

ҚАЛМАҚ ТҰҚЫМЫ МАЛЫНАН АНЫҚТАЛҒАН ПОЛИМОРФТЫ ГЕНДЕРДІҢ ДЕНЕ ӨЛШЕМДЕРІ МЕН ТІРІ САЛМАҒЫНЫҢ ӨСУІНЕ ӘСЕРІ

Қажғалиев Н.Ж.*, ауыл шаруашылығы ғылымдарының докторы, профессор
kazhgaliev.n@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5122-9030>

Нүргүлсім Қ., PhD
kacter-83@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8160-9747>

Маханбетова А.Б., PhD
aikabek80@mail.ru, <http://orcid.org/0000-0001-9858-9631>

Жумағалиева С.М., ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты
sanya270181@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1860-4721>

Хасен Ж.С., 8D132 «Мал шаруашылығы» БББ-ның 2-курс докторанты
hasenov.zhandos1990@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4333-0945>

С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Астана қ., Қазақстан

Аңдатпа. Мақалада қалмақ тұқымы малынан анықталған CRTC2 және ELOVL6 гендерінің дене өлшемдері мен тірі салмағының өсуіне әсері бойынша зерттеу нәтижелері баяндалған. Зерттеу объектісі ретінде қалмақ тұқымының 18 айлық қашарлары алынды. Біздің зерттеулерімізде CRTC2 және ELOVL6 гендерінің Қалмақ тұқымының ет сапасына әсері зерттелді, CRTC2 (NM_001076250.1) гені транскрипциялық реттеуші ген, ірі қараларда 3 хромосомаларда орналасқан болып, ағзада бұлшық ет аралық май жасушаларының қалыптасуын реттеуге қатысатыны байқалса, ELOVL6(NM_001102155.1) гені ағзада май қышқылының түзілуін реттеуші ген, ірі қараларда 6 хромосомаларда орналасқан, зерттеулер ELOVL6 гені механизмнің қашарлардың май жасушаларындағы май қышқылдарының алмасуына қатысып, ет сапасының жақсаруына әсерінен тигізетіндігін көрсетті.

Зерттеу жұмысының нәтижесінде, SNP зерттеу әдісі бойынша тек зерттеудің екінші кезеңінде мақсатты екі геннің (CRTC2, ELOVL6) бірі ELOVL6 генінің тізбектерінен g133528A>G мутациялық орынын байқадық, осы мутация бойынша үш генотипі AG гетерозигота, AA гомозигота және GG гомозиготаларының Қалмақ тұқымы 18 айлық қашарларының фенотиптік көрсеткіштеріне байланысында, AG гетерозиготалы генотипі жануарлардың өсіп дамуында, яғни дене салмағының артуына, дене ұзындығына, бойының биіктігінің жетілуіне, кеуде бөлігінің кеңеюіне айтарлықтай әсер ететіндігін байқадық, бұл нәтиже осы AG генотипі бар қашарларды табында іріктеп алып селекцияда қолдануға болады дегенді білдіреді.

Тірек сөздер: қалмақ тұқымы малы, генотип, полиморфты гендер, ДНҚ маркерлері, дене өлшемдері, тірі салмағы.

Кіріспе. Етті ірі қара малдың өнімділік қасиеттері үшін функционалдық маңызы бар кандидаттық гендерді тереңдетіп зерттеу молекулалық-генетикалық селекция әдістерін жетілдіруге және селекциялық бағдарламалардың тиімділігін арттыруға мүмкіндік береді. Зат алмасуды, энергетикалық тепе-теңдікті және бұлшықет тінінің дамуын реттеуге қатысатын гендерге ерекше назар аударылады, өйткені бұл процестер тірі салмақ, тәуліктік өсім және ет сапасы сияқты негізгі өнімді белгілердің қалыптасуының негізінде жатыр [1, 2, 3].

Мәселен, CRTC2 (CREB-реттелген транскрипция коактиваторы 2), сонымен қатар TORC2 ретінде белгілі, сүтқоректілердегі метаболизмді реттеуде маңызды рөл атқаратын транскрипциялық коактиватор болып табылады. Бұл ақуыз бірнеше метаболикалық каскадтардың, соның ішінде PI3K/Akt, AMPK және инсулин және глюкагон арқылы жүретін гормоналды жолдардың сигналдарын біріктіруге қатысады. Реттеуші желілердегі орталық орналасуына байланысты CRTC2 глюконеогенезді, липогенезді және миогенезді бақылайтын гендердің белсенділігіне әсер етіп, оны дененің энергетикалық балансының маңызды факторына айналдырады [4].

Сонымен бірге, CRTC2 гені (CREB арқылы реттелетін транскрипция коактиваторы 2)

гормондар мен қоректік заттардан жасуша ядросына сигнал тасымалдауға қатысатын негізгі факторлардың бірі болып табылатын CREB коактиваторы ретінде әрекет ете отырып, энергия алмасуы мен транскрипциялық белсенділікте маңызды реттеуші рөл атқарады. CRTC2 генінің экспрессиясы негізінен бауыр, қаңқа бұлшықеттері және май тіндері сияқты метаболикалық белсенді тіндерде байқалады. Бұл органдар энергетикалық гомеостазды, глюкозаны, липидті және ақуыз алмасуын реттеудің негізгі орталықтары болып табылады, бұл жануарлар физиологиясында CRTC2 функционалдық маңыздылығын атап көрсетеді. Керісінше, жоғары инсулин деңгейі және жеткілікті энергиямен қамтамасыз ету жағдайында CRTC2 фосфорланады, цитоплазмада сақталады және белсенді емес болады, бұл ресурстарды жұмылдырумен байланысты метаболикалық гендердің экспрессиясының басылуына әкеледі. Бауырда CRTC2 глюконеогенездің инсулинге тәуелді реттелуіне қатысады және PEPCK және G6Pase сияқты негізгі ферменттердің экспрессиясын бақылайды. Қаңқа бұлшықетінде CRTC2 белсенділігі жаттығуларға бейімделумен және миоциттерде энергия алмасуын реттеумен, соның ішінде митохондриялық биогенезді және май қышқылын пайдалануды бақылайтын гендердің коактивациясы арқылы байланысты болуы мүмкін. Май тінінде CRTC2 липолиз мен липогенезді реттеуге қатысады, адипокин деңгейіне және инсулинге сезімталдыққа әсер етеді [5,6].

CRTC2 глюконеогенезді, липидтер алмасуын және энергия бейімделуін реттейтін CREB-тәуелді гендердің коактиваторы ретінде қызмет етеді. Сонымен бірге, CRTC2 қант пен май қышқылының метаболизміне әсер ете алады, бұл белгілі бір жағдайларда дене салмағының жоғарылауына және бұлшықет ішіне майдың жиналуына әкелетін субстраттарды пайдаланудың жоғарылауына ықпал етеді. Сонымен қатар, бірқатар эксперименттер CRTC2 жоғары калориялы диетадан туындаған семіздік фенотипін қалыптастыруға қатысатынын көрсетті. CRTC2 реттелуі бұзылған генетикалық түрлендірілген модельдер бауырдың липидті инфильтрациясының белгілерін көрсетті, энергия тиімділігін төмендетті және тіндерде майдың жиналуының жоғарылауын көрсетті. Бұл деректер CRTC2 экспрессиясындағы немесе фосфорлануындағы шамалы өзгерістердің өзі жануардың метаболикалық күйіне айтарлықтай әсер ететінін көрсетеді. CRTC2 (CREB regulated transcription coactivator 2, ID: 540959) гені транскрипциялық реттеуші ген, ірі қараларда 3 хромосомаларда орналасқан болып, ағзада бұлшық ет аралық май жасушаларының қалыптасуын реттеуге қатысады. Сондай-ақ, CRTC2-нің энергия алмасуындағы, глюкозаның реттелуіндегі және липогенездегі белгіленген функцияларын ескере отырып, бұл ген етті ірі қара малдарының молекулалық селекциясында қолдануға перспективалы кандидат болып саналады. Ірі қара малда CRTC2 генінің аймағындағы полиморфизмдер тірі салмақ, өсу қарқыны, мәрмәрлену және майдың шөгуі сияқты белгілерге әсер етуі мүмкін. CRTC2 генотиптеріне негізделген маркер көмегімен таңдауды пайдалану, әсіресе қарқынды бордақылау жағдайында, қажетті өнімділік сипаттамалары бар жануарларды дәлірек таңдауды жеңілдетуі мүмкін [6, 7].

Атап айтқанда, Цинчуань мал тұқымында CRTC2 генінің құрылымында үш полиморфты позиция анықталды: g.3001C>T, g.3034G>A және g.3467T>C. Қауымдастық талдауы көрсеткендей, бұл SNP тірі салмақ көрсеткіштерімен, дене өлшемдерімен, тері астындағы майдың қалыңдығымен және бұлшықет ішілік май құрамымен айтарлықтай корреляцияланады, бұл ет мәрмәрін бағалаудың маңызды параметрі [7, 8].

Майлы және бұлшықет тініндегі CRTC2 транскрипциясын жақсартатын гаплотиптер дене өлшемдерінің жоғарылауымен, жақсы бордақылау өнімділігімен және айқынырақ мәрмәрмен байланысты екендігі анықталды [8].

Ал, ELOVL6 (өте ұзын тізбекті май қышқылдарының ұзаруы 6) гені май қышқылдарының ұзаруына қатысатын негізгі ферментті кодтайды, ең алдымен липогенездің маңызды кезеңдерінің бірі болып табылатын C16-дан C18-ге ауысады. Бұл фермент ұлпалардағы липидтердің құрамын және олардың зат алмасу бағытын анықтай отырып, ұзын тізбекті қаныққан және бір қанықпаған май қышқылдарының биосинтезін катализдейді. Ірі қара малда ELOVL6-ның ең жоғары экспрессиясы май тінінде байқалады, бұл оның

липидтер депосының қалыптасуы мен жинақталуындағы функционалды рөлін атап көрсетеді [9, 10].

Бұл май жасушаларының дифференциациясында және липидтер алмасуын бақылауда ELOVL6 маңызды рөлін көрсетеді. ELOVL6-ның ірі қара малдың өнімділік қасиеттеріне әсері ең алдымен май қышқылдарының құрамын және бұлшықетішілік май деңгейін реттеу арқылы жүзеге асырылады. Ірі қара малдың адипоциттеріне жүргізілген функционалды эксперименттердің деректері *in vitro* ELOVL6 шамадан тыс экспрессиясы стеарин (C18:0) және арахидондық (C20:4 n-6) қышқылдарының концентрациясын арттыра отырып, миристикалық (C14:0) және пальмитин (C16:0) қышқылдары үлесінің төмендеуіне әкелетінін көрсетті. Май қышқылдарының құрамындағы бұл өзгерістер ELOVL6-ның C16-дан C18-ге дейін және одан әрі тізбектерді ұзарту, қысқа тізбекті липидтердің жинақталуын азайту және жұмсақ және тұрақты май фракцияларының түзілуіне ықпал ететін ферментативті қабілетімен байланысты [10, 11].

Май қышқылдарының профиліндегі мұндай ығысулар еттің консистенциясы мен дәміне, сондай-ақ мәрмәр дәрежесіне әсер етеді. Стеарин қышқылы мен қанықпаған май қышқылдарының үлес салмағының жоғарылауы бөлме температурасында пластикті сақтайтын жұмсақ май тінінің пайда болуына ықпал етеді. Бұл қасиет сиыр етінің органолептикалық қасиеттерін арттыру факторларының бірі болып саналады [11].

Сонымен қатар, эксперименттік жағдайларда ELOVL6 экспрессиясының басылуы май алмасуын реттейтін гендердің экспрессиялық профилінің өзгеруімен бірге жүретін Wnt/ β -катенин жолын қоса алғанда, альтернативті липолитикалық және сигналдық жолдардың белсендірілуіне әкеледі [12]. Етті ірі қара малда DGAT1 өзгерістері ең алдымен еттің мәрмәрленуі және тері астындағы майдың қалыңдығы сияқты белгілерге әсер етеді. Герефорд, ангус және бұқалардың басқа тұқымдарына жүргізілген бірқатар зерттеулер K232A локусында K аллелінің тасымалдаушылары A аллелі үшін гомозиготалы жануарлармен салыстырғанда бұлшық етішілік майдың жоғары деңгейін және жақсы мәрмәр көрсеткішін көрсеткенін көрсетті [13].

Сонымен қатар, K аллелінің болуы зебу (мысалы, Нелор) сияқты жануарлардың кейбір популяцияларында полиморфизмнің әсері азырақ білінеді және қосымша валидацияны қажет ететініне қарамастан, майдың үлкен қалыңдығымен байланысты екені анықталды [14]. Айта кетерлігі, соңғы жылдары Қазақстанда қазақтың ақбас, әуликөл және қалмақ тұқымдарының генетикалық ресурстары кеңінен қолданылып, отандық мал тұқымдарының генофондын байытуға ықпал етті. Солардың ішінде қалмақ ірі қара мал тұқымы өзінің бойшаңдығымен, генетикалық тұрақтылығы мен бейімделгіштігімен Қазақстанда кең тараған етті қара мал тұқымы болып табылады.

Қазіргі уақытта Қазақстанда 63720 мыңнан астам қалмақ ірі қара малы өсіріледі, бұл жалпы етті ірі қара малының 8,8% үлесін құрайды. Дегенмен, экзотикалық тауарлы етті малмен салыстырғанда, қалмақ малының экономикалық ерекшелігі бұлшықетішілік майдың немесе мәрмәрлігінің төмен деңгейі және тері астындағы майдың аз байлануы сияқты кемшіліктермен айтарлықтай шектеледі [19]. Ғалымдардың бұған дейінгі ғылыми зерттеулерінің нәтижелері көрсеткендей, Қазақстанда кейбір полиморфты гендердің қалмақ тұқымды етті ірі қара малы етінің май ұлпасына әсері туралы мәліметтер жеткіліксіз. Мысалы, анықталған генотиптердің дене өлшемдерімен және ұшасы сипаттамаларымен байланысы анықталмаған, ал генотиптердің қалмақ тұқымының тері асты майының қалыңдығының, бұлшықетішілік майдың, көз бұлшықетінің аймағының және дене өлшемдерінің айырмашылығымен байланысы анықталмаған [15,16, 17].

Осыған байланысты, кейбір полиморфты гендердің Қазақстан жағдайында, қалмақ тұқымының етінің май құрамына және оның ет сапасына байланысын зерттеу және ірі қара мал етінің сапасын жақсарту жолдарын іздеу өзекті болып табылады, ал зерттеу жұмыстары ғылыми және практикалық қызығушылық тудырады. Зерттеудің мақсаты: CRT2, ELOVL6 гендеріндегі жеке полиморфты локустардың (SNPs) бұлшықеттердегі майдың мөлшеріне әсерін және оның Қазақстанның әртүрлі жағдайларында өсірілетін қалмақ ірі қара мал

тұқымының өсу және еттің сапалық белгілерімен байланысын анықтау.

Зерттеу әдістері және материалдары. *Зерттеу объектісі* ретінде 18 айлық 400 бас қалмақ тұқымы қашарларын кездейсоқ іріктеу әдісі арқылы таңдалды. Биоматериал ретінде қан алынды. Зерттеу жұмыстары Қазақстанның әртүрлі аймақтарындағы 2 шаруашылықта жүзеге асырылды. Ақтөбе және Жамбыл облысының тәжірибелік шаруа қожалықтарында («Қазақ Асылдары» ЖШС және «Агрофирма Түрікпен» ЖШС) кездейсоқ іріктеу әдісімен 18 айлық қашарлардың жалпы 400 басы іріктеліп алынды және зертханалық зерттеу жұмыстары С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университетінің молекулалық генетика зертханасында орындалды.

Барлық табынның зоотехникалық талдауы, жыныстық-жас топтары бойынша, сондай-ақ табынның генеалогиялық құрылымын анықтау, барлық жыныстық-жас топтарының құрылымы мен азықтануы, зерттелетін малдардың өсуі мен даму көрсеткіштерін зерттеу жалпы қабылданған әдістеме бойынша жүргізілді. Зерттеу жұмыстарын жүзеге асыруда 2024-2025 жылдары кейбір полиморфты гендер зерттеліп анықталды, бұл үшін 400 бас қалмақ тұқымының қашарларынан қан сынамалары алынды. Бұл интегративті тәсіл жануарлардың жан-жақты фенотиптік сипаттамасын жүргізуге ғана емес, сонымен қатар генотиптер мен өнімділік көрсеткіштері арасындағы мүмкін болатын ассоциацияларды анықтауға мүмкіндік берді. Кешенді зерттеудің мақсаты ет тұқымды жануарлардың белгілі бір локустардағы генетикалық нұсқалары мен экономикалық пайдалы белгілердің көрінісі арасындағы байланысты анықтау болды.

Зерттеуге шаруашылықтарда бірдей күтіп бағу жағдайындағы 600 бас қалмақ тұқымы қашарларынан ДНҚ бөліп алу үшін 1.5 мл көлемінде қан үлгілері алынып, университеттің лабораториясына жеткізіліп -20°C сақталынды. Қан үлгілерінен ДНҚ бөліп алу GeneJET Genomic DNA Purification Kit реагентінің көмегімен бөліп алынды, бөліу үдерісі реагент протоколы бойынша жүрілді. Алынған ДНҚ сапасы электрофорез құрылғысының көмегімен талданды. Қашарлардың дене бітімін бағалау үшін келесідей сызықтық дене өлшем параметрлері қамтыды: тұрқының қиғаш ұзындығы, шоқтығының биіктігі, кеуде тереңдігі мен кеуде орамы және т.б. Қашарлардың тірілей салмағын статистикалық өңдеу үшін, ащ қарында таңертеңмен жекелеп таразыда өлшеу арқылы анықталды. Алынған параметрлер ет сипаттамалары бойынша селекциялық мәнді есептеу және кейіннен генотиптермен салыстыру үшін негіз болды.

CRTC2 генін күшін арттыру үшін праймерлер тізбек реакция (ПТР) әдісі қолданылды. Геннің күшін арттыру T100 термиялық циклінде (Bio-Rad, АҚШ) арнайы іріктеп алынған праймерлер арқылы жүргізілді. ПТР тиімділігі гельдік электрофорез арқылы бақыланды, содан кейін BfaI ферментін қолдану арқылы шектеу жануарлардың генотиптерін анықтауға мүмкіндік берді.

ПТР өнімін генотиптеу екі кезең бойынша жүргізілді:

1) ПТР өнімін тазарту- ExoSAP-IT™ PCR Product Cleanup (Thermo Scientific, Lithuania) реагентінің көмегімен орындалды, жұмыс барысы реагент протоколы бойынша жүргізілді.

2) тізбектік ПТР (sequencing PCR) жүргізу- жұмыс BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit реагентінің көмегімен жасалды.

Біз зерттеу барысында SNP зерттеу тәсілін қолдандық, SNP (Single Nucleotide Polymorphism) ДНҚ тізбегіндегі бір нуклеотидтің (A, T, G немесе C) өзгерісін, бір түрдің өкілдерінің геномында немесе гомологты хромосомалардың гомологты учаскелеріндегі өзгерістерін анықтадық. Бұл локустар арасындағы теңсіз байланыс пен толық геномдық ассоциациялар іздеуді (GWAS) зерттеу үшін генетикалық маркерлер ретінде қолдануға мүмкіндік берді.

Генотиптеу: арнайы платформалар (мысалы, PCR, TaqMan, SNP-чиптер) арқылы әр үлгіден SNP-тер анықталады. Сонымен бірге, ассоциация анализі: SNP пен фенотиптік белгілер (салмақ, өсу қарқыны, өнім сапасы) арасындағы байланыс талданады.

Бұл зерттеуде ПТР энергетикалық метаболизмді реттеуге байланысты және етті ірі қара малының өнімділік қасиеттеріне ықтимал әсер ететін CRTC2 генінің аймағын күшейту

үшін пайдаланылды. Реакция T100 термиялық циклдерде 25 мкл көлемінде жүргізілді. CRTC2 және ELOVL6 гендерінің кодталған тізбектерінен ПТР үшін 150-200 bp праймерлер дайындалды. CRTC2, ELOVL6 гендерінің жануарлардың етінің сапасы мен дене бітіміне әсері ПТР аппаратының көмегімен SNP талдауын жүргізу арқылы анықталды. Сондай-ақ кейбір полиморфты гендердің осы мүшелердің жетілуіне әсер ету деңгейлері, qRT-ПТР зерттеулерін қолдана отырып, әртүрлі тіндердегі экспрессиялық профильдер анықталады[19].

Қашарларды 18 айлық жаста тірі кезінде ет сапасы (бұлшықет көз аймағы, тері асты май қабатының қалыңдығы) - ультрадыбыстық жабдықты пайдалана отырып, 12 және 13-қабырғалар арасындағы деңгейде өлшеу жүргізу арқылы анықтадық.

Зерттеу ақпаратты жинау мен өңдеудің заманауи әдістерін қолдана отырып, сертификатталған жабдықта (үшінші тарап қызметтері) ғана жүргізілді. Алынған деректер Microsoft Excel электрондық кестелері арқылы вариациялық статистикамен өңделді.

Зерттеу нәтижелері. Қалмақ тұқымы малынан анықталған CRTC2 және ELOVL6 гендерінің дене өлшемдері мен тірі салмағының өсуіне әсері бойынша зерттеу мақсатында дене өлшем көрсеткіштеріне салыстырмалы талдау жүргізу үшін 18 айлық қашарлар тандалды. Дене өлшемдер негізгі сызықтық параметрлері мен тірі салмақты қамтыды, бұл қашарлардың дене бітімінің біркелкілігін және тұқымдық стандарттарға сәйкестігін бағалауға мүмкіндік берді. Нәтижелер әрбір белгі бойынша орташа мәндерді ($\bar{X} \pm Sx$), стандартты ауытқуды (σ) және өзгеру коэффициентін ($CV\%$) көрсететін 1-кестеде берілген.

1- кесте – Қалмақ тұқымы қашарларының (18 айлық) дене өлшемдері (см) мен тірі салмағы (кг)

Көрсеткіштер	«Қазақ Асылдары» ЖШС (n=200)	σ	$C_v, \%$	«Агрофирма Турикпен» ЖШС (n=200)	σ	$C_v, \%$
Тірі салмағы, кг	334,29 $\pm$ 2,53	11,40	3,97	343,18 $\pm$ 2,66	15,07	4,11
Тұрқының қиғаш ұзындығы, см	136,94 $\pm$ 0,67	3,82	2,89	138,75 $\pm$ 0,58	3,30	2,48
Шоқтығының биіктігі, см	120,81 $\pm$ 0,54	3,04	2,52	121,32 $\pm$ 0,26	1,54	1,22
Кеуде орамы, см	123,8 $\pm$ 0,65	3,67	2,98	125,22 $\pm$ 0,83	4,70	3,35
Кеуде тереңдігі, см	56,78 $\pm$ 0,37	2,09	2,20	57,16 $\pm$ 0,52	2,95	4,83
Тері асты май қалыңдығы, см	0,76 $\pm$ 0,01	0,07	9,64	0,81 $\pm$ 0,01	0,06	7,06
Бұлшық ет көзі қалыңдығы, см	3,43 $\pm$ 0,01	0,11	3,34	3,53 $\pm$ 0,01	0,06	7,04
Стандарт живой массы, кг	320	—	—	320	—	—

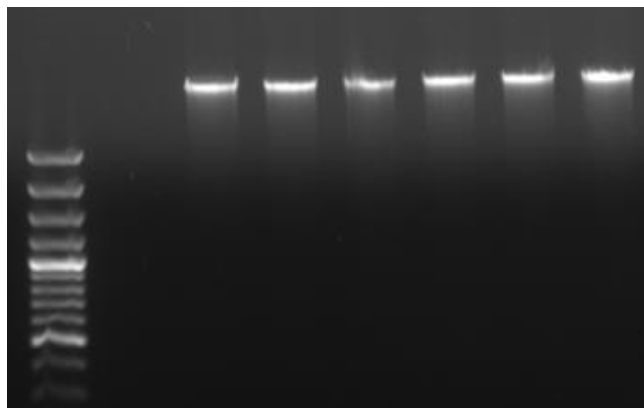
Қалмақ тұқымы қашарларын дене өлшемдері бойынша талдауы екі шаруашылықтағы жануарлардың жақсы дамуы мен тұқым түріне сәйкестігін көрсететін сыртқы көрсеткіштері жоғары екенін көрсетті. Қалмақ тұқымы қашарларының тұрқының қиғаш ұзындығы, шоқтығының биіктігі және кеуде тереңдігі сияқты параметрлер бойынша біршама жоғары абсолютті мәндермен сипатталды, бұл күшті қаңқаны және кең күтім жағдайларына бейімделуді көрсетуі мүмкін.

Екі шаруашылықтағы қашарлардың сыртқы пішіні бойынша селекциялық белгілердің көпшілігі үшін вариациялық коэффициенттердің төмен мәндері мал басының біртектілігінің жоғары дәрежесін растайды, бұл одан әрі селекциялық жұмыс үшін оң фактор болып табылады. Осылайша, Қалмақ тұқымы қашарларының екі шаруашылық бойынша орташа тірі салмағы 334,29 кг және 343,18 кг құрап, тұқым стандартының бірінші класс стандартынан 4,4 және 7,2 % жоғары екенін көрсетті.

Зерттеудің молекулярлық-генетикалық кезеңі қалмақ тұқымы ірі қара малы қашарларының өнімділік белгілерімен байланысты CRTC2 және ELOVL6 гендеріндегі полиморфты локустарды анықтауға бағытталды. Талдаудың бірінші кезеңінде сәйкес ДНҚ

аймақтарының ерекшелігін ескере отырып, қолжетімді нуклеотидтер тізбегі негізінде алдын ала таңдап алынған төрт жұп праймер пайдаланылды (1-кесте). Праймерлердің әрбір жұбы денатурация, жасыту және ұзарту кезеңдерін қоса, стандартты ПТР температура профилін пайдаланып күшейту мүмкіндігіне сыналған.

Қан үлгілерінен ДНҚ бөліп алу GeneJET Genomic DNA Purification Kit реагентінің көмегімен бөліп алынды, бөліу процессі реагент протоколы бойынша жүрілді. Алынған ДНҚ сапасы электрофорез құрылғысының көмегімен талданды (сурет 1).



1-сурет – Қалмақ тұқымы сиырларының қан үлгілерінен алынған ДНҚ сапасының электрофорез көрсеткіші

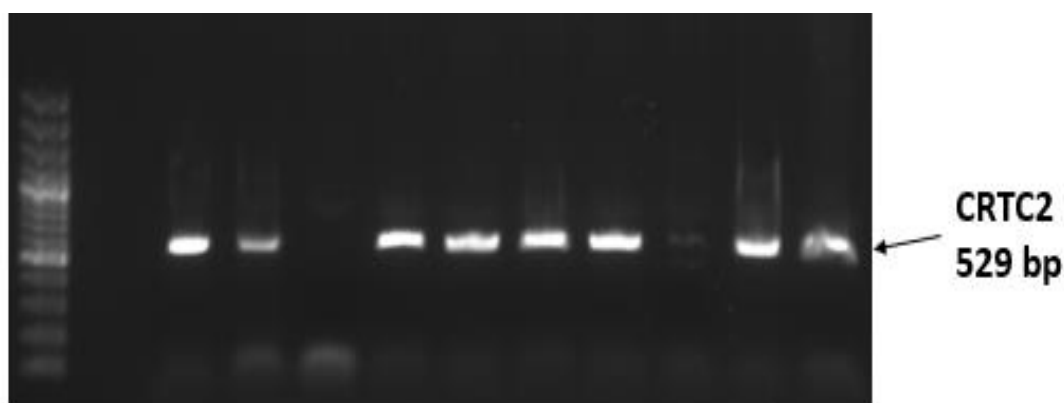
Электрофорез нәтижесі қан үлгілерінен алынған ДНҚ сапасының жақсы екендігін, арымен қарай зерттеуге қолдануға болатындығын көрсетеді.

NCBI гендік базасынан CRTC2 (NM_001076250.1) ELOVL6(NM_001102155.1) гендерінің mRNA аймағынан Primer-BLAST бағдарламасы арқылы 205 bp, 529 bp , 240 bp, 759 bp нуклеотид ұзындығындағы 4 жұп праймер дайындалды (кесте 1). Полимеразалық тізбекті реакция (ПТР) DreamTaq Hot Start PCR Master Mix (2X) (Thermo Scientific, Lithuania) реагентінің көмегімен жасалды, ПТР үдерісі реагент протоколы бойынша:

2-кесте – CRTC2, ELOVL6 гендерінің праймерлер тізбегі

Primer	Sequence (5'-3')	Fragment size	Tm/°C
CRTC2 F1 CRTC2 R1	TTCATCTCGGAGCACTCGAC TCGAAACAACGTGCCCTTCTCT	205 bp	58.93
CRTC2 F2 CRTC2 R2	GTGGCTTGTATTGGGAGGGT AGTCGAAACAACGTGCCCTTCT	529 bp	59.90
ELOVL6 F1 ELOVL6 R1	CGTAGCGACTCCGAAGATCA CTGCAAGGGTCAGAGACCAG	240 bp	57.65
ELOVL6 F2 ELOVL6 R2	AAGATCAGCCCCAGTGAACA AAGTGGCAGAAGAGCACGAA	759 bp	58.05

ПТР тестілеу нәтижесі бойынша CRTC2 генінің 1-праймері және ELOVL6 генінің 2 праймері Қалмақ тұқымының жалпы геномындағы өз локастарын таба алмады, себебі жұмысты жасау барысында праймер дизайны дұрыс құрылмауы, немесе алынған ДНҚ тазалығының нашар болуы, немесе тағыда басқа себептер болуы мүмкін, себептер әліде қарастырылып жатыр. Тек CRTC2 генінің 2-праймері жалпы геномдағы өз локусын тауып орналасты 529 bp (сурет 2).



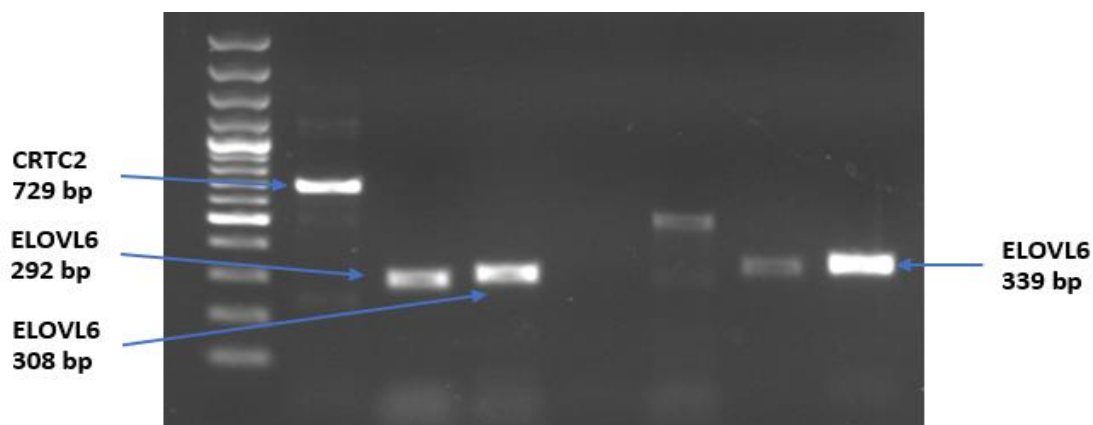
2-сурет – CRTC2 праймерінің ПТР өнімдерін электрофорез арқылы анықтау (529 bp)

CRTC2, ELOVL6 гендерінің 4 праймері (Кестел) негізінде жүргізілген SNP талдауында зерттеудің бастапқы бөлімінде полимеразды тізбекті реакцияда (ПЦР) тек бір праймер CRTC2 529 bp бойынша сәтті шықты.

Генотиптеу нәтижесі Қалмақ тұқымының жалпы геномында CRTC2 генінің 2-праймерінің локустары орналасқан бөлігінде ешқандай мутация жоқ екенін көрсетеді, сол себепті біз зерттеуді армен қарай жалғастырып CRTC2 және ELOVL6 гендерінің басқада паймер дизайындарын құру арқылы гендердің басқа бөліктерінен қарастырдық. Зерттеу кезеңінің 2-кезеңінде CRTC2, ELOVL6 гендері бойынша жаңадан праймерлер дайындап зерттеуді қайталадық.

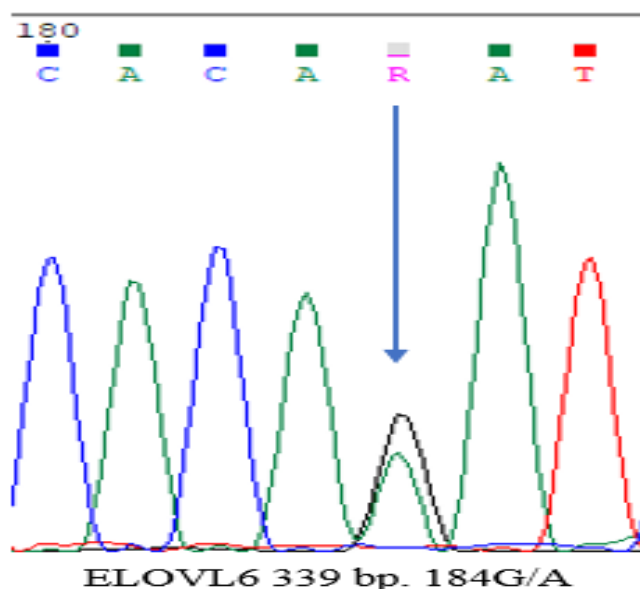
CRTC2, ELOVL6 гендрінің праймерлер тізбегі: CRTC2 F - GGCGTCTTGAAGAGTTCA - 729 bp; CRTC2 R - CTCTGGCTCTCTCCTCCACT - 729 bp; ELOVL6 F1 - TCAGGGCGTGTT TCTCATTGC - 292 bp; ELOVL6 R1 - ACTGGGAGAAACGCATAC - 292 bp; ELOVL6 F2 - CCAT CATCTCTTCAGGGCGTG-308 bp; ELOVL6 R2 - AGGATACTGGGAGAAACGCA -308 bp; ELOVL6 F3 - ATGTTGCCAAATGGACTC - 176 bp; ELOVL6 R3 - CAGAAAAACAAAATCTCA -176 bp; ELOVL6 F4 - TCTCTTTAGGGAAGGGGGCA - 497 bp; ELOVL6 R4 - AGAGGAGATGGCCTG AGTGT - 497 bp; ELOVL6 F5 - TGAAGCCTATCGGAGAAT- 325bp; ELOVL6 R5 - CAGATCAAAC CTCCAGAT - 325 bp; ELOVL6 F6 - CTGCCCCACTATGCTGCAAT - 339 bp; ELOVL6 R6 - AGA CAGTTAGAAGGATGGGAGTAAA - 339 bp.

Зерттеудің 2-кезеңінде жоғарыда келтірілген полимеразды тізбекті реакция (ПТР) бөлімінде CRTC2, ELOVL6 гендерінің қайталай дайындалған 7 праймер бойынша тек 4 праймер (CRTC2 729 bp, ELOVL6 292 bp, ELOVL6 308 bp, ELOVL6 339 bp) тізбектері ірі кара толық геномындағы өз орындарын тауып отырды (2-сурет).



3-сурет – CRTC2, ELOVL6 гендерінің праймерлерінің ПТР өнімдерін электрофорез арқылы анықтау

Генотиптеу жұмыстары полимеразды тізбекті реакциядан (ПТР) кейін дұрыс алынған 4 праймер негізінде жүргізілді. Жұмыстың нәтижелері бойынша көрсетілген 4 праймердің ішінде ұзындығы 339 б.п: 184G/A ELOVL6 праймер тізбегінде бір ғана мутация байқалды.



4-сурет – ELOVL6 339 bp праймері бойынша генотиптеу нәтижесі

Генотиптеу жұмысы бойынша полимеразды тізбекті реакция (ПТР) жұмысынан кейінгі дұрыс шыққан 4 праймер негізінде генотиптеу жұмысы жүргізілді, жұмыс нәтижесі бойынша аталған 4 праймер ішінде тек ELOVL6 339 bp праймер тізбектерінде бір мутация байқалды g133528A>G (4-сурет).

Әрі қарай байқалған осы мутация бойынша 400 бас 18 айлық Қалмақ тұқымы қашарларының фенотипімен байланысы жеке-жеке RStudio статистикалық талдау жасау бағдарламасы арқылы талдау жасалды (3-9 кестелер). Фенотиптік көрсеткіштер ретінде қашарлардың тірілей салмағы, тұрқының қиғаш ұзындығы, шоқтығының биіктігі, кеудесінің тереңдігі, кеудесінің орамы, теріасты майының қалыңдығы, бұлшық ет көзінің қалыңдығы алынды.

3-кесте – ELOVL6 генінің NC_037333.1, F6/339 bp праймері бойынша ген тізбегіндегі SNP локусы (қызыл түспен белгіленген)

Праймер	ген тізбектері
ELOVL6 F6/339 bp NC_037333.1	accactaccc catggcaaat tgaagcctat cggagaattg actgccacat agataatcctgctgtcatt aacattccag aaaaacttgg gcaggcaagt tttatagct gcccactatgctgcaatag atttccttcc tcttgaagat ttccactgc acttcaatc cagtatcgtgaaaacattcc tggattgaaa aagttttta aaccaaatct tcatttcaga cataaatcatgcaatttgat acacaaggtc tgagcatcaa cccaagtcta tgagtttgca gtgaaaaacattctaagag aaatgctctg ttcacaaatc aggaggtttg atctggacct tctagtttgcctatgagaac agagccacta ctatattcaa aaatcatgta ttgaggatgat tattccagttaatttactcc catccttcta actgtctgtt cccttctcca ggggatcttc ccgaccagggatcaaacc gcactctcca catttcaggc agattgttta ccatctgagc caccagggaa

Бұл зерттеуде қалмақ тұқымы ірі қара малының ет қасиеттерін қалыптастыру үшін маңызды болып табылатын ұзын тізбекті май қышқылдарының синтезіне және липидтер алмасуын реттеуге қатысатын ELOVL6 генінің құрылымындағы полиморфты локустарды анықтауға ерекше назар аударылды. Осы мақсатта ELOVL6 генінің әртүрлі аймақтарына тән төрт жұп праймер таңдалып, сыналды.

Полимеразды тізбекті реакцияның (ПТР) нәтижелері полиморфизм тұрғысынан

ақпарат мазмұны F6 праймерінің көмегімен алынған 339 bp ампликонында ғана байқалатынын көрсетті. Басқа праймерлермен күшейтілген аймақтар (292 және 308 bp) полиморфизмді көрсетпеді және одан әрі талдаудан шығарылды. 339 bp ампликонды генотиптеу екі кезеңде орындалды. Біріншіден, ПТР өнімдері өндірушінің хаттамасына сәйкес ExoSAP-IT™ PCR Product Cleanup реагентімен (Thermo Scientific, Литва) тазартылды. Содан кейін BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit реагентінің көмегімен ПТР реттілігі орындалды.

4-кесте – Генотиптердің сиырлардың тірі салмағына байланысы

генотип	Бағалау	Стандартты кате	t мәні	p-мәні (Pr(> t))	Түсіндірме
(Intercept)	338.138	1.838	183.956	< 2e-16	Барлық SNP айнымалыларының мәні нөл болғанда бастапқы салмақ
SNPAG	13.009	2.642	4.924	1.79e-06	Әрбір AG генотипі үшін салмақ AA генотипіне қарағанда 13.009 бірлікке артады
SNPGG	2.605	2.519	1.034	0.302	Әрбір GG генотипі үшін салмақ AA генотипіне қарағанда 2.605 бірлікке артады (статистикалық тұрғыдан маңызды емес)

Алынған тізбектерді талдау негізінде адениннің (A) гуанинмен (G) алмастырылуымен ұсынылған g.133528A>G бір нуклеотидті полиморфизм анықталды. Бұл SNP бұрын шетелдегі зерттеулерде баяндалған және әлеуетті асыл тұқымды маңыздылыққа ие.

Генотиптік класстар ретінде үш ықтимал нұсқа қарастырылды: AA (аллель A үшін гомозигота), AG (гетерозигота) және GG (аллель G үшін гомозигота).

Талдау нәтижелері AG генотипі қашарлардың тірі салмағына статистикалық маңызды әсер ететінін көрсетті: орташа өсім AA эталондық генотипімен салыстырғанда +13,009 кг, p мәні < 0,001 (5-кесте). Сонымен қатар, GG генотипі үшін салмақтың 2,605 кг-ға ұлғаю үрдісі байқалды, бірақ бұл айырмашылық статистикалық мәнге жете алмады (p = 0,302).

5-кесте – Генотиптердің қашарлардың тұрқының қиғаш ұзындығына байланысы

генотип	Бағалау	Стандартты кате	t мәні	p-мәні (Pr(> t))	Түсіндірме
(Intercept)	137.4769	0.8586	160.111	< 2e-16	Барлық SNP айнымалыларының мәні нөл болғанда бастапқы дененің қиғаш ұзындығы
SNPAG	4.1460	1.2340	3.360	0.000937	Әрбір AG генотипі үшін салмақ AA генотипі не қарағанда 4.146 см бірлікке артады
SNPGG	1.5501	1.1768	1.317	0.189291	Әрбір GG генотипі үшін дененің қиғаш ұзындығы AA генотипіне қарағанда 1.550 бірлікке артады (статистикалық тұрғыдан маңызды емес)

AA генотипі сызықтық регрессия моделін құру кезінде анықтама ретінде анықталды. Алынған мәліметтер g.133528A>G локусында AG генотипінің болуы мен қалмақ тұқымы қашарларының тірі салмағының жоғарылауы арасында байланыстың бар екендігін көрсетеді.

Алынған регрессия коэффициенттері негізінде AA негізгі генотипі бар қалмақ тұқымы қашарларының орташа тірі салмағы 338,14 кг болатыны анықталды, бұл кестеде берілген мәнде көрініс тапқан.

AG генотипінің болуы AA генотипімен салыстырғанда (p = 1,79e-06) тірі салмақтың 13,01 кг-ға статистикалық маңызды өсуімен байланысты, бұл G аллелінің гетерозиготалы күйдегі потенциалды оң рөлін көрсетеді. Керісінше, GG генотипі бар жануарлар салмағының аздап өскенін көрсетті - AA салыстырғанда 2,61 кг, бірақ бұл айырмашылық статистикалық

маңыздылық деңгейіне жеткен жоқ ($p = 0,302$), бұл үлгіде GG гомозиготасының айқын әсерінің жоқтығын көрсетеді. ELOVL6 гендік тізбегіндегі g.133528A>G локусындағы генотиптер мен морфологиялық белгі – қалмақ тұқымды құнажындарының қиғаш дене ұзындығы арасындағы байланыс 6-кестеде көрсетілген.

6-кесте – Генотиптердің қашарлардың шоқтығының биіктігіне байланысы

Генотип	Бағалау	Стандартты қате	t мәні	p-мәні (Pr(> t))	Түсіндірме
(Intercept)	120,3385	0,3259	369,200	< 2e-16	Барлық SNP айнымалыларының мәні нөл болғанда бастапқы бойының биіктігі.
Генотип AG	0,2845	0,4684	0,607	0,544	AG генотипі сиырлардың бойының биіктігі AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 0.2845см бірлікке жоғары. Бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес.
Генотип GG	0,7426	0,4467	1,662	0,098	GG генотипі сиырлардың бойының биіктігі AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 0.7426см бірлікке жоғары, бірақ бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес.

Регрессиялық талдау көрсеткендей, AA генотипті қашарлардың тұрқының қиғаш ұзындығы 137,48 см. AG генотипі 4,15 см-ге ($p = 0,000937$) айтарлықтай өсумен байланысты, ал GG-де 1,55 см ($p = 0,189$) шамалы өсу байқалады, бұл айтарлықтай әсерді растамайды. 7-кестеде келтірілген алынған нәтижелер ELOVL6 генінің g.133528A>G локусында әртүрлі генотиптердің қашарлардың өсуіне әсерін көрсетеді.

7-кестедегі деректерді талдау, аллельді нұсқалардың (негізгі генотипі AA) әсері болмаған жағдайда, шоқтығының биіктігі 120,34 см көрсетті. AG генотипі бұл көрсеткіштің эталондық топпен салыстырғанда 0,28 см-ге шамалы өсуімен бірге жүретінін байқатты, бірақ алынған p-мәні (0,544) статистикалық маңыздылықтың жоқтығын көрсетті. GG генотипі бар қашарлар AA тобына қатысты шоқтық биіктігі 0,74 см өскенін көрсетеді, бірақ бұл айырмашылық статистикалық шынайы емес ($p = 0,098$).

Генотиптер мен кеуде тереңдігі арасындағы байланыс 8-кестеде келтірілді. Бұл белгінің ең жоғары мәні гетерозиготалы генотипі бар жануарларда байқалды, бірақ айырмашылықтар статистикалық шынайылықты көрсете алмады.

8-кесте – Генотиптердің сиырлардың кеуде тереңдігіне байланысы

генотип	Бағалау	Стандартты қате	t мәні	p-мәні (Pr(> t))	Түсіндірме
(Intercept)	56.0154	0.5346	104.782	< 2e-16	Барлық SNP айнымалыларының мәні нөл болғанда бастапқы салмақ.
SNPAG	1.3945	0.7683	1.815	0.0711	AG генотипі бар сиырлардың кеуде тереңдігі AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 1.3945см бірлікке жоғары. Бұл айырмашылық шекті түрде маңызды ($p = 0.0711$).
SNPGG	0.9306	0.7327	1.270	0.2056	GG генотипі бар сиырлардың кеуде тереңдігі AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 0.9306см бірлікке жоғары, бірақ бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес ($p = 0.2056$).

Талдау нәтижелері ELOVL6 генінің полиморфты локусының (g.133528A>G) қалмақ тұқымы қашарының кеуде тереңдігінің морфологиялық белгісіне ықтимал ықпалын көрсетеді. Генотиптер мен кеуде орамы арақатынасы туралы деректер 9-кестеде берілген. Топтар арасындағы айырмашылықтар шамалы және статистикалық тұрғыдан мардымсыз болды. 9-кестеде берілген мәндерді талдай отырып, қалмақ тұқымы қашарларының генотиптері мен кеуде орамы арасындағы статистикалық маңызды байланысты анықтаған жоқ. AA-мен салыстырғанда AG және GG генотиптері бар малдарда көрсеткіштің шамалы төмендеуі елеусіз болды.

Кесте 9 – Генотиптердің сиырлардың кеуде орамына байланысы

генотип	Бағалау	Стандарт- ты қате	t мәні	p-мәні (Pr(> t))	Түсіндірме
(Intercept)	124.4000	0.7294	170.547	< 2e-16	Барлық SNP айнымалыларының мәні нөл болғанда бастапқы кеуде орамы.
SNPAG	-0.1377	1.0483	-0.131	0.896	AG генотипі бар қашарлардың кеуде орамы AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 0.1377см бірлікке төмен. Бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес.
SNPGG	-1.3189	0.9997	-1.319	0.189	GG генотипі бар қашарлардың кеуде орамы AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 1.3189см бірлікке төмен, бірақ бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес.

Қалмақ тұқымы қашарларының әртүрлі генотиптері мен теріасты май қалыңдығы арасындағы байланыс 10-кестеде көрсетілген.

Алынған деректер зерттелетін полиморфизмнің май шөгінділеріне әсерін бағалауға мүмкіндік береді, бірақ статистикалық маңызды айырмашылықтар табылмады.

Зерттеу нәтижелерін талдау барысында теріасты майдың қалыңдығы мен генотипі арасындағы сенімді байланысты анықтаған жоқ. AG және GG үшін көрсеткіштің шамалы төмендеуі статистикалық маңызды емес болды.

10-кесте – Генотиптер қашарлардың тері асты майының қалыңдығына байланысы

генотип	Бағалау	Стандартты қате	t мәні	p-мәні (Pr(> t))	Түсіндірме
(Intercept)	0.73846	0.01344	54.932	< 2e-16	Барлық SNP айнымалыларының мәні нөл болғанда бастапқы арқа майының қалыңдығы.
SNPAG	-0.02551	0.01932	-1.320	0.188	AG генотипі бар сиырлардың арқа майының қалыңдығы AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 0.02551см бірлікке төмен. Бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес.
SNPGG	-0.02089	0.01842	-1.134	0.258	GG генотипі бар сиырлардың арқа майының қалыңдығы AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 0.02089см бірлікке төмен, бірақ бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес.

Қалмақ құнажындарының генотиптері мен бұлшықет қалыңдығы арасындағы байланыс 11-кестеде көрсетілген.

11-кесте – Генотиптердің қашарлардың бұлшық ет қалыңдығына байланысы

генотип	Бағалау	Стандартты қате	t мәні	p-мәні (Pr(> t))	Түсіндірме
(Intercept)	3.44262	0.01585	217.21	< 2e-16	Барлық SNP айнымалыларының мәні нөл болғанда бастапқы бұлшық ет қалыңдығы.
SNPAG	-0.02393	0.02278	-1.05	0.295	AG генотипі бар сиырлардың бұлшық ет қалыңдығы AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 0.02393мм бірлікке төмен. Бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес.
SNPGG	-0.02410	0.02172	-1.11	0.269	GG генотипі бар сиырлардың бұлшық ет қалыңдығы AA генотипімен салыстырғанда орташа есеппен 0.02410мм бірлікке төмен, бірақ бұл айырмашылық статистикалық тұрғыдан маңызды емес.

Зерттеу нәтижелерін талдау кезінде қалмақ тұқымы қашарларының генотиптері мен бұлшықет қалыңдығы арасында статистикалық маңызды байланыстарды анықтаған жоқ. AA анықтамалық тобымен салыстырғанда AG және GG генотиптері бар жануарларда бұл көрсеткіштің аздап төмендеуі зерттелетін полиморфизмнің бұлшықет ұлпасының дамуына айқын әсерін растамады. Зерттеу барысында ELOVL6 геніндегі g.133528A>G бір нуклеотидті алмастыру полиморфизмі мен қалмақ тұқымы қашарларының морфометриялық белгілері арасындағы байланыс талданды.

Ерекшелік малды іріктеуде тұрқының қиғаш ұзындығы селекциялық белгі ретінде танылды, мұнда гетерозиготалы AG генотипі AA-мен салыстырғанда ұзындықтың айтарлықтай ұлғаюын көрсетті ($p < 0,001$), бұл осы нұсқа тұқымдық құндылықтың әлеуетін көрсетуі мүмкін.

Қорытынды. Зерттеу нәтижелерін қорыта келе ELOVL6 геніндегі g.133528A>G полиморфизмі жеке параметрлерді қоспағанда, зерттелетін морфометриялық белгілерге шектеулі әсер ететіні анықталды. Қазірге дейінгі зерттеу жұмысын қортындылай келе, SNP зерттеу әдісі бойынша біз тек зерттеудің екінші кезеңінде мақсатты екі геннің (CRTC2, ELOVL6) бірі ELOVL6 генінің тізбектерінен g133528A>G мутациялық орынын байқадық, осы мутация бойынша үш генотипі AG гетерозигота, AA гомозигота және GG гомозиготаларының Қалмақ тұқымы 18 айлық қашарларының фенотиптік көрсеткіштеріне байланысында, AG гетерозиготалы генотипі жануарлардың өсіп дамуында яғни дене салмағының артуына, дене ұзындығына, бойының биіктігінің жетілуіне, кеуде бөлігінің кеңеюіне айтарлықтай әсер ететіндігін байқадық, бұл нәтиже осы AG генотипі бар қашарларды табында іріктеп алып селекцияда қолануға болады дегенді білдіреді. Мұндай зерттеулердің нәтижелері етті ірі қара мал шаруашылығы үшін перспективті малдарды ерте сұрыптауды жүргізуге және селекциялық үдеріске қажетті генотиптері бар малды пайдаланудың орындылығы туралы шешім қабылдауға мүмкіндік береді.

Қаржыландыру. Ғылыми жұмыс Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі қаржыландырылған мемлекеттік грант жобасы аясында 2024-2026 жылдары (ГФ) AP23488071 «Қалмақ тұқымы малы етінің сапасына полиморфты гендердің әсері» (мемлекеттік тіркеу нөмірі № 0124PK00251) орындалды.

Әдебиеттер:

[1] Колпаков, В.И. Влияние некоторых полиморфных генов на мясную продуктивность и качество мяса у крупного рогатого скота (обзор) // Журнал Животноводство и кормопроизводство, 2020 Т.103, .4. Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук (г. Оренбург)

- [2] **Перчун, А.В.** Оценка костромской породы крупного рогатого скота по ДНК-маркерам хозяйственно-полезных признаков / Перчун А.В. // диссертация ... кандидата биологических наук : 06.02.07.
- [3] **Феокистова Л.** Поиск новых генов-кандидатов в мясном скотоводстве. DFSoft. URL: <https://dfsoft.ru/geny-kandidaty-geny-markery-v-molochnov-myasnom-skotovodstve>
- [4] **Altarejos, J.Y., Montminy M.** CREB and the CRTC co-activators: Sensors for hormonal and metabolic signals. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 12(3), 141–151. <https://doi.org/10.1038/nrm3072>
- [5] **Wang, Y., Inoue H., Ravnskjaer K. et al.** Targeted disruption of the CREB coactivator *Crtc2* increases insulin sensitivity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(7), 3087–3092. <https://doi.org/10.1073/pnas.0913247107>
- [6] **Koo, S.-H., Flechner L., Qi L. et al.** The CREB coactivator TORC2 is a key regulator of fasting glucose metabolism. *Nature*, 437(7062), 1109–1111. <https://doi.org/10.1038/nature03967>
- [7] **Xu, Y., Ma Y., Ding X., Yu J., Wang C.** Polymorphisms in the CRTC2 gene and their association with growth traits in Chinese Qinchuan cattle. *Molecular Biology Reports*, 42(12), 1563–1570. <https://doi.org/10.1007/s11033-015-3963-2>
- [8] **Gui, L.S., Zhao Z.D., Zhao C.P., Wei S.J., Zan L.S.** Association of CRTC2 gene polymorphisms with growth and meat quality traits of Qinchuan cattle // *Genetics and Molecular Research*. – 2015. – Vol. 14, No. 4. – P. 12912–12920. DOI: 10.4238/2015.October.21.12
- [9] **Junjvlieke, Z., Khan R., Mei C., Cheng G., Wang S., Raza S.H.A., Hong J., Wang X., Yang W., Zan L.** Effect of ELOVL6 on the lipid metabolism of bovine adipocytes // *Genomics*. – 2020. – Vol. 112, No. 3. – P. 2282–2290. DOI: 10.1016/j.ygeno.2019.12.024
- [10] **Moon, Y.A., Shah N.A., Mohapatra S. et al.** Identification of a mammalian long-chain fatty acyl elongase regulated by sterol regulatory element-binding proteins. *Journal of Biological Chemistry*, 276(48), 45358–45366. <https://doi.org/10.1074/jbc.M106984200>
- [11] **Matsuzaka, T., Shimano H., Yahagi N. et al.** Crucial role of a long-chain fatty acid elongase, *Elovl6*, in obesity-induced insulin resistance. *Nature Medicine*, 13(10), 1193–1202. <https://doi.org/10.1038/nm1662>
- [12] **Liu, Z. et al.** Effects of ELOVL6 gene overexpression on fatty acid profile and lipid metabolism in bovine adipocytes. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 9(1), 20. <https://doi.org/10.1186/s40104-018-0242-4>
- [13] **Yeon, S.H., Kim Y. et al.** *Elovl6* expression and its regulatory network in intramuscular adipocytes of Hanwoo cattle. *PLOS ONE*, 14(6), e0218025. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0218025>
- [14] **Grisart, B., Coppeters W., Farnir F., Karim L., Ford C., Berzi P., Cambisano N., Mni M., Reid S., Simon P., Spelman R., Georges M., Snell R.** Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine *DGAT1* gene with major effect on milk yield and composition // *Genome Research*. – 2002. – Vol. 12, No. 2. – P. 222–231. DOI: 10.1101/gr.224202
- [15] **Ardicli, S., Cobanoglu O., Kul E., Abaci S.H., Gurcan E.K., Cankaya S.** A comprehensive analysis of the effects of *DGAT1* K232A polymorphism on milk production and fertility traits in Holstein Friesian and Jersey cows reared in Türkiye // *Archives Animal Breeding*. – 2024. – Vol. 67, P. 455–467. DOI: 10.5194/aab-67-455-2024
- [16] **Mahmoudi, P., Rashidi A.** Strong evidence for association between K232A polymorphism of the *DGAT1* gene and milk fat and protein contents: A meta-analysis // *Journal of Dairy Science*. – 2023. – Vol. 106, No. 3. – P. 2573–2587. DOI: 10.3168/jds.2022-22315
- [17] **Li, X., Ekerljung M., Lundström K., Lundén A.** Association of polymorphisms at *DGAT1*, *leptin*, *SCD1*, *CAPN1* and *CAST* genes with color, marbling and water holding capacity in meat from beef cattle populations in Sweden // *Meat Science*. – 2013. – Vol. 94, No. 2. – P. 153–158. DOI: 10.1016/j.meatsci.2013.01.002
- [18] **Lara, L.E., Pedrosa V.B., Silva S.L., et al.** *DGAT* and *LEP* gene polymorphisms and their association with performance, carcass characteristics, meat quality, and lipid profile in Nellore cattle // *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*. – 2014. – Vol. 15, No. 1. – P. 1–12. DOI: 10.1590/S1519-99402014 000100001
- [19] **Kazhgaliyev, N.Zh., Ismagulov D., Nurgulsim K., Makhanbetova A.B., Titanov Zh. E., Shamshidin A.S.** The influence of some polymorphic genes on the productive and breeding qualities of Kalmyk cattle // *Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан АТУ ғылым және білім журналы*, №1 (78), 2025. – 19-31 б. DOI 10.52578/2305-9397-2025-1-19-31.
- [20] **Исмагулов, Д.А.** Влияние полиморфных генов на продуктивные и племенные качества

References:

- [1] **Kolpakov, V.I.** Influence of some polymorphic genes on meat productivity and meat quality in cattle (review) // Journal of Animal Husbandry and Feed Production, 2020 Vol. 103, .4. Federal Scientific Center of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences (Orenburg) [in Russian].
- [2] **Perchun, A.V.** Evaluation of the Kostroma cattle breed by DNA markers of economically useful traits / Perchun A.V. // dissertation... Candidate of Biological Sciences : 02/06/07. [in Russian]
- [3] **Feoktistova, L.** Search for new candidate genes in beef cattle breeding. DFSoft. URL: <https://dfsoft.ru/geny-kandidaty-geny-markery-v-molochnov-myasnom-skotovodstve>
- [4] **Altarejos, J.Y., Montminy M.** CREB and the CRTC co-activators: Sensors for hormonal and metabolic signals. Nature Reviews Molecular Cell Biology, 12(3), 141–151. <https://doi.org/10.1038/nrm3072>
- [5] **Wang, Y., Inoue H., Ravnskjaer K. et al.** Targeted disruption of the CREB coactivator Crtc2 increases insulin sensitivity. Proceedings of the National Academy of Sciences, 107(7), 3087–3092. <https://doi.org/10.1073/pnas.0913247107>
- [6] **Koo, S.-H., Flechner L., Qi L. et al.** The CREB coactivator TORC2 is a key regulator of fasting glucose metabolism. Nature, 437(7062), 1109–1111. <https://doi.org/10.1038/nature03967>
- [7] **Xu, Y., Ma Y., Ding X., Yu J., Wang C.** Polymorphisms in the CRTC2 gene and their association with growth traits in Chinese Qinchuan cattle. Molecular Biology Reports, 42(12), 1563–1570. <https://doi.org/10.1007/s11033-015-3963-2>
- [8] **Gui, L.S., Zhao Z.D., Zhao C.P., Wei S.J., Zan L.S.** Association of CRTC2 gene polymorphisms with growth and meat quality traits of Qinchuan cattle // Genetics and Molecular Research. – 2015. – Vol. 14, No. 4. – P. 12912–12920. DOI: 10.4238/2015.October.21.12
- [9] **Junjvlieke, Z., Khan R., Mei C., Cheng G., Wang S., Raza S.H.A., Hong J., Wang X., Yang W., Zan L.** Effect of ELOVL6 on the lipid metabolism of bovine adipocytes // Genomics. – 2020. – Vol. 112, No. 3. – P. 2282–2290. DOI: 10.1016/j.ygeno.2019.12.024
- [10] **Moon, Y.A., Shah N.A., Mohapatra S. et al.** Identification of a mammalian long-chain fatty acyl elongase regulated by sterol regulatory element-binding proteins. Journal of Biological Chemistry, 276(48), 45358–45366. <https://doi.org/10.1074/jbc.M106984200>
- [11] **Matsuzaka, T., Shimano H., Yahagi N. et al.** Crucial role of a long-chain fatty acid elongase, Elovl6, in obesity-induced insulin resistance. Nature Medicine, 13(10), 1193–1202. <https://doi.org/10.1038/nm1662>
- [12] **Liu, Z. et al.** Effects of ELOVL6 gene overexpression on fatty acid profile and lipid metabolism in bovine adipocytes. Journal of Animal Science and Biotechnology, 9(1), 20. <https://doi.org/10.1186/s40104-018-0242-4>
- [13] **Yeon, S.H., Kim Y. et al.** Elovl6 expression and its regulatory network in intramuscular adipocytes of Hanwoo cattle. PLOS ONE, 14(6), e0218025. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0218025>
- [14] **Grisart, B., Coppieters W., Farnir F., Karim L., Ford C., Berzi P., Cambisano N., Mni M., Reid S., Simon P., Spelman R., Georges M., Snell R.** Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition // Genome Research. – 2002. – Vol. 12, No. 2. – P. 222–231. DOI: 10.1101/gr.224202
- [15] **Ardicli, S., Cobanoglu O., Kul E., Abaci S.H., Gurcan E.K., Cankaya S.** A comprehensive analysis of the effects of DGAT1 K232A polymorphism on milk production and fertility traits in Holstein Friesian and Jersey cows reared in Türkiye // Archives Animal Breeding. – 2024. – Vol. 67, P. 455–467. DOI: 10.5194/aab-67-455-2024
- [16] **Mahmoudi, P., Rashidi A.** Strong evidence for association between K232A polymorphism of the DGAT1 gene and milk fat and protein contents: A meta-analysis // Journal of Dairy Science. – 2023. – Vol. 106, No. 3. – P. 2573–2587. DOI: 10.3168/jds.2022-22315
- [17] **Li, X., Ekerljung M., Lundström K., Lundén A.** Association of polymorphisms at DGAT1, leptin, SCD1, CAPN1 and CAST genes with color, marbling and water holding capacity in meat from beef cattle populations in Sweden // Meat Science. – 2013. – Vol. 94, No. 2. – P. 153–158. DOI: 10.1016/j.meatsci.2013.01.002
- [18] **Lara, L.E., Pedrosa V.B., Silva S.L., et al.** DGAT and LEP gene polymorphisms and their

association with performance, carcass characteristics, meat quality, and lipid profile in Nellore cattle // Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal. – 2014. – Vol. 15, No. 1. – P. 1–12. DOI: 10.1590/S1519-99402014 000100001

[19] **Kazhgaliyev, N.Zh.**, Ismagulov D., Nurgulsim K., Makhanbetova A.B., Titanov Zh. E., Shamshidin A.S. The influence of some polymorphic genes on the productive and breeding qualities of Kalmyk cattle // Zhangir khan atyndagi Batys Kazakhstan ATA gylym zhane bilim journals, No. 1 (78), 2025. - 19-31 b. DOI 10.52578/2305-9397-2025-1-19-31.

[20] **Ismagulov, D.A.** Influence of polymorphic genes on productive and breeding qualities of beef cattle // The magician. dissertations. work on OP 7M08202 – Breeding and reproduction of farm animals - Astana, 2025.

ВЛИЯНИЕ ПОЛИМОРФНЫХ ГЕНОВ, ВЫЯВЛЕННЫХ У КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА КАЛМАКСКОЙ ПОРОДЫ НА РАЗМЕРЫ ТЕЛА И ПРИРОСТ ЖИВОЙ МАССЫ

Қажғалиев Н.Ж., доктор сельскохозяйственных наук, профессор

Нүргүлсім Қ., PhD

Маханбетова А.Б., PhD

Жумагазиева С.М., кандидат сельскохозяйственных наук, старший преподаватель

Хасен Ж.С., докторант 2 курса по ОП 8D132 «Животноводство»

*Казахский исследовательский агротехнический университет имени С. Сейфуллина,
г. Астана, Казахстан*

Аннотация. В статье представлены результаты исследования влияния генов CRT2 и ELOVL6, выявленных у калмыцкого скота, на размеры тела и прирост живой массы. Объектом исследования являлись телята калмыцкой породы в возрасте 18 месяцев.

В наших исследованиях изучалось влияние генов CRT2 и ELOVL6 на качество мяса калмыцкого скота. Ген CRT2 (NM_001076250.1) является транскрипционным регуляторным геном, расположенным на хромосоме 3 у крупного рогатого скота и участвующим в регуляции образования межмышечных жировых клеток в организме, тогда как ген ELOVL6 (NM_001102155.1) является геном, регулирующим образование жирных кислот в организме, расположенным на хромосоме 6 у крупного рогатого скота. Исследования показали, что механизм действия гена ELOVL6 участвует в метаболизме жирных кислот в жировых клетках телят и влияет на улучшение качества мяса.

В результате проведенных исследований только на втором этапе исследования методом SNP-исследования нами был выявлен мутационный сайт g133528A>G в последовательностях одного из двух целевых генов (CRT2, ELOVL6) в гене ELOVL6. Относительно связи трех генотипов данной мутации, гетерозиготного AG, гомозиготного AA и гомозиготного GG, на фенотипические показатели 18-месячных телок калмыцкой породы, нами отмечено, что гетерозиготный генотип AG оказывает существенное влияние на рост и развитие животных, то есть на прирост живой массы, длину тела, развитие высоты и расширение грудной клетки. Данный результат означает, что телок с данным генотипом AG можно отбирать в стаде и использовать в разведении.

Ключевые слова: калмыцкий скот, генотип, полиморфные гены, ДНК-маркеры, размер тела, живая масса.

THE INFLUENCE OF POLYMORPHIC GENES IDENTIFIED IN KALMYK CATTLE ON BODY SIZE AND LIVE WEIGHT GAIN

Kazgaliev N.J. Doctor of Agricultural Sciences, Professor

Nurgulsim K. PhD

Makhanbetova A.B. PhD

Zhumagazieva S.M. Candidate of Agricultural Sciences

Hasen J.S. 2nd year doctoral student in the field of 8D132 "Animal Husbandry

Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Astana, Kazakhstan

Annotation. This article presents the results of a study on the influence of the *CRTC2* and *ELOVL6* genes, identified in Kalmyk cattle, on body size and live weight gain. The research focused on 18-month-old calves of the Kalmyk breed.

Our study examined the effect of the *CRTC2* and *ELOVL6* genes on meat quality in Kalmyk cattle. The *CRTC2* gene (NM_001076250.1) is a transcriptional regulatory gene located on chromosome 3 in cattle and is involved in the regulation of intramuscular fat cell formation in the body. In contrast, the *ELOVL6* gene (NM_001102155.1), located on chromosome 6, regulates the biosynthesis of fatty acids in the body. Research has shown that the mechanism of *ELOVL6* influences fatty acid metabolism in the fat cells of calves and contributes to improved meat quality.

As a result of our study, at the second stage using the SNP (Single Nucleotide Polymorphism) method, we identified a mutation site g.133528A>G in the sequence of one of the two target genes (*ELOVL6*). Regarding the relationship between the three genotypes of this mutation—heterozygous AG, homozygous AA, and homozygous GG—and the phenotypic traits of 18-month-old Kalmyk heifers, it was found that the heterozygous AG genotype has a significant effect on animal growth and development, namely live weight gain, body length, height development, and chest expansion. This result indicates that heifers with the AG genotype can be selected within the herd and used for breeding purposes.

Keywords: Kalmyk cattle, genotype, polymorphic genes, DNA markers, body size, live weight.