

FTAMP 34.23.59

https://doi.org/10.26577/bb107220266

Б.О. Бекманов<sup>1\*</sup>, Т.Н. Карымсаков<sup>2</sup>, П.Ж. Сайлаубек<sup>2</sup>,  
 К.Ж. Досыбаев<sup>1</sup>, Қ. Ерғали<sup>1</sup>, М.А. Тореханов<sup>1</sup>, Т. Қапасұлы<sup>1</sup>,  
 А. Қожахмет<sup>1</sup>, А. Тапелов<sup>1</sup>, З. Бектасов<sup>1</sup>

<sup>1</sup> ҚР ҒЖБМ ҒК Генетика және физиология институты, Алматы, Қазақстан

<sup>2</sup> Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми зерттеу институты, Алматы, Қазақстан

\*e-mail: bobekman@ Rambler.ru

## ӘУЛИЕКӨЛ ТҰҚЫМЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘРТҮРЛІЛІГІН SNP-МАРКЕРЛЕРДІ ҚОЛДАНА ОТЫРЫП БАҒАЛАУ

Бұл зерттеуде Қостанай облысы Әуликөл ауданы «Тимофеев-Агро» шаруашылығынан алынған 308 бас Әуликөл ірі қара популяциясының генетикалық құрылымы *BovineSNP50* микрочипінің негізінде алынған мәліметтер арқылы талданды. Сапалық бақылаудан кейінгі талдауда 22,865 аутосомалық SNP болды және үлгілердің орташа генотиптеу тазалығы 0.99947 мәнін құрады. Популяциялық құрылымды бағалау мақсатында негізгі компоненттерге талдау (PCA), ADMIXTURE және *identity-by-descent* (IBD) негізіндегі генетикалық ұқсастық зерттеулері жүргізілді. PCA нәтижелері үлгілердің басым бөлігінің орталық аймақта шоғырланып, айқын популяциялық стратификацияның жоқ болатындығын көрсетті, ал жекелеген үлгілердің орталық кластерден салыстырмалы түрде алшақ орналасуы популяция ішіндегі генетикалық вариацияның бар екенін аңғартты. IBD талдауы нәтижесінде алынған генетикалық ұқсастық қатнастары популяцияның тұтастығын және үлгілер арасындағы генетикалық жақындықтың үздіксіз сипатын көрсетті. ADMIXTURE талдауы (K=2-5) зерттелген популяцияда бір негізгі ата-тектік компоненттің басым болатындығын, ал қосымша компоненттердің әртүрлі пропорцияда көрінуі дербес субпопуляцияның болмайтындығын көрсетті. PCA, ADMIXTURE және IBD нәтижелері бірін-бірі толықтыра отырып, Әуликөл ірі қара популяциясының генетикалық құрылымы біртекті екенін, айқын субпопуляциялық бөлінудің жоқтығын және популяция ішіндегі генетикалық әртүрліліктің табиғи деңгейде екенін көрсетті. Алынған нәтижелер бұл популяцияның әрі қарай геномдық зерттеулер мен селекциялық бағдарламалар үшін сенімді генетикалық негізге ие екенін айғақтайды.

**Түйін сөздер:** Әуликөл тұқымы, SNP-талдау, PCA, ADMIXTURE, IBD.

B.O. Bekmanov<sup>1\*</sup>, T.N. Karymsakov<sup>2</sup>, P.Zh. Sailaubek<sup>2</sup>,  
 K.Zh. Dossybayev<sup>1</sup>, K. Yergali<sup>1</sup>, M.A. Torekhanov<sup>1</sup>, T. Kapassuly<sup>1</sup>,  
 A. Kozhakhmet<sup>1</sup>, A. Tapelov<sup>1</sup>, Z. Bektassov<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institute of Genetics and Physiology SC MSHE RK, Almaty, Kazakhstan

<sup>2</sup>Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging, Almaty, Kazakhstan

\*e-mail: bobekman@ Rambler.ru

### Assessment of genetic diversity of auliekol cattle breed using SNP-markers

This study investigated the genetic structure of an Auliekol cattle population comprising 308 individuals sampled from the “Timofeev-Agro” farm located in the Auliekol district of the Kostanay region, Kazakhstan, using *BovineSNP50* data. After quality control, 22,865 autosomal SNPs were retained for analysis, and the average genotype call rate reached 0.99947. Population structure was assessed using principal component analysis (PCA), ADMIXTURE, and *identity-by-descent* (IBD)-based genetic similarity analyses. PCA revealed a compact clustering of most samples, indicating the absence of pronounced population stratification, while a limited number of samples showed moderate deviations from the central cluster, reflecting within-population genetic variation. IBD analysis further confirmed the genetic integrity of the population, revealing a dense and continuous genetic similarity network without clear separation into discrete groups. ADMIXTURE analysis performed for K values ranging from 2 to 5 demonstrated the predominance of a single major ancestry component across the population. The presence of additional ancestry components at varying proportions in some individuals did not support the existence of distinct subpopulations. Overall, the concordant results of PCA, ADMIXTURE, and IBD analyses

tion structure, and exhibits a natural level of within-population genetic diversity. These findings suggest that this population represents a stable and reliable genetic resource for further genomic studies and breeding programs.

**Keywords:** Auliekol breed, SNP analysis, PCA, ADMIXTURE, IBD.

Б.О. Бекманов<sup>1\*</sup>, Т.Н. Карымсаков<sup>2</sup>, П.Ж. Сайлаубек<sup>2</sup>,  
К.Ж. Досыбаев<sup>1</sup>, К. Ергали<sup>1</sup>, М.А. Тореханов<sup>1</sup>, Т. Капасулы<sup>1</sup>,  
А. Кожамет<sup>1</sup>, А. Тапелов<sup>1</sup>, З. Бектасов<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, Алматы, Казахстан

<sup>2</sup>Казахстанский научно-исследовательский институт животноводства  
и кормопроизводства, Алматы, Казахстан

\*e-mail: bobekman@rambler.ru

### Оценка генетического разнообразия аулиекольской породы с использованием SNP-маркеров

В настоящем исследовании изучена генетическая структура популяции Аулиекольского крупного рогатого скота, представленной 308 особями, отобранными в хозяйстве «Тимофеев-Агро» Аулиекольского района Костанайской области, с использованием чипа *BovineSNP50*. После проведения контроля качества (QC) в анализ было включено 22,865 аутосомных SNP, при этом средний уровень генотипирования составил 0,99947. Для оценки популяционной структуры были применены анализ главных компонент (PCA), ADMIXTURE и анализ генетического сходства на основе *identity-by-descent* (IBD). Результаты PCA показали компактное распределение основной массы образцов, что свидетельствует об отсутствии выраженной популяционной стратификации. Небольшие отклонения отдельных особей от центрального кластера отражают естественную внутривидовую генетическую вариативность. Результаты IBD-анализа дополнительно подтвердили генетическую целостность популяции, продемонстрировав плотную и непрерывную сеть генетического сходства без четко выраженного разделения на группы. Анализ ADMIXTURE, выполненный для значений K от 2 до 5, выявил доминирование одного основного компонента происхождения в популяции. Наличие дополнительных компонентов в различной пропорции у отдельных особей не свидетельствует о существовании обособленных субпопуляций. В целом, согласованные результаты PCA, ADMIXTURE и IBD-анализов указывают на генетическую однородность Аулиекольской породы, отсутствие выраженной субпопуляционной структуры и наличие естественного уровня внутривидовой генетической изменчивости. Полученные данные подтверждают перспективность данной популяции в качестве стабильного генетического ресурса для дальнейших геномных исследований и селекционных программ.

**Ключевые слова:** Аулиекольская порода, SNP анализ, PCA, ADMIXTURE, IBD.

### Кіріспе

Етті бағыттағы ірі қара малдарына жүргізілетін селекциялық және молекулалы-генетикалық жұмыстар қай кезеңде болмасын өзекті мәселелердің біріне жатады. Әсіресе, мұнда жергілікті ірі қара тұқымдарын зерттеу маңызды, өйткені жергілікті тұқымдар сол жердің климатына, жалпы жағдайына бейімделген болып табылады. Одан бөлек, Қазақстан аумағында өсірілетін етті бағыттағы ірі қаралардың, соның ішінде сырттан әкелінген, мысалы, Абердин-ангус, Герефорд, Шароле, Лимузин және басқа да шетелдік тұқымдарды атап өтуге болады. Ал, Қазақстанда етті бағыттағы ірі қара малдың жергілікті тұқымдарына Қазақтың ақбас сиыры мен Әулікөл сиыр тұқымдары жатады (Khamzina et al., 2025; Бисекенов и др., 2014; Губашев, 2007). Аталған тұқымдар республика аумағының табиғи-кли-

маттық жағдайларына жоғары деңгейде бейімделген және ет өнімділігімен ерекшеленеді. Бұл тұқымдар ұлттық генетикалық ресурстар ретінде мал шаруашылығын тұрақты дамытуда маңызды рөл атқарады. Қазіргі мәліметтерге қарағанда қазақтың ақбас сиыры Батыс, Солтүстік және Орталық Қазақстанда өсіріледі. Ал, Әулікөл тұқымы негізінен Қостанай, Ақмола, Солтүстік Қазақстан, Павлодар, Қарағанды облыстарында кеңінен таралған (Гиззатова и др., 2023). Әулікөл сиыр тұқымы ХХ ғасырдың екінші жартысында Қазақстанның солтүстік өңірлерінің табиғи-климаттық жағдайларына бейімделген, жоғары ет өнімділігімен және өндірістік қасиеттерінің тұрақтылығымен ерекшеленетін мал алу мақсатында шығарылған. Әулікөл тұқымын қалыптастыру барысында жергілікті сиырларды шетелдік етті бағыттағы тұқымдармен (Шароле (Франция) және Абердин-ангус (Ұлыбритания)

тұқымдары) мақсатты түрде будандастыру қолданылған. Нәтижесінде жоғары өнімді әрі жергілікті климатқа бейімделген тұқым қалыптасты (Жанбуршинов и др., 2012).

Соңғы жылдары Әуликөл тұқымының генетикалық ерекшеліктерін молекулалы-генетикалық деңгейде зерттеуге деген қызығушылық артып келеді. Геномдық технологияларды, соның ішінде SNP-маркерлерді пайдалану тұқымның генетикалық құрылымын, популяция ішіндегі әртүрлілік деңгейін және селекциялық маңызды белгілермен байланысты генетикалық варианттарды анықтауға мүмкіндік береді (Beishova et al., 2022; Kasarda et al., 2023; Niyazbekova et al., 2025). Мұндай зерттеулер асылдандыру бағдарламаларын оңтайландыруға, генетикалық әртүрлілікті сақтауға және тұқымның ұзақ мерзімді тұрақтылығын қамтамасыз етуге бағытталған ғылыми негізді шешімдер қабылдауға жол ашады.

Осыған орай, аталған жұмыстың мақсаты етті бағыттағы Әуликөл сиыр тұқымының генетикалық әртүрлілігін молекулалық-генетикалық маркерлер негізінде бағалау және алынған нәтижелерді тұқымды одан әрі жетілдіруге бағытталған селекциялық бағдарламаларда пайдалану мүмкіндіктерін қарастыру болып табылады.

## Зерттеу материалдары мен әдістері

### *Зерттеу материалдары*

Зерттеу материалдары ретінде Қостанай облысы Әуликөл ауданы Тимофеевка ауылында орналасқан Тимофеевка-Агро шаруа қожалығында өсірілетін етті бағыттағы Әуликөл сиыр тұқымынан жиналған түк фолликулдары үлгілері қолданылды (308 үлгі).

### *Зерттеу әдістері*

*ДНҚ молекуласын бөлу және генотиптеу жүргізу.* Геномдық ДНҚ молекуласы зерттеуге жиналған үлгілерден *QIAamp DNA Blood Mini Kit (Qiagen, Германия)* жиынтығы көмегімен, шығарушы фирманың хаттамасына сай жүзеге асырылды. Бөлініп алынған геномдық ДНҚ молекуласының концентрациясы *NanoDrop 2000* құралында және сапасы агарозды электрофорез арқылы тексерілді. Геномдық ДНҚ молекуласы *BovineSNP50 v.3 BeadChip* жиынтық көмегімен *iScan (Illumina, АҚШ)* жүйесінде генотиптеуден өткізілді. Аталған жиынтық құрамына 53,218 SNP мәліметтері кіреді. Ары қарай алынған мәліметтер *GenomeStudio (Illumina, АҚШ)* бағ-

дарламасы арқылы *.map* және *.ped* файлдары алынды.

*Генотиптік деректерді сапалық бақылау және негізгі компоненттерді талдау (PCA).* Біріктірілген генотиптік мәліметтердің сапасын қамтамасыз ету мақсатында сапалық бақылау (*quality control*) PLINK 1.09 бағдарламасын қолдану арқылы жүргізілді (Chang et al, 2015). Алғашқы өңдеулер *.map* және *.ped* форматындағы файлға жүргізілді. Өңдеуде *--geno* (0.05), *--mind* (0.01), *--maf* (0.05) және *--hwe* (0,001) опциялары қолданылды. Сонымен қатар, жақын тепе-теңдікте болатын маркерлерді алып тастау үшін *--indep-pairwise* 50 5 0.2 алгоритмі қолданылды. Нәтижесінде, сапалық бақылаудан өткен 308 үлгінің SNP-мәліметтері 22,865 тең және ондағы тазалық деңгейі 0.99947 мәніне ие болды.

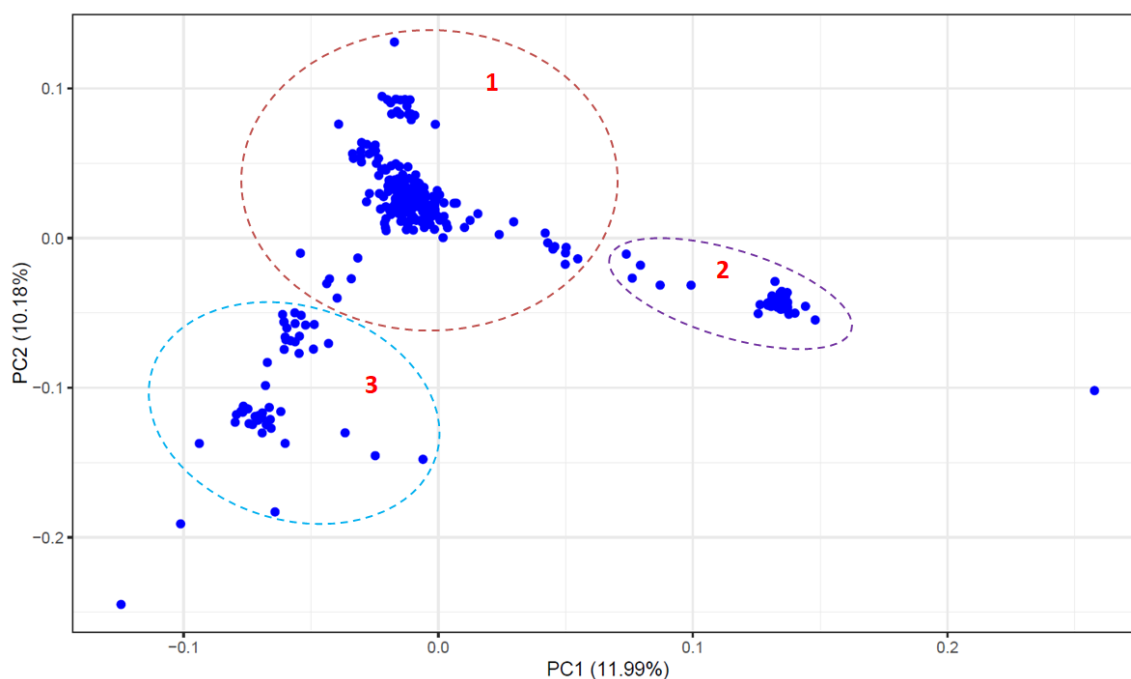
*Популяциялық құрылымды, генетикалық әртүрлілік және филогенетикалық талдау.* Популяциялық құрылымды және генетикалық қоспалардың деңгейін бағалау үшін ADMIXTURE (Alexander & Lange, 2011) бағдарламасы қолданылды. Талдау 2-5 кластер саны (*K*) арасында жүргізілді. Популяциялар арасындағы генетикалық айырмашылық деңгейін сандық бағалау мақсатында жұптық *Fst* көрсеткіштері анықталды. Популяциялар арасындағы байланыстарды анықтау үшін шекті мән қолданылған IBD-ге негізделген генетикалық ұқсастық қатынастары анықталды (Sticca et al., 2021). Нәтижелерді визуализациялау *RStudio* бағдарламасы көмегімен жүзеге асырылды (Wickham, 2016).

*Зерттеу нәтижелері және оларды талқылау*

Қостанай облысы Әуликөл ауданы Тимофеевка ауылында орналасқан Тимофеев-Агро шаруа қожалығынан жиналған 308 Әуликөл ірі қара тұқымына жүргізілген SNP генотиптеудің мәліметтері қолданылды. Сапалық бақылаудан кейінгі негізінде зерттеуде қалған SNP саны 22,865 тең болды. Үлгілердің тазалық деңгейі 0.99947. Бұл көрсеткіш зерттеу үлгілерінің келесі реттегі талдауына толық жарамдылығын көрсетеді. Ары қарай, осы SNP-мәліметтерінің негізінде PC1 және PC2 компоненттерінің салыстырмалы талдауы жүргізілді. Айта кету керек, мұндағы SNP-мәліметтері аутосомалық хромосомаларда орналасқан полиморфизмдерге негізделген. Талдау нәтижесінде бірінші негізгі компоненттің (PC1) жалпы генетикалық вариациясы 11.99% құраса, екінші негізгі компоненттің мәні (PC2) 10.18% тең болды (1-сурет).

**1-сурет**

Тимофеев-Агро шаруашылығынан жиналған үлгілердің PC1 және PC2 негізгі компоненттердің таралуын көрсететін график



PC1-PC2 координаттық жазықтығында үлгілердің басым бөлігі орталық аймақта шоғырланып, генетикалық тұрғыдан салыстырмалы түрде біртекті негізгі кластерді (1) қалыптастырады. Бұл негізгі ядролық кластер популяцияның басым бөлігін қамтып, зерттелген үлгілер арасында айқын популяциялық стратификацияның жоқтығын көрсетеді. Сонымен қатар, негізгі орталық кластерден оң жақ бағытта салыстырмалы түрде жинақы орналасқан шағын топ (2) байқалады. Аталған топ дербес популяция немесе жеке субпопуляция ретінде бөлінбегенімен, оның кеңістіктегі орналасуы популяция ішіндегі генетикалық вариацияның бар екенін және кейбір үлгілердің негізгі ядродан белгілі бір деңгейде ерекшеленетінін көрсетеді. Бұдан бөлек, PC1 және PC2 осьтері бойынша төменгі сол жақ бағытта орналасқан үлгілер тобы (3) анық байқалады. Бұл үлгілер негізгі кластерден салыстырмалы түрде алшақ орналасқанымен, олар да жеке дербес кластер түзбейді және жалпы популяциялық құрылымнан бөлініп шықпайды.

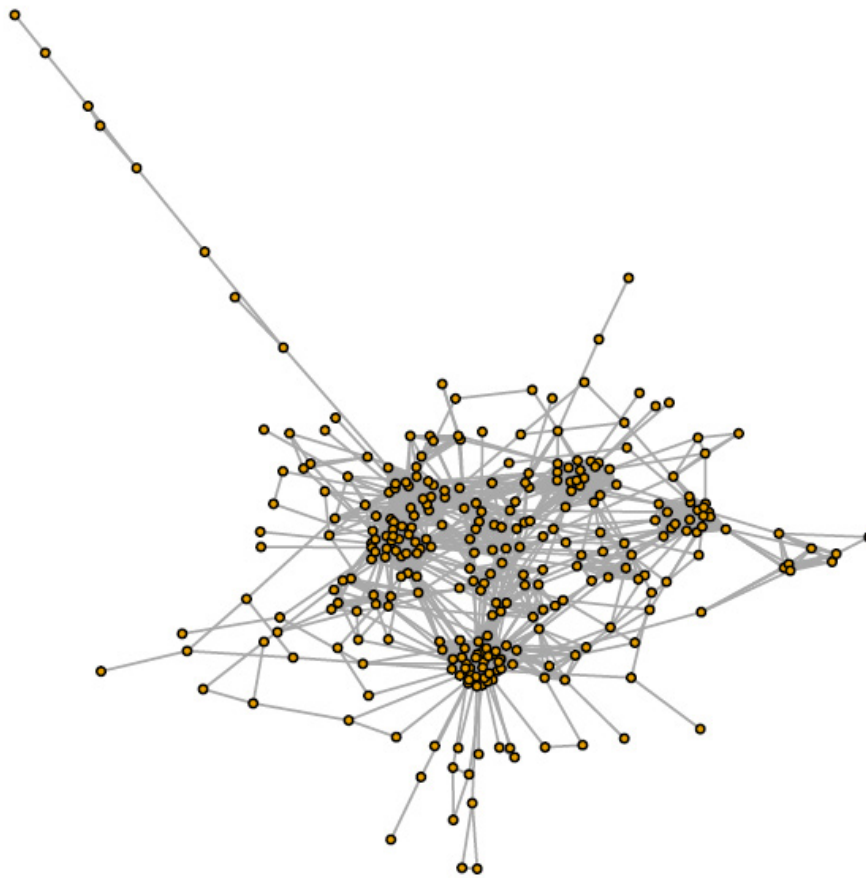
Жалпы алғанда, PCA нәтижелері зерттелген Әуликөл ірі қара популяциясының генетикалық құрылымы біртекті екенін, ал байқалған бағытты топтасулар популяция ішіндегі табиғи генетикалық вариацияның көрінісі екенін көрсетеді.

Келесі ретте зерттеудегі Әуликөл тұқымы үлгілерінің SNP-мәліметтеріне негізделген «ортақ ата-тектен таралу» (*identity-by-descent*, IBD) талдауы арқылы генетикалық ұқсастық анықталды. IBD талдауы нәтижесінде үлгілер арасындағы генетикалық ұқсастық қатнастары құрылды (2-сурет). Бұл байланыста шекті мәнді қолдану арқылы тек ең жақын генетикалық жұптар ғана тартылды. Алынған сипаттама бойынша орталық ядро және одан тарайтын шеткі тармақтар болатыны анықталды. Негізгі ядро зерттелген популяцияның басым бөлігін қамтып, үлгілер арасындағы жоғары генетикалық ұқсастықты көрсетті. Шеткі тармақтар мен тізбектелген құрылымдар популяция ішіндегі генетикалық вариацияның болатындығын және жекелеген туыстық қатынастар көрінісі ретінде қарастыруға болады. Бұл нәтиже PCA талдауында алынған мәліметтермен толық сай келеді.

Жұмыстың келесі бағыты бойынша Тимофеев-Агро шаруашылығына тиесілі 308 Әуликөл ірі қара үлгілері үшін аутосомалық SNP-мәліметтер негізінде ADMIXTURE талдауы жүзеге асырылды. Популяциялық құрылымның ықтимал деңгейін бағалау мақсатында кластер саны  $K=2$ -ден  $K=5$ -ке дейінгі мәндер аралығында есептелді (3-сурет).

**2-сурет**

*Шекті мән қолданылған IBD-ге негізделген генетикалық ұқсастық желісі (Әулікөл ірі қара малдары)*



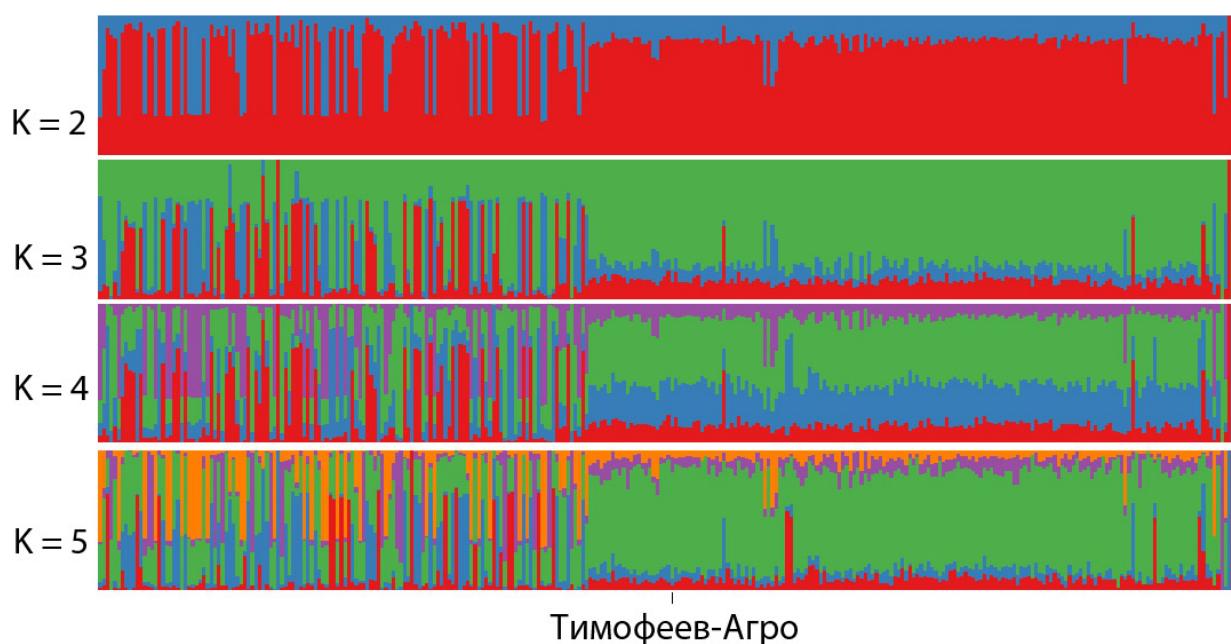
Мұндағы  $K=2$  жағдайында үлгілердің геномдық құрылымы екі ата-тектік компоненттің араласуымен сипатталады. Дегенмен, үлгілердің басым бөлігінде бір компоненттің басымдығы айқын байқалып, екінші компоненттің үлесі жекелеген үлгілерде ғана жоғары дәрежеде көрінеді. Бұл нәтиже зерттеу популяциясының біртекті екенін, ал байқалған айырмашылықтар популяция ішіндегі генетикалық вариацияға тікелей байланысты екенін көрсетеді.

Келесі  $K=3$  және  $K=4$  есептеулерінде қосымша ата-тектік компоненттер бөлініп көрсетілгенімен, олардың үлгілер арасында кең ауқымда және біркелкі таралуы айқын субпопуляциялық құрылымды қалыптастырмайтынын көрсетеді.

Аталған компоненттер жекелеген үлгілерде әртүрлі пропорцияда ғана көрініс беріп, геномдық құрамның күрделілігін және популяция ішіндегі тарихи немесе селекциялық факторлардың ықпалы екендігін көрсетеді. Соңғы  $K=5$  мәнінде ата-тектік компоненттердің араласу құрылымы айқын көрінеді. Үлгілердің басым бөлігінде бір негізгі компоненттің жоғары үлесі сақталғанымен, кейбір үлгілерде қосымша компоненттердің үлесі салыстырмалы түрде жоғарырақ байқалады. Алайда бұл үлгілер жеке дербес популяциялар немесе айқын субпопуляциялар түзеді деген сөз емес, керісінше жалпы зерттелген популяция ішіндегі генетикалық әртүрліліктің табиғи деңгейін көрсетеді.

**3-сурет**

Әуликөл ірі қара популяциясы үшін ADMIXTURE талдауының нәтижелері ( $K=2-5$ ). Әрбір тік баған бір үлгіні, ал түстер әртүрлі ата-тектік компоненттердің үлесін көрсетеді. Үлгілер Тимофеев-Агро шаруашылығынан алынған



ADMIXTURE нәтижелері алдыңғы жүргізілген PCA және IBD талдауларымен өзара үйлесімділік табады. PCA және IBD кеңістігінде негізгі орталық кластерді құрайтын үлгілер ADMIXTURE талдауында да бір негізгі ата-тектік компоненттің басымдылығымен сипатталады. Ал PCA барысында орталық кластерден екі бағытқа қарай салыстырмалы түрде алшақ орналасқан үлгілерде ADMIXTURE нәтижелері бойынша да қосымша ата-тектік компоненттердің үлесінің артуы байқалады. Жалпы алғанда, PCA, IBD және ADMIXTURE талдаулары бірін-бірі толықтыра отырып, Әуликөл ірі қара популяциясының генетикалық құрылымы тұтастай алғанда біртекті екенін, ал байқалған айырмашылықтар популяция ішіндегі табиғи генетикалық вариацияның көрінісі екенін растайды.

**Қорытынды**

Жүргізілген кешенді геномдық талдаулар (PCA, ADMIXTURE және IBD) зерттеудегі Тимофеев-Агро шаруашылығынан алынған Әуликөл ірі қара популяциясының генетикалық құрылымын жан-жақты сипаттауға мүмкіндік берді. PCA нәтижелері үлгілердің басым бөлі-

гінің орталық аймақта шоғырланып, мұнда айқын популяциялық стратификацияның болмауын көрсетті. Сондай-ақ, PCA кеңістігінде орталық кластерден екі бағытқа қарай орналасқан жекелеген үлгілер, бұл популяция ішіндегі генетикалық вариацияның бар екенін көрсетеді. Келесі реттегі IBD талдауынан алынған генетикалық ұқсастық сипаты популяцияның тұтастығын қосымша растады. Шекті мән қолданылған IBD қатнасында орталық ядро және одан тарайтын шеткі тармақтардың болуы популяция ішіндегі генетикалық ұқсастық болатынын көрсетеді. ADMIXTURE талдауы ( $K=2-5$ ) зерттелген популяцияда бір негізгі ата-тектік компоненттің басым екенін растады. Қосымша ата-тектік компоненттердің жекелеген үлгілерде әртүрлі пропорцияда көрінуі популяция ішіндегі геномдық әртүрлілікті көрсеткенімен, дербес субпопуляциялардың немесе айқын генетикалық бөлірудің болатынын көрсетпеді. Жалпы алғанда, PCA, ADMIXTURE және IBD талдаулары бірін-бірі толықтыра отырып, зерттелген Әуликөл ірі қара популяциясының генетикалық құрылымы біртекті екенін, айқын субпопуляциялық бөліудің жоқтығын және ішкі генетикалық әртүрліліктің табиғи деңгейде екенін көрсетті. Алынған

нәтижелер бұл популяцияның әрі қарай геномдық зерттеулер мен селекциялық бағдарламалар үшін жарамды әрі тұрақты генетикалық негізге ие екенін көрсетеді.

### Қаржыландыру көзі

Бұл жұмыс Қазақстан Республикасы Ауыл шаруашылығы министрлігінің 2024-2026 жылдарға арналған «BR22885686 «Молекулалы-генетиканың, селекцияның және цифрлық технологиялардың тиімді әдістерін қолдана отырып, ет бағытындағы тұқымдарды дамытуға арналған генетикалық жүйені әзірлеу» нысаналы-мақсатты қаржыландыру көмегі арқылы жүзеге асырылды.

### Авторлардың үлесі

*Бекманов Б.О.: концептуализация, ресми талдау, мақаланың бастапқы нұсқасын жазу, бақылау; Карымсаков Т.Н.: жобаны басқару, қаржыландыру, ресми талдау, бақылау; Сайлаубек П.Ж.: ресурстармен қамтамасыз ету, әдістеме, мәтінді редакциялау; Досыбаев Қ.Ж.: биоинформатикалық талдау, деректерді өңдеу, мәтінді редакциялау; Ергали Қ.: зерттеу, әдістеме, генотиптеу; Тореханов М.А.: әдістеме, мәтінді редакциялау; Қапасұлы Т.: зерттеу, әдістеме, нәтижелерді тексеру; Қожажамет А.: зерттеу, әдістеме, нәтижелерді тексеру; Тапелов А.: зерттеу, әдістеме, нәтижелерді тексеру; Бектасов З.: зерттеу, әдістеме, нәтижелерді тексеру.*

### Әдебиеттер

- Alexander, D., Lange, K. (2011). Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. *BMC Bioinformatics*, 12:246. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-246>.
- Beishova, I., Dossybayev, K., Shamshidin, A., Belaya, A., Bissembayev, A., Khamzin, K., Kovalchuk, A., Nametov, A. (2022). Distribution of homozygosity regions in the genome of Kazakh cattle breeds. *Diversity*, 14(4):279. <https://doi.org/10.3390/d14040279>
- Chang, C., Chow, C., Tellier, L., Vattikuti, S., Purcell, M., Lee, J. (2015). Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*, 4:s13742-015. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
- Kasarda, R., Moravcikova, N., Meszaros, G., Simcic, M., Zaborski, D. (2023). Classification of cattle breeds based on the random forest approach. *Livestock Science*, 267:105143. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2022.105143>.
- Khamzina, A., Igoshin, A., Muslimova, Zh., Turgumbekov, A., Khussainov, D., Yudin, N., Ussenbekov, Y., Larkin, D. (2025). Resequencing composite Kazakh Whiteheaded Cattle: insights into ancestral breed contributions, selection signatures, and candidate genetic variants. *Animals*, 15(3):385. <https://doi.org/10.3390/ani15030385>.
- Niyazbekova, Zh., Xu, Y., Qiu, M., Wang, H., Ibragimov, P., Nanaei, H., Ussenbekov, Y., Kassen, K., Liu, Y., Gao, C., Akhmetadykova, Sh., Ruzikulov, N., Jiang, Y., Cai, Y. (2025). Whole-genome sequencing reveals genetic architecture and selection signatures of Kazakh cattle. *Zoological Research*, 46(2):301-311. <https://doi.org/10.24272/j.issn.2095-8137.2024.235>.
- Sticca, E., Belbin, G., Gignoux, C. (2021). Current Developments in Detection of Identity-by-Descent Methods and Applications. *Frontiers in Genetics*, 12:722602. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.722602>
- Wickham, H. *Ggplot2: Elegant graphics for data analysis* (2nd ed.). (2016). Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-24277-4>
- Bisekenov, N., Kaldygulov, S., Kayumov, F., Tyulebaev, S. (2014). Auliekol'skaya myasnaya poroda krupnogo rogatogo skota [Auliekol beef cattle breed] // *Vestnik myasnogo skotovodstva*, 4(87), 20-24. (in Russian). <https://cyberleninka.ru/article/n/auliekolskaya-myasnaya-poroda-krupnogo-rogatogo-skota>
- Gizatova, A., Esengalieva, S., Rakhimgaliev, B., Kazambaeva, A. (2023). Problemy povysheniya ekonomicheskoy effektivnosti plemennyoy raboty v skotovodstve [Problems of increasing the economic efficiency of breeding work in cattle breeding] // *Gylim zhane Bilim*. 3(70), 237-248. (in Russian) <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2023-1-3-237-248>.
- Gubashev, N. (2007). Puti sovershenstvovaniya kazakhskogo belogolovogo skota v Zapadnom Kazakhstane [Ways of improving Kazakh Whiteheaded cattle in Western Kazakhstan] // *Vestnik myasnogo skotovodstva, Materialy mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii*, 60, 54-59. (in Russian).
- Zhanburshinov, Z., Zhuzenov, Sh., Kryuchkov, V., Akhmetalieva, A. (2012). Vyvedenie i sovershenstvovanie auliekol'skoy porody myasnogo skota [Breeding and improvement of the Auliekol beef cattle breed] // *Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*, 4(36), 99-102. (in Russian). <https://cyberleninka.ru/article/n/vyvedenie-i-sovershenstvovanie-auliekolskoy-porody-myasnogo-skota>

**Авторлар туралы мәлімет:**

Бекманов Бақытжан Орақбайұлы (корреспонденттік автор) – б.ғ.к., профессор, Жетекші ғылыми қызметкер, ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: bobekman@rambler.ru).

Карымсаков Талгат Николаевич – а.-ш.ғ.д., қауымдастырылған профессор, Басқарма төрағасының ғылым жөніндегі орынбасары, Қазақ мал шаруашылығы және жемісөп өндірісі ғылыми зерттеу институты, (Алматы, Қазақстан, e-mail: kartalgat@mail.ru).

Сайлаубек Пернебек Жеңісбекұлы – PhD-доктор, Ірі қара мал шаруашылығы секторының меңгерушісі, Қазақ мал шаруашылығы және жемісөп өндірісі ғылыми зерттеу институты, (Алматы, Қазақстан, e-mail: kazakh\_93\_bbn@mail.ru).

Досыбаев Қайрат Жумағалиевич – PhD-доктор, Биоинформатика және биостатистика зертханасының меңгерушісі, ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: doskairat1987.11@gmail.com).

Ергали Қанагат – магистр, Кіші ғылыми қызметкер, молекулалық генетика зертханасы, ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: ergaly.qanagat@gmail.com).

Тореханов Мерей Әдепханұлы – PhD-доктор, Аға ғылыми қызметкер, экспериментальды мутагенез зертханасы, ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: merei\_torehanov@mail.ru).

Қанасұлы Тілек – магистр, Ғылыми қызметкер, Биоинформатика және биостатистика зертханасы, ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: tilek.kapas@mail.ru).

Қожахмет Алтынай – PhD-докторант, Кіші ғылыми қызметкер, Биоинформатика және биостатистика зертханасы, ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: altynait@gmail.com).

Тапелов Айдар – аға лаборант, Биоинформатика және биостатистика зертханасы, ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты, (Алматы, Қазақстан, e-mail: tapelov.aidar@gmail.com).

Бектасов Зұлқарнай – аға лаборант, Биоинформатика және биостатистика зертханасы, ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты (Алматы, Қазақстан, e-mail: bekhtasov2004@mail.ru).

**Information about the authors:**

Bekmanov Bakytzhan Orakbaevich (corresponding author) – PhD, Professor, Leading Researcher, RSE “Institute of Genetics and Physiology” SC MSHE RK (Almaty, Kazakhstan, e-mail: bobekman@rambler.ru).

Karymsakov Talgat Nikolaevich – Doctor of Agricultural Sciences, Associate Professor, Deputy Chairman of the Board for Science, Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging (Almaty, Kazakhstan, e-mail: kartalgat@mail.ru).

Sailaubek Pernebek Zhenisbekuly – PhD, Head of the Cattle Breeding Sector, Kazakh Research Institute of Livestock and Foraging (Almaty, Kazakhstan, e-mail: kazakh\_93\_bbn@mail.ru).

Dossybayev Kairat Zhumagalievich – PhD, Head of the Bioinformatics and Biostatistics Laboratory, RSE “Institute of Genetics and Physiology” SC MSHE RK (Almaty, Kazakhstan, e-mail: doskairat1987.11@gmail.com).

Yergali Kanagat – Master’s Degree, Junior Researcher, Molecular Genetics Laboratory, RSE “Institute of Genetics and Physiology” SC MSHE RK (Almaty, Kazakhstan, e-mail: ergaly.qanagat@gmail.com).

Torekhanov Merey Adepkhanovich – PhD, Senior Researcher, Experimental Mutagenesis Laboratory, RSE “Institute of Genetics and Physiology” SC MSHE RK (Almaty, Kazakhstan, e-mail: merei\_torehanov@mail.ru).

Kapassuly Tilek – Master’s Degree, Researcher, Laboratory of Bioinformatics and Biostatistics, RSE “Institute of Genetics and Physiology” SC MSHE RK (Almaty, Kazakhstan, e-mail: tilek.kapas@mail.ru).

Kozhakhmet Altynay – PhD-student, Junior Researcher, Laboratory of Bioinformatics and Biostatistics, RSE “Institute of Genetics and Physiology” SC MSHE RK (Almaty, Kazakhstan, e-mail: altynait@gmail.com).

Tapelov Aidar – Senior Laboratory Assistant, Laboratory of Bioinformatics and Biostatistics, RSE “Institute of Genetics and Physiology” SC MSHE RK (Almaty, Kazakhstan, e-mail: tapelov.aidar@gmail.com).

Bekhtasov Zulkarnay – Senior Laboratory Assistant, Laboratory of Bioinformatics and Biostatistics, RSE “Institute of Genetics and Physiology” SC MSHE RK (Almaty, Kazakhstan, e-mail: bekhtasov2004@mail.ru).

**Сведения об авторах:**

Бекманов Бақытжан Орақбаевич (корреспондент автор) – к.б.н., профессор, ведущий научный сотрудник, РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: bobekman@rambler.ru).

Карымсаков Талгат Николаевич – д.с.-х.н., ассоциированный профессор, Заместитель председателя правления по науке, Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства (Алматы, Казахстан, e-mail: kartalgat@mail.ru).

Сайлаубек Пернебек Женисбекулы – PhD-доктор, Заведующий сектором разведения крупного рогатого скота, Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства (Алматы, Казахстан, e-mail: kazakh\_93\_bbn@mail.ru).

Досыбаев Кайрат Жумағалиевич – PhD-доктор, Заведующей лабораторией биоинформатики и биостатистики, РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: doskairat1987.11@gmail.com).

Ергали Қанагат – магистр, младший научный сотрудник, лаборатория молекулярной генетики, РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: ergaly.qanagat@gmail.com).

*Тореханов Мерей Адепханович – PhD-доктор, Старший научный сотрудник, лаборатория экспериментального мутагенеза, РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: merei\_torehanov@mail.ru)*

*Капасулы Тілек – магистр, научный сотрудник, лаборатория биоинформатики и биостатистики, РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: tilek.kapas@mail.ru).*

*Кожяхмет Алтынай – PhD-докторант, Младший научный сотрудник, биоинформатики и биостатистики, РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: altynaitg@gmail.com).*

*Тапелов Айдар – старший лаборант, биоинформатики и биостатистики, РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: tapelov.aidar@gmail.com).*

*Бектасов Зұлқарнай – старший лаборант, биоинформатики и биостатистики, РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК (Алматы, Казахстан, e-mail: bekhtasov2004@mail.ru).*

*Келіп түсті: 8 қаңтар 2026 жыл  
Қабылданды: 15 маусым 2026 жыл*