukymy** [Kostanay horse breed]. Almaty, Kajnar, 1985. (In Kazakh)
14. Kurmangozhin A. **Adaj zhylykysy** [Adai horse]. Aktau, Sh. Esenov atyndagy KMTU baspasy, 2010. (In Kazakh)
15. Etalon Equine Genetics. **Top genetic muscle conditions in horses: What to know and why testing matters.** 2024, available at: <https://etalondx.com/news-media/top-genetic-muscle-conditions-in-horses-what-to-know-and-why-testing-matters/>. (accessed 30 May 2025).

Авторлар туралы мәліметтер:

Тореханов Айбын Әдепханұлы* – ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, профессор, Басқарма төрағасы, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Қазақстан Республикасы, 050035, Алматы қ., Жандосов көш, 51 үй, тел.: 87788287788, e-mail: torehanov.aibyn@mail.ru.

Қожанов Жасұлан Ертайұлы – ветеринария ғылымдарының магистрі, жылқы және түйе шаруашылығы бөлімінің меңгерушісі, «Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми-зерттеу институты» ЖШС, Қазақстан Республикасы, 050035, Алматы қ., Жандосов көш, 51 үй, тел.: 87010331117, e-mail: zhassulan_888@mail.ru.

Қайыпбай Берікжан Балапанұлы – ветеринария ғылымдарының докторы, ҚР АШМ Ветеринариялық бақылау және қадағалау комитетінің Қостанай облыстық аумақтық инспекциясының басшысы, Қазақстан Республикасы, 110011, Қостанай қ., Абай даңғ, 34 үй, тел.: 87776377177, e-mail: berikzhan_7@mail.ru.

Талжанов Еркебұлан Айтқазыұлы – PhD, Қазақ ұлттық су шаруашылығы және ирригация университеті, Қазақстан Республикасы, 080000, Тараз, Сәтбаев көш. 28, тел.: 87711017474, e-mail: yerke.talzhanov@mail.ru.

Тореханов Айбын Адепханович* – доктор сельскохозяйственных наук, профессор, Председатель Правления, ТОО «КазНИИЖуК», Республика Казахстан, 050035, г. Алматы, ул. Жандосова 51, тел.: 87788287788, e-mail: torehanov.aibyn@mail.ru.

Кожанов Жасулан Ертаевич – магистр ветеринарных наук, зав. отделом коневодства и верблюдоводства, ТОО «КазНИИЖуК», Республика Казахстан, 050035, г. Алматы, ул. Жандосова 51, тел.: 87010331117, e-mail: zhassulan_888@mail.ru.

Қайыпбай Берікжан Балапанович – доктор ветеринарных наук, Руководитель Костанайской областной территориальной инспекции Комитета ветеринарного контроля и надзора МСХ РК, Республика Казахстан, 110011, г. Костанай, пр. Абая 34, тел.: 87776377177, e-mail: berikzhan_7@mail.ru.

Талжанов Еркебұлан Айтқазыевич – PhD, Казахский национальный университет водного хозяйства и ирригации, Республика Казахстан, 08000, г.Тараз, ул. Сатпаева 28, тел.: 87711017474, e-mail: yerke.talzhanov@mail.ru.

Torekhanov Aibyn Adepkhanovich* – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Chairman of the Board, Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging LLP, Republic of Kazakhstan, 050035, Almaty, 51 Zhandossov Str., tel.: 87788287788, e-mail: torehanov.aibyn@mail.ru.

Kozhanov Zhassulan Yertayevich – Master of Veterinary Sciences, Head of the Department of horse and camel breeding, Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging LLP, Republic of Kazakhstan, 050035, Almaty, 51 Zhandossov Str., tel.: 87010331117, e-mail: zhassulan_888@mail.ru.

Kaiypbay Berikzhan Balapanovich – Doctor of Veterinary Sciences, Head of the Kostanay regional territorial inspection of the Committee for veterinary control and supervision of the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan, Republic of Kazakhstan, 110011, Kostanay, 34 Abai Ave., tel.: 87776377177, e-mail: berikzhan_7@mail.ru.

Talzhanov Yerkebulan Aitkazyevich – PhD, Kazakh National University of Water Resources and Irrigation, Republic of Kazakhstan, 080000, Taraz, 28 Satpayev Str., tel.: 87711017474, e-mail: yerke.talzhanov@mail.ru.

МРНТИ 68.29.19

УДК 633.11: 630*232.323.3

<https://doi.org/10.52269/KGTD2531263>

**РАЗВИТИЕ И ПРОДУКТИВНОСТЬ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ ПРИ РАЗЛИЧНЫХ СРОКАХ СЕВА
НА ЧЕРНОЗЁМНЫХ ПОЧВАХ СЕВЕРНОГО КАЗАХСТАНА**

Тулаев Ю.В. – кандидат сельскохозяйственных наук, руководитель научного мероприятия, ТОО «Научно-производственный центр зернового хозяйства имени А.И. Бараева», п. Научный, Акмолинская область, Республика Казахстан.

Тулькубаева С.А.* – доктор сельскохозяйственных наук, ассоциированный профессор, ученый секретарь, ТОО «Сельскохозяйственная опытная станция «Заречное», с. Заречное, Костанайская область, Республика Казахстан.

Сомова С.В. – кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник лаборатории точного и органического земледелия, ТОО «Сельскохозяйственная опытная станция «Заречное», с. Заречное, Костанайская область, Республика Казахстан.