

МРНТИ: 68.39.31

DOI: <https://doi.org/10.62724/202530507>

Смагулов Дархан Бакытбекович^{*1}

доктор философии (PhD),

Западно-Казахстанский инновационно-технологический университет,
г. Уральск, Республика Казахстан, dark.smagul@gmail.com, ORCID ID: 0000-0001-8992-2244

Хамзина Айгерим Кадыржановна²

магистр технических наук,

Казахский Национальный аграрный исследовательский университет,
г. Алматы, Республика Казахстан, Aigerim.khamzina55@gmail.com, ORCID ID: 0000-0003-2211-0377

Сералы Акбар Мухамеджанович¹

магистр социологии,

Западно-Казахстанский инновационно-технологический университет,
г. Уральск, Республика Казахстан, akbar-tore@mail.ru, ORCID ID: 0009-0001-1194-2592

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ СУБПОПУЛЯЦИЙ ОВЕЦ КАЗАХСКОЙ ПОЛУГРУБОШЕРСТНОЙ КУРДЮЧНОЙ ПОРОДЫ С ПРИМЕНЕНИЕМ SNP-ГЕНОТИПИРОВАНИЯ

Аннотация. Казахская полугрубошерстная курдючная порода сочетает в себе как мясные, так и отличные шерстные качества, способность к круглогодичному пастбищному содержанию, а широкая адаптация и генетическое разнообразие делают её ценным объектом для дальнейшей селекции и геномных исследований, направленных на улучшение продуктивных показателей овец в Казахстане. Порода комбинированного мясо-сально-шерстного направления продуктивности и состоит из 3 зональных типов: карғалы, ақтөбе и байыс. В данной работе проведён геномный анализ всех субпопуляций («Khasiev», «Kara-Adyg», «Altyn Asel») с использованием SNP-генотипирования и метода главных компонент – PCA. Построенная диаграмма PCA с выделением главных направлений вариативности позволила выявить внутривидовую структурированность: субпопуляция овец Западного региона формирует обособленный кластер, что свидетельствует о её генетической дифференциации, в то время как генофонд Юго-Восточной зоны демонстрирует значительное перекрытие, отражающее близость их генетического профиля и практику обмена племенными материалами. Полученные результаты указывают на существование как изолированных, так и тесно связанных генотипов, что подчёркивает важность учёта внутривидовой гетерогенности при ведении селекционной работы и разработке программ генетического мониторинга.

Ключевые слова: овцы КПП, ДНК-анализ, племенная ценность, однонуклеотидный полиморфизм, гены-кандидаты.

Смағұлов Дархан Бақытбекұлы^{*1}

философия докторы (PhD),

Батыс-Қазақстан инновациялық-технологиялық университеті,
Орал қ., Қазақстан Республикасы, dark.smagul@gmail.com, ORCID ID: 0000-0001-8992-2244

Хамзина Әйгерім Қадыржанқызы²

техника ғылымдарының магистрі,

Қазақ Ұлттық аграрлық зерттеу университеті,
Алматы қ., Қазақстан Республикасы, Aigerim.khamzina55@gmail.com, ORCID ID: 0000-0003-2211-0377

Сералы Ақбар Мұхамеджанұлы¹

элеуметтану магистрі,

Западно-Казахстанский инновационно-технологический университет,
Орал қ., Қазақстан Республикасы, akbar-tore@mail.ru, ORCID ID: 0009-0001-1194-2592

ҚАЗАҚЫ ҰЯҢ ЖҮНДІ ҚҰЙРЫҚТЫ ҚОЙ ТҰҚЫМЫНЫҢ СУБПОПУЛЯЦИЯЛАРЫН SNP-ГЕНОТИПТЕУ АРҚЫЛЫ САЛЫСТЫРМАЛЫ ТАЛДАУ

Аңдатпа. Қазақы ұяң жүнді құйрықты қой тұқымы етті-майлы-жүнді өнімділік бағытына жатады және 3 аймақтық типтен тұрады: қарғалы, ақтөбе, байыс. Бұл жұмыста SNP-генотиптеу және негізгі компоненттер – PCA әдістерін қолдана отырып, барлық субпопуляцияларға («Khasiev», «Kara-Adyr», «Altyn Asel») геномдық талдау жүргізілді. Салынған PCA диаграммасы тұқымішілік құрылымды анықтауға мүмкіндік берді, яғни батыс аймақта өсірілетін қойлардың субпопуляциясының генетикалық дифференциация өзгеше кластерді құрайтынын, ал оңтүстік және шығыс өңірлердегі генофондтың генетикалық профилі өзара жақын, әрі асылтұқымды материалдармен жиі алмасу тәжірибесін айқындайды. Нәтижелер оқшауланған және тығыз байланысты генотиптердің болуын көрсетеді, бұл селекциялық жұмыстарды жүргізу және генетикалық мониторинг бағдарламаларын әзірлеу кезінде тұқымішілік гетерогенділікті есепке алудың маңыздылығын көрсетеді.

Кілт сөздер: ҚҰҚ қойлары, ДНҚ-талдау, асылтұқымды құндылық, жалғыз нуклеотидті полиморфизм, кандидат гендер.

Smagulov Darkhan Bakytbekovich^{*1}

Doctor of Philosophy (PhD),

West Kazakhstan Innovation and Technology University,
Uralsk, Republic of Kazakhstan, dark.smagul@gmail.com, ORCID ID: 0000-0001-8992-2244

Khamzina Aigerim Kadyrzhanovna²

Master of Technical Sciences,

Kazakh National Agrarian Research University,
Almaty, Republic of Kazakhstan, Aigerim.khamzina55@gmail.com,
ORCID ID: 0000-0003-2211-0377

Seraly Akbar Mukhamedzhanovich¹

Master of Sociology,

West Kazakhstan Innovation and Technology University,

Uralsk, Republic of Kazakhstan, akbar-tore@mail.ru, ORCID ID: 0009-0001-1194-2592

COMPARATIVE ANALYSIS OF SUBPOPULATIONS KAZAKH SEMI-COARSE-WOOLED FAT-TAILED SHEEP USING SNP GENOTYPING

Abstract. Kazakh semi-coarse-wooled fat-tailed sheep breed conjoin both meat and excellent wool qualities, ability to pasture year-round, and its wide adaptation and genetic diversity make it a valuable object for further breeding and genomic research aimed at improving the productive performance of sheep in Kazakhstan. The breed is a combined meat-greasy-wool production type and consists of 3 zonal types: kargaly, aktobe, baiys. In this work, a genomic analysis of all subpopulations ("Khasiev", "Kara-Adyr", "Altyn Asel") was performed using SNP genotyping and the main component method – PCA. Constructed PCA diagram with the allocation of main directions variability made it possible to revealed intra-breed structuring: sheep subpopulation of Western region forms a separate cluster, which indicates its genetic differentiation, while the gene pool of Southeastern zone shows significant overlap, reflecting the proximity of their genetic profile and practice exchanging breeding materials. The results obtained indicate existence of both isolated and closely related genotypes, which underlines the importance of taking into account intra-breed heterogeneity when conducting breeding work and developing genetic monitoring programs.

Key words: KSCWFT sheep, DNA analysis, breeding value, single nucleotide polymorphism, candidate genes.

Введение. Казахская полугрубошерстная курдючная порода создана методом сложного воспроизводительного скрещивания казахских грубошерстных курдючных маток с едилбайскими, сараджинскими, таджикскими и дегересскими баранами-производителями с последующим разведением овец желательного типа «в себе».

Современное стадо казахских полугрубошерстных курдючных овец характеризуется крупным ростом, правильными формами телосложения и хорошим сочетанием высокой мясной и шерстной продуктивности. Они имеют крепкую конституцию и хорошо развитый костяк. Голова среднего размера, профиль прямой или слегка горбоносый. Матки комолые, а среди баранов встречаются особи с зачатками рогов. Шея средней длины и достаточно мускулистая. Холка широкая, спина прямая, крестец широкий. Туловище глубокое и широкое. Ноги крепкие и правильно поставленные. Курдюк большой по величине и подтянутый по форме, у баранов допускается некоторая спущенность.

Живая масса баранов-производителей составляет 90-100 кг, взрослых овцематок – 58-63 кг, настриг шерсти 4-5 и 2-3 кг соответственно. Баранчики к моменту отбивки достигают массу телосложения 33-37 кг, ярочки – 32-35 кг. Убойный выход молодняка – 52-55%, а выход мякоти в туше – 78-83%. Плодовитость маток составляет 108-112%.

Шерсть неоднородная полугрубая коврового типа, косичного строения, светло-серая и белая по окраске. Косицы состоят из преобладающей массы пуховых, более длинных переходных и остевых волокон, а также незначительного количества цветного, сухого и мертвого волоса. Оброслость головы до уровня затылочного гребня, у отдельных животных встречается челка. Масть бурая, рыжая и серая различных

оттенков. При скрещивании племенными баранами данной породы среди F₁ помесей 50-70% имеют полугрубую шерсть, из них 35-45% – коврового типа, а показатели живой массы повышается на 40-50% [1,2,3].

Животные хорошо приспособлены к экстремальным условиям континентального климата Казахстана (от -40 до +40°C) и эффективно используют пастбищные ресурсы, что обусловило их широкое распространение в Восточном (Абайская обл.), Центральном (Карагандинская обл.) и Западном (Актюбинская обл.) регионах Казахстана, где закреплены хозяйства-производители, такие как «Қара Адыр», «Хасиев» и «Алтын Әсел».

Недавние молекулярно-генетические исследования показали, что популяции этой породы характеризуются высокой гетерогенностью между хозяйствами, отражающей различия в истории разведения и качестве племенной работы. Средний коэффициент инбридинга по данным анализа гомозиготных участков (ROH) составляет FROH = 0.040, что выше, чем у тонкорунной и едилбайской пород, но сопоставимо с сарыаркинской [4].

При этом выявлены участки ROH с генами-кандидатами, связанными с мясной продуктивностью, устойчивостью к стрессам и адаптивными признаками, среди которых особое значение имеет ген MSTN, отвечающий за развитие мускулатуры и прирост живой массы. Таким образом, казахская полугрубшерстная курдючная порода сочетает в себе отличные убойные качества, неприхотливость и способность к круглогодичному пастбищному содержанию, а её широкая адаптация и генетическое разнообразие делают её ценным объектом для дальнейшей селекции и геномных исследований, направленных на улучшение продуктивных показателей овец в Казахстане [5,6,7].

Материалы и методы исследования. Для проведения молекулярно-генетических исследований биологические образцы (ушные раковины) были взяты у овец КПП в количестве 2 000 из Карагандинской и Восточно-Казахстанской областей.

Ткани уха хранились в 2-мл пробирках Eppendorf, содержащих 70% этанол. Образцы в этаноле дважды промывались фосфатно-буферным солевым раствором для удаления фиксаторов. Геномная ДНК была выделена из образцов с использованием протокола набора PureLink Purification Kit (Thermo Fisher Scientific Inc., США). Концентрация ДНК измерялась с помощью спектрофотометра Nano-Drop 2000 (Waltham MA, США) и разводилась до концентрации 50 нг/мкл для генотипирования. Образцы ДНК были генотипированы и сканировались на системе iScan (Illumina) с использованием BeadChip Ovine50K, который содержит 51 000 SNP на овечьей геномной сборке. Для контроля качества (QC) использовалось ПО Plink v.1.9, с применением следующих параметров: уровень отсутствия данных по SNP и индивидуумам был установлен на 0.1, минимальная частота аллеля (MAF) – 0.05 и равновесие Харди-Вайнберга (HWE) – $p < 10^{-5}$. SNP с более чем 10% ошибок Менделя также исключались [8]. Кроме того, для анализа генотипированных данных все лишние SNP, за исключением расположенных на аутосомах, удалялись, в т.ч. половые хромосомы.

Для исследования структуры популяции и генетической стратификации использовался метод главных компонент (PCA) в Plink. Процесс включал подготовку входных данных в двоичном формате (.bed, .bim, .fam) и контроль качества для фильтрации однонуклеотидных полиморфизмов и образцов с высокой частотой выпадения генотипов, низкой частотой минорных аллелей или неравновесием Харди-Вайнберга. PCA был выполнен на отсеченном наборе данных с помощью команды --pca, которая выводит собственные значения (.eigenval) и собственные векторы (.eigenvec). Результаты визуализировались путем построения графиков первых двух главных

компонент (PC_1 и PC_2) с помощью пакета ggplot2 в программном обеспечении R для выявления закономерностей кластеризации и оценки структуры популяции.

Результаты и их обсуждение. Выделенная из 2 000 образцов ушных выщипов ДНК была количественно оценена с помощью спектрофотометра NanoDrop 2000. Средняя концентрация ДНК, полученная из образцов, составила приблизительно 448,93 нг/мкл (рисунок 1), что свидетельствует об успешности процесса выделения и получении достаточного количества ДНК для последующих молекулярных приложений, таких как генотипирование.

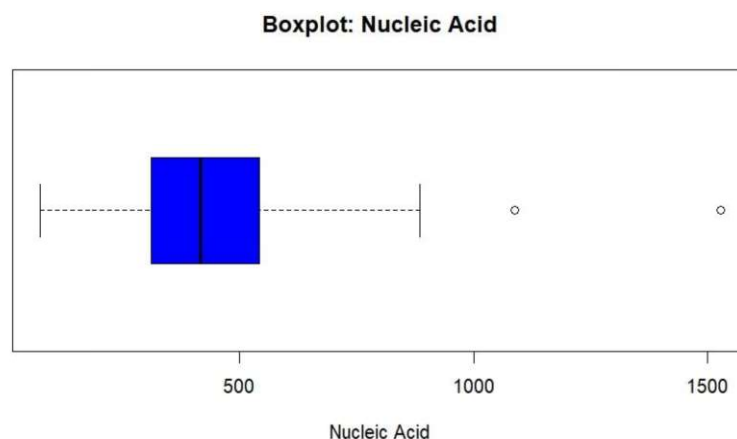


Рисунок 1 – Диаграмма распределения концентрации ДНК в образцах

Концентрации варьировались от минимальной 73,9 нг/мкл до максимальной 1528,4 нг/мкл, что указывает на некоторую вариабельность между образцами. Этот диапазон предполагает эффективную экстракцию для большинства образцов, хотя некоторые могут потребовать оптимизации для повышения согласованности.

Несмотря на эту вариабельность, общий выход отражает пригодность протокола экстракции для высокопроизводительного или точного генетического анализа. Такой широкий диапазон концентраций ДНК может быть обусловлен различиями в качестве образцов, исходном материале или обработке во время экстракции. Дальнейшая стандартизация может помочь снизить эту вариабельность и обеспечить единообразие результатов для образцов.

При контроле качества данных генотипирования SNP критерии фильтрации включали их удаление с более чем 5% пропущенных генотипов (--geno 0,05), что гарантировало сохранение только маркеров с надежным качеством генотипирования. Для устранения малоинформативных вариантов были исключены SNP с частотой MAF ниже 5% (-maf 0,05). Кроме того, маркеры, демонстрирующие значительные отклонения от равновесия Харди-Вайнберга (p -value < $1e-6$, --hwe $1e-6$ midp), были отфильтрованы для предотвращения потенциальных технических артефактов или влияния на структуру популяции. После применения этих мер контроля качества фильтры прошли 26 955 вариантов и 1 755 образцов.

На диаграмме PCA, построенной по геномным данным казахской полугрубошерстной курдючной породы, отчетливо прослеживается внутривидовая структурированность (рисунок 2).

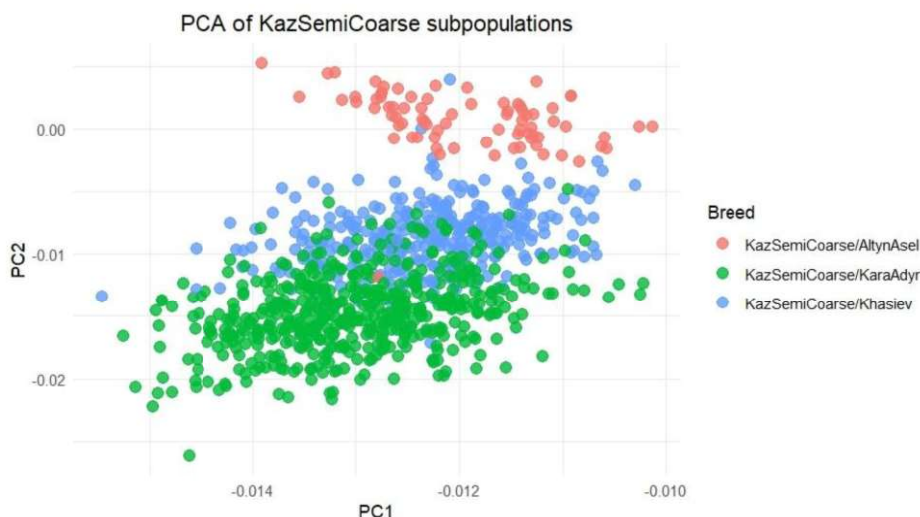


Рисунок 2 – График PCA овец КПП

Субпопуляция «Altyn Asel» формирует обособленный кластер в верхней части графика, что свидетельствует о её генетической дифференциации от других групп. Такая изоляция может быть связана с особенностями племенной работы в данном хозяйстве, ограниченным обменом племенным материалом с другими стадами или использованием отличных селекционных подходов, что со временем привело к накоплению уникальных аллелей и обособлению генофонда.

В то же время субпопуляции «Kara-Adyr» и «Khasiev» демонстрируют значительное перекрытие кластеров, отражающее близость их генетической структуры. Это может быть обусловлено как географической близостью хозяйств, так и возможным обменом производителями, что снижает уровень генетической дифференциации между ними. Несмотря на перекрытие, сохраняются определённые тенденции к образованию отдельных облаков точек, что указывает на наличие хозяйственных особенностей селекции.

РОН-островки были выявлены у всех исследуемых овец казахской полугрубошерстной курдючной породы на всех аутосомах (табл. 1).

Таблица 1 – Средняя длина РОН и количество РОН у овец

Длина РОН (Мб)			Количество РОН		
min	average	max	min	average	max
34.6	99.8	573.6	26	51.8	123

Согласно этим данным, сегменты РОН у всех овец были обнаружены во второй и десятой хромосомах. Указаны начальные и конечные SNP, хромосомы (Chr), количество SNP в каждом регионе, а также их положение в парах оснований (bp).

Таблица 1 – Наивысшие частоты встречаемости РОН-островков

Start SNP	End SNP	Chr	Number of SNPs	Start (bp)	End (bp)
OAR2_78385048.1	OAR2_78950595.1	2	9	73628917	74115320
s18440.1	OAR2_121679731.1	2	16	112693679	113779061
OAR6_82485644.1	OAR6_82621007.1	6	4	75464467	75634259

OAR6_85252857_X.1	OAR6_86918946.1	6	26	78032882	79528076
OAR6_87360405.1	OAR6_87360405.1	6	1	79903497	79903497
s10029.1	OAR9_82575979.1	9	13	76899181	77745675
OAR10_5271954.1	OAR10_6242789.1	10	13	7001424	8049140
s27955.1	OAR10_40150757.1	10	56	35582489	39312880
OAR10_40237265.1	OAR10_40237265.1	10	1	39403332	39403332
OAR10_42329325.1	OAR10_43040400.1	10	10	41511331	42126389
s60004.1	OAR13_53186320.1	13	21	48231519	49619573
OAR16_42499047.1	s17055.1	16	49	39133737	41862807
OAR16_47088252.1	OAR16_47932818.1	16	10	43229090	43992228

Эти данные используются для идентификации генетических локусов, связанных с продуктивными признаками или адаптацией. Например, на хромосоме 2 обнаружено два региона: один включает 9 SNP (от 73,628,917 до 74,115,320 bp), другой – 16 SNP (от 112,693,679 до 113,779,061 bp). Подобные регионы могут служить целевыми участками для генетического анализа.

Заключение. Полученные результаты согласуются с предыдущими исследованиями, где для казахской полугрубошерстной курдючной породы отмечалась высокая внутривидовая гетерогенность и различия между хозяйствами в зависимости от интенсивности селекции и истории формирования стада. В целом выявленная структура подчеркивает, что внутри казахской полугрубошерстной курдючной породы существуют как относительно изолированные субпопуляции, так и группы с более тесными генетическими связями, что необходимо учитывать при организации племенной работы и планировании генетического мониторинга.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1 Жумадилаев, Н.К. Совершенствование продуктивных качеств овец казахской курдючной полугрубошерстной породы [Текст] / Н.К. Жумадилаев // Овцы, козы, шерстяное дело, 2024.– №3.– С. 17-20. <https://doi.org/10.26897/2074-0840-2024-3-17-20>

2 Бурамбаева, Н.Б. Қазақтың құйрықты ұяң жүнді (тұқымішілік «Байыс» типі) қой тұқымдарының козыларының өсіп жетілуі мен бітім ерекшеліктерінің және жыл мезгілдеріне байланысты өзгерістері [Текст] / Н.Б. Бурамбаева, А.А. Темиржанова, Р.Б. Абельдинов, Т.Ш. Асанбаев, Л.М. Баужанова, С.Б. Аманбаева // Ғылым және білім, 2022.– №3-2 (68).– Р. 54-61. <https://doi.org/10.56339/2305-9397-2022-3-2-54-61>

3 Хамзина, А.К. Экстерьерные особенности овец различного направления продуктивности [Текст] / А.К. Хамзина, Д.Б. Смагулов, Д.К. Есенғалиев // Наука и образование, 2022.– №3-2 (68).– С. 38-54. <https://doi.org/10.56339/2305-9397-2022-3-2-38-54>

4 Khamzina, A. Assessing runs of homozygosity reveals production traits of Kazakh sheep breeds / A. Khamzina, D. Smagulov, K. Dossybayev, J. Kantanen, K. Khamzin // Brazilian Journal of Biology, 2025.– Vol. 85: e292980. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.292980>

5 Pozharskiy, A. SNP genotyping and population analysis of five indigenous Kazakh sheep breeds / A. Pozharskiy, A. Khamzina, D. Gritsenko, Zh. Khamzina, Sh. Kassymbekova, N. Karimov, T. Karymsakov, N. Tlevlesov // Livestock Science, 2020.– Vol. 241: e104252. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104252>

6 Purcell, S. PLINK: A Tool Set for Whole-Genome Association and Population-Based Linkage Analyses / S. Purcell, B. Neale, K. Todd-Brown et al. // *The American Journal of Human Genetics*, 2007.– Vol. 81 (3).– P. 559-575. <https://doi.org/10.1086/519795>

7 Wickham, H. Ggplot2: Create Elegant Data Visualizations Using the Grammar of Graphics / H. Wickham, W. Chang, L. Henry, T.L. Pedersen, K. Takahashi, C. Wilke, K. Woo, H. Yutani, D. Dunnington, T. Brand // Cran, 2025. <https://github.com/tidyverse/ggplot2>

8 Bingham, E. Complexity control in a mixture model by the Hardy-Weinberg equilibrium / E. Bingham, H. Mannila // *Computational Statistics & Data Analysis*, 2009.– Vol. 53 (5).– P. 1711-1719. <https://doi.org/10.1016/j.csda.2008.07.023>

REFERENCES

1 Zhumadillaev, N.K. Sovershenstvovanie produktivnyh kachestv ovec kazahskoj kurduchnoj polugrubosherstnoj porody [Improvement of the productive qualities of sheep of the Kazakh fat-tailed semi-coarse breed] / N.K. Zhumadillaev // *Ovcy, kozy, sherstyanoe delo*, (2024).– №3.– 17-20 s. <https://doi.org/10.26897/2074-0840-2024-3-17-20> – (In Rus)

2 Burambaeva, N.B. Qazaqtyn kyiryqty yyan zhyndi (tyqymishilik «Baiys» tipi) қой тықымдарынyn qozylarynyn osip zhetilui men bitim erekshelikterinin zhane zhyly mezgilderine bailanysty ozgeristeri [Changes in the characteristics of growth and development of lambs of Kazakh-tailed sheep (intra-breed type "Bayys") and depending on the seasons] / N.B. Burambaeva, A.A. Temirzhanova, R.B. Abel'dinov, T.Sh. Asanbaev, L.M. Bauzhanova, S.B. Amanbaeva // *Gylym zhane bilim*, (2022).– №3-2 (68).– 54-61 b. <https://doi.org/10.56339/2305-9397-2022-3-2-54-61> – (In Kaz)

3 Hamzina, A.K. Ekster'ernye osobennosti ovec razlichnogo napravleniya produktivnosti [Exterior features of sheep of various productivity trends] / A.K. Hamzina, D.B. Smagulov, D.K. Esengaliyev // *Nauka i obrazovanie*, (2022). – №3-2 (68).– 38-54 s. <https://doi.org/10.56339/2305-9397-2022-3-2-38-54> – (In Rus)

4 Khamzina, A. Assessing runs of homozygosity reveals production traits of Kazakh sheep breeds / A. Khamzina, D. Smagulov, K. Dossybayev, J. Kantanen, K. Khamzin // *Brazilian Journal of Biology*, 2025.– Vol. 85: e292980. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.292980>

5 Pozharskiy, A. SNP genotyping and population analysis of five indigenous Kazakh sheep breeds / A. Pozharskiy, A. Khamzina, D. Gritsenko, Zh. Khamzina, Sh. Kassymbekova, N. Karimov, T. Karymsakov, N. Tlevlesov // *Livestock Science*, 2020.– Vol. 241: e104252. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104252>

6 Purcell, S. PLINK: A Tool Set for Whole-Genome Association and Population-Based Linkage Analyses / S. Purcell, B. Neale, K. Todd-Brown et al. // *The American Journal of Human Genetics*, 2007.– Vol. 81 (3).– P. 559-575. <https://doi.org/10.1086/519795>

7 Wickham, H. Ggplot2: Create Elegant Data Visualizations Using the Grammar of Graphics / H. Wickham, W. Chang, L. Henry, T.L. Pedersen, K. Takahashi, C. Wilke, K. Woo, H. Yutani, D. Dunnington, T. Brand // Cran, 2025. <https://github.com/tidyverse/ggplot2>

8 Bingham, E. Complexity control in a mixture model by the Hardy-Weinberg equilibrium / E. Bingham, H. Mannila // *Computational Statistics & Data Analysis*, 2009.– Vol. 53 (5).– P. 1711-1719. <https://doi.org/10.1016/j.csda.2008.07.023>