

Сәкен Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университетінің Ғылым жаршысы: пәнаралық = Вестник науки Казахского агротехнического исследовательского университета имени Сакена Сейфуллина: междисциплинарный. – Астана: С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, 2025. -№ 3 (127). - Р.25-35. - ISSN 2710-3757, ISSN 2079-939X

doi.org/10.51452/kazatu.2025.3(127).1963

ЭОЖ 636.1:636.082.1(045)

Зерттеу мақаласы

Қазақтың Мұғалжар жылқы тұқымының дене тұрқының өзгерісіне LCORL генінің әсері

Нұргүлсім Қ.¹ , Смакова А.К.¹ , Ускенов Р.Б.¹ , Исхан Қ.Ж.² ,
Бостанова С.К.¹ , Жумалин А.К.¹ 

¹С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Астана, Қазақстан,

²Қазақ ұлттық аграрлық зерттеу университеті, Алматы, Қазақстан

Корреспондент-автор: Нұргүлсім Қ.: kacter-83@mail.ru

Бірлескен авторлар: (1: АС) nelli_92@mail.ru; (2: РҮ) ruskenov@mail.ru;
(3: ҚИ) kayrat_ishan@mail.ru; (4: СБ) Bostanova_sk@mail.ru; (5: АЖ) zhumalin88@gmail.com

Қабылданған күні: 25.08.2025 **Қабылданды:** 26.09.2025 **Жарияланды:** 30.09.2025

Түйін

Алғышарттар мен мақсат. Қазақстанда жылқы шаруашылығы – дәстүрлі әрі маңызды сала. Алайда оны дамыту барысында бірқатар кемшіліктер мен мәселелер кездеседі. Мысалы тұқымды асылдандыру жұмысында генетикалық селекция сирек қолданылады. Сондықтан зерттеу Ligand dependent nuclear receptor corepressor like (бұдан әрі - LCORL) генінің Мұғалжар жылқы тұқымының Ертіс зауыттық типіне жататын «Заман» және «Бақай» аталық іздерінен тараған ұрпақтарының дене тұрқы мен өнімділік көрсеткіштеріне әсерін зерттеп, асыл тұқымды аталықтарды сұрыптауға генетикалық материал жаақтауға бағытталған.

Материалдар мен әдістер. Зерттеуге Абай облысында орналасқан «Азамат 2» Шаруа қожалығындағы Мұғалжар жылқы тұқымының Ертіс зауыттық типіне жататын «Заман» және «Бақай» аталық іздерінен тараған 15 пен 18 ай аралығындағы 52 аталық жылқылардан жүн үлгілері алынып, гентикалық зерттеулер үшін үлгілерден ДНҚ бөлініп, бір нуклеотидті полиморфизм (SNP) әдісі арқылы LCORL геніне ассоциациялық талдау жүргізілді. Зерттеу нәтижесінде өнімділік қасиеттерімен байланысты ген полиморфизмдері анықталды.

Нәтижелер. Біз бір нуклеотидті полиморфизм (SNP) зерттеу нәтижесі бойынша LCORL генінің Мұғалжар жылқы тұқымының геномындағы жалпы ген тізбектерінің g.228 орынындағы С>Т гетерозигота мутациясын байқадық яғни SNP C>T, осы SNP мынадай әлелдерге жіктелді: СС, СТ және ТТ болды, аллельдік және генотиптік жиіліктерді талдау g.228 C>T SNP-і HWE-көрсеткішінен ауытқығанын көрсетті ($p < 0,05$). Ал SNP-ді қалпына келтіру көрсеткіші орташа полиморфизмді көрсетті ($0,25 < PIC < 0,50$), генотиптік жиілік бойынша СТ генотипінің жиілігі СС, ТТ генотиптеріне қарағанда жоғары болды, LCORL генінің g.228 C>T SNP-індегі генотиптер бойынша Мұғалжар жылқы тұқымының дене өлшемдерімен байланысты СТ генотипі СС, ТТ генотиптеріне қарағанда дене өлшемдерінің бойынша биіктігі, денесінің қиғаш ұзындығы, кеуде орамы, жіліншік орамы, дене салмағы қатарлы көрсеткіштерінде байланысы жоғары болды. Ал ТТ генотипі СС генотипіне қарағанда бойынша биіктігі, жіліншік орамы, дене салмағы көрсеткіштерінде байланысы жоғары болды.

Қорытынды. Жоғарыда аталған SNP талдау нәтижелеріне сүйене отырып, LCORL гені Қазақтың Мұғалжар жылқы тұқымының Ертіс зауыттық типіне жататын «Заман» және «Бақай» аталық іздерінен тараған ұрпақтарының асыл тұқымдық қасиеттерін одан әрі жақсарту үшін молекулалық маркер ретінде қолданылуы мүмкін. Алайда, бұл геннің жылқы тұқымдарының өнімділік қасиеттеріне әсері әлі де қосымша зерттеуді қажет етеді.

Кіліт сөздер: LCORL; ген; SNP; генотип; TPM.

Кіріспе

Мұғалжар жылқы тұқымы Қазақстанның Ақтөбе, Қарағанды және Қызылорда облыстарының базалық шаруашылықтарындағы қазақтың жәбе жылқыларын асыл тұқымды өсіру, іріктеу-жұптау және жетілдіру негізінде шығарылды [1]. Мұғалжар жылқысы ет-сүт өнімділігі бағытындағы жылқы тұқымы. Аталған жылқының фенотиптік көрсеткіштеріне негізделсек, айғырлардың орташа биіктігі – 145,5 см, дененің қиғаш ұзындығы – 159,1 см, кеуде шеңбері – 185,8 см, жіліншік орамы – 19,9 см, тірі салмағы – 553,0 кг мөлшерінде, биелері сәйкесінше орташа биіктігі – 144,5 см, дененің қиғаш ұзындығы – 154,0 см, кеуде шеңбері – 179,5 см, жіліншік орамы – 18,8 см және 480,2 кг мөлшерінде, биелері тәулігіне 16-17 л сүт береді. Аталған жылқы тұқымы дене пішінінің массивтілігі, үйлесімділігі, күшті тығыз дене бітіміне ие болуы, жеткілікті сүйектігі, аяқ-қолдарының қалыпты орналасуы мен құрылымымен ерекшеленеді. Мұғалжар жылқы тұқымының өнімділік ерекшеліктерін жақсартуға бағытталған селекция жұмысының маңызды бағыты – олардың тұқымдық және өнімділік қасиеттерін жетілдіру әдістерін дамыту. Бұл міндетті сәтті шешу көбінесе популяциялық генетика жетістіктерін кеңінен қолдану және жылқылардың өнімділік генетикалық әлеуетін толық пайдалану арқылы селекция жұмысының тиімділігін арттыруға байланысты болады [2].

Жылқыларда дене өлшемі әртүрлі тұқымдарды сыртқы келбеті мен функциясына байланысты бағалау маңызды критерийі болып табылады және жылқыларды сұрыптау үшін өте маңызды. Жануарлардың дене тұрқының қалыптасуы организмнің даму сатысында көптеген гендер мен қоршаған орта факторлары әсер ететіндігі белгілі [3-7].

Бұл зерттеуде LCORL генінің Мұғалжар жылқы тұқымының дене құрылысының дамуына әсері зерттелді, LCORL гені жылқыда 3 хромосомада орналасқан, бұл геннің жылқылардың өсіуіне әсері туралы зерттеулер өте аз, негізінен басқа сүтқоректілер бойынша мәліметтер көп кездеседі, мысалға ірі қара малда. *Доротея Линдтке* қатарлы ғалымдардың зерттеулерінде етті және сүтті бағыттағы ірі қара малдарын салыстыра зерттеу нәтижесінде сиырлардан алынған F1 ұрпақтарында LCORL гені сиырлардың тірі салмағы мен ақуыздың түзілуіне тікелей әсер ететіндігі анықталған [8]. Сонымен қатар, ірі қара малдарда LCORL гені бірнеше өндірістік белгілерге, мысалы, орташа тәуліктік салмақ қосылуы, морфологиялық жағынан бой мен дене құрылымы және ет пен ет құрамының сипаттамалары, мысалы, арқа майы қалыңдығы, қабырға етінің ауданы бойынша бірнеше зерттеулерде және әртүрлі сиыр тұқымдарында белгілі бір плейотропты QTL ретінде белгілі [9-11]. *Сунирмал Шит* қатарлы ғалымдар LCORL генінің иттердің маңызды морфологиялық фенотиптеріне, мысалы, биіктік, ұзындық, ұзындық пен биіктік арақатынасы (LHR) және дене салмағына әсері туралы зерттеулерінде ген иттердің дене салмағы мен бойының биіктігіне әсері жоғары болғанын байқаған [12]. Сонымен қатар, кейбір зерттеулерде LCORL гені сперматогенез және жасуша циклін реттеуге қатысатыны және адамдарда бойдың биіктігіне де әсер ететіндігі дәлелденген [13-14]. *Мартин Симон* қатарлы ғалымдар жылқыларда толық генеодық зерттеу жүргізіп онда жылқылардың дене тұрқының өсіуіне әсер етуші гендерді іріктеген. Зерттеу нәтижесі бойынша LCORL гені организм дамуында остеогенезге қатысып сүйектің дамуына жақсы әсер ететіндігін байқаған [15]. Адам геномындағы бойшандық бойынша жүргізілген кең ауқымды зерттеулер LCORL генін дене ұзындығы мен жамбас осінің ұзындығына байланысты деп көрсетеді [16]. Адам мен жылқы хромосомаларының 53% - сақталған синтении бойынша жылқылардың өлшемдері ұқсас геномдық аймақтармен әсер етуі мүмкін [17]. Тағы бір зерттеулерде зерттеушілер аласа бойлы пони жылқыларына зерттеу жүргізіп LCORL генінің T>C мутациясын анықтап, осы мутация пони жылқы тұқымдарының дене тұрқына айтарлықтай әсер ететіндігін байқаған [18]. *Д. Кабылбекова* қатарлы ғалымдардың зерттеулері бойынша LCORL генінің C>T мутациясы қазақтың жәбе жылқы тұқымында бұлшықет массасына және дене тұрқының кеуде орамына әсер ететіндігін байқаған [19].

Жоғарыдағы айтылған зерттеу нәтижелерін қорытындылай келе LCORL гені жылқы тұқымының дамуында, олардың өнімділігін арттыруда айтарлықтай әсері бар екенін аңғартады, біздің зерттеу нәтижемізде LCORL генінің кодтау аймағындағы g.228 C>T SNP-нің генотиптерінің жиілігін (CC, CT, TT) салыстыру нәтижесінде CT генотипінің жиілігі жоғары болды, сонымен қатар CT генотипі Мұғалжар жылқы тұқымының дене өлшемдерімен байланысын талдауда бойының биіктігі, денесінің қиғаш ұзындығы, кеуде орамы, жіліншік орамы, дене салмағы қатарлы көрсеткіштерінде байланысы жоғары болды.

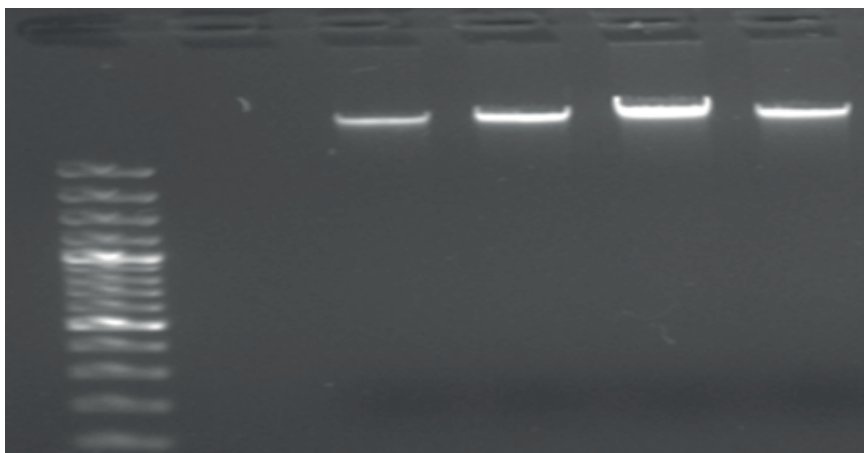
Материалдар мен әдістер

Биологиялық материалдарды жинау және зертханалық жағдайлар

Зерттеуге Абай облысында орналасқан «Азамат 2» шаруа қожалығындағы Мұғалжар жылқы тұқымының Ертіс зауыттық типіне жататын «Заман» және «Бақай» аталық іздерінен тараған 15 пен 18 ай аралығындағы 52 аталық жылқылардан зерттеуге қажетті биологиялық материал ретінде ДНҚ бөліп алуға жүн үлгілері және фенотиптік байланыстарды анықтау үшін бойының биіктігі, денесінің қиғаш ұзындығы, кеуде орамы, жіліншік орамы, дене салмағы қатарлы 5 түрлі дене өлшемдері алынды. Алынған жүн үлгілері зертханаға жіберілді. Зерттеу жұмысы Астана қаласында орналасқан С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университетінің Ауыл шаруашылығы биотехнологиясы зерттеу орталығында жүргізілді.

Фенотиптік талдау үшін ДНҚ үлгілерін алу

Жылқылардың жүн ұлпаларынан ДНҚ бөліп алу GeneJET™ Genomic DNA Purification Kit (Thermo Scientific, Lithuania) реагентінің көмегімен алынды, жұмыс барысы реагент протоколы бойынша жүргізілді, бөліп алынған ДНҚ-ның концентрациясы қаралып, сапасы электрофарезде тексерілді, алынған ДНҚ үлгісінің сапасы жақсы, полиомеразды тізбекті реакцияға дайын (ПТР) (1-сурет).



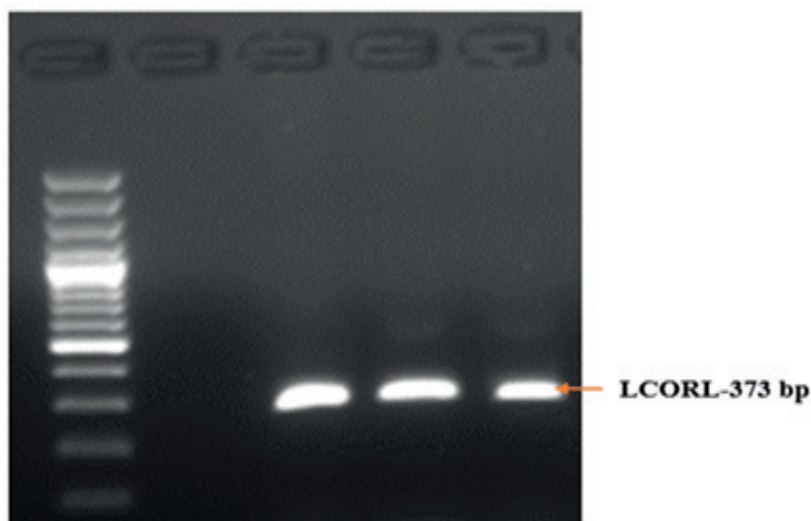
1-сурет – Жылқы жалынан алынған геномдық ДНҚ-ның сапа көрсеткіші, электрофарезде

Полимеразалық тізбекті реакция (ПТР)

NCBI генодік базасынан LCORL (XM_023638297.1) генінің mRNA аймағынан Primer-BLAST бағдарламасы арқылы 373 bp нуклеотид ұзындығындағы бір жұп праймер дайындалды (1-кесте). Полимеразалық тізбекті реакция (ПТР) DreamTaq Hot Start PCR Master Mix (2X) реагентінің көмегімен жасалды, ПТР процесі реагент протоколы бойынша: ПТР компоненттер қосындысы – DreamTaq Hot Start PCR Master Mix (2X) 12.5µl, Forward primer 1µl, Reverse primer 1µl, Template DNA 3µl, Water, nuclease-free 7.5 µl. ПТР термиялық цикл шарттары - бастапқы денатурация 95 °C – 1 минут, 95 °C – 30 секунд, жабысу температурасы $T_m \times C$ үшін 30 секунд, 72 °C – 1 мин., 72 °C – 5 мин., процесс 34 рет қайталанылады, полиомеразды тізбекті реакция сәтті жүргізілді, ПТР өнімі ары қарай генотиптеуге жіберілді (2-сурет).

1-кесте – LCORL генінің праймер тізбектері

Праймер	Тізбек (5'-3')	Фрагмент өлшемі	ЖТ/°C
LCORL F	AGAATCGAGGCGCTTTACCT	373 нж	58,93
LCORL R	GGCAACTTGCTGTATTCCCAC		



2-сурет – LCORL гені ПТР реакциясы көрсеткіші, электрофарезде

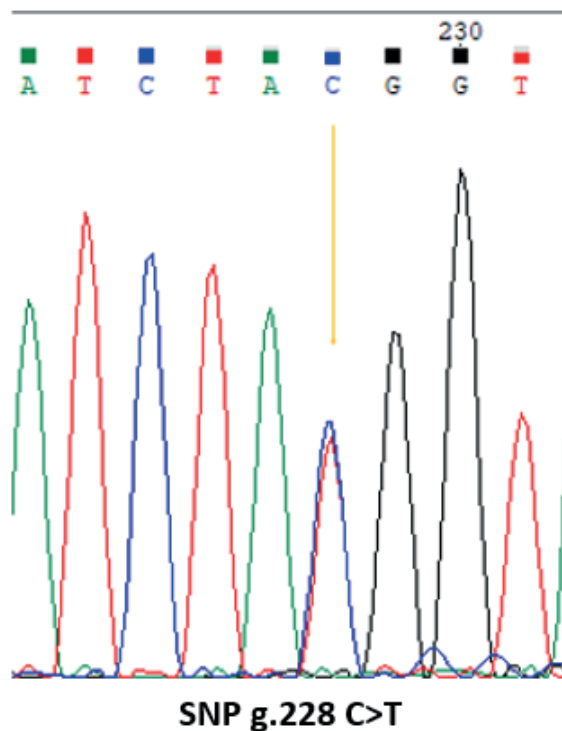
ПТР өнімін генотиптеу

ПТР өнімін генотиптеу 3 кезең бойынша жүргізілді:

1) PCR өнімін тазарту – ExoSAP-IT™ PCR Product Cleanup (Thermo Scientific, Lithuania) реагентінің көмегімен жасалды, жұмыс барысы протокол бойынша жүргізілді;

2) тізбектік ПТР (sequen PCR) жүргізу жұмыс BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit реагентінің көмегімен секвенерлеу құрылғысында дайындалды, жұмыс барысы BigDye реагентінің протоколы бойынша жүрілді;

3) секвенерлеу құрылғысына ПТР өнімін қою, дайын болған ПТР өнімі 3 сағатқа секвенерлеу құрылғысына (NGS Thermo Fisher Scientific) қойылды. Генотиптеу нәтижесі бойынша LCORL генінің кодтау аймағында бір SNP g.228 C>T байқалды (3-сурет).



3-сурет – LCORL генінің Мұғалжар жылқы тұқымындағы, геномындағы SNP

Нәтижелер және талқылау

SNP талдауы

Зерттеу нәтижелері негізінде жылқылардың LCORL генінің кодтау аймағындағы бір SNP g.228 C>T локустарында анықталды. Осы SNP арқылы жасалған генотиптер CC, CT және TT болды. Аллельдік және генотиптік жиіліктерді талдауда CT генотипінің жиілігі жоғары болып, g.228 C>T SNP-і HWE-көрсеткішінен ауытқығанын көрсетті, $p < 0,05$, ал SNP-ді қалпына келтіру көрсеткіші орташа полиморфизмді көрсетті ($0,25 < PIC < 0,50$) (2-кесте, 3-сурет).

2-кесте – LCORL генінің генотиптік және аллельдік жиілігі

SNP	Саны	Генотип жиілігі			Аллель жиілігі		X ²	PIC	Ne
g.228 C>T	52	CC 0,2667 (07)	CT 0,4000 (15)	TT 0,3333 (09)	C 0,4667	T 0,5333	0,6490	0,3739	1,1944

Генотиптің дене өлшемдері және сапалық белгілерімен байланысы

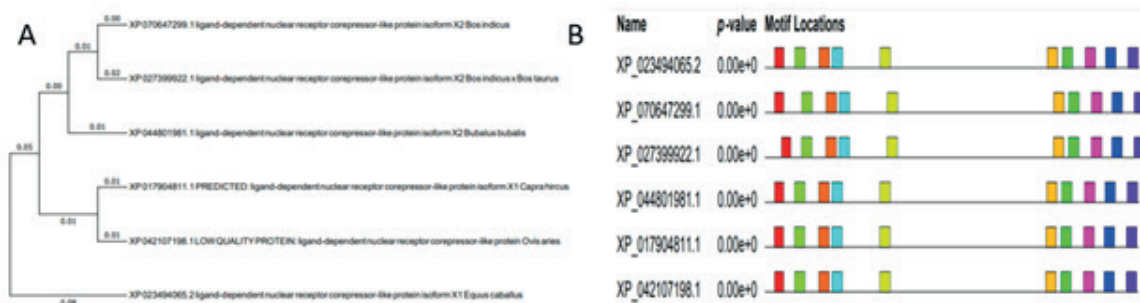
LCORL генінің g.228 C>T SNP-індегі генотиптер бойынша Мұғалжар жылқы тұқымының дене өлшемдерімен байланысы 3-кестеде көрсетілген. g.228 C>T SNP-індегі CT генотипі CC, TT генотиптеріне қарағанда дене өлшемдерінің бойының биіктігі, денесінің қиғаш ұзындығы, кеуде орамы, жіліншік орамы, дене салмағы қатарлы көрсеткіштерінде байланысы жоғары болды. Ал TT генотипі CC генотипіне қарағанда бойының биіктігі, жіліншік орамы, дене салмағы көрсеткіштерінде байланысы жоғары болды (3-кесте).

3-кесте – LCORL гені генотиптерінің жылқылардың дене өлшемдерімен байланысы

Генотип	Шоктық биіктігі, см	Дененің қиғаш ұзындығы, см	Кеуде орамы, см	Жіліншік орамы, см	Дене салмағы, кг
CC	141,5±4.59 ^a	149,5±2.44 ^a	178,5±2,77 ^a	18,0±1,06 ^a	453,6±3,29 ^a
CT	149,6±1.54 ^c	152,17±3.04 ^b	181,33±1,37 ^b	20,2±1,20 ^b	462,6±3,55 ^b
TT	146,2±1.39 ^b	148,9±2.51 ^a	178,3±3,74 ^a	19,±1,13 ^b	461,6±3,94 ^b
P-Value	0,0001	0,021	0,026	0,001	0,0001

LCORL генінің филогенетикалық ағашы мен мотив (қайталанатын тізбек) позициясының сақталуын талдау

Әртүрлі сүтқоректі жануарлардың эволюциялық даму процесінде LCORL генінің өзгерістерін түсіну үшін бұл зерттеу NCBI дерекқорынан зебу (XP 070647299,1), ірі қара (XP 027399922,1), азиялық буйвол (XP 044801981,1), үй ешкісі (XP 017904811,1), қой (XP 042107198,1) және жылқы (XP 023494065,2) сияқты түрдің LCORL аминқышқылдарының тізбегін жүктеп алып, MEGA7 бағдарламалық құралын пайдаланып тізбектерге филогенетикалық ағаш талдауы жүргізілді (4А-сурет), және мотив (қайталанатын тізбек) позицияларының сақталуы MEME онлайн талдау бағдарламасының көмегімен талданды (4В-сурет). Филогенетикалық ағаш – бұл ағзалардың немесе организмдер тобының эволюциялық қарым-қатынасын көрсету үшін қолданылатын диаграмма немесе модель [20]. Motif position conservation analysis – бұл биологиялық деректерді талдаудың әдісі, оның мақсаты – белгілі бір мотивтерді (яғни, ДНҚ, РНҚ немесе ақуыздағы ықтимал функционалды белсенді аймақтарды) әртүрлі түрлер немесе популяциялар арасында салыстыру және олардың сақталуын зерттеу [21]. Талдау нәтижесі бойынша аталған жануарлардың эволюциялық процесінде филогенетикалық ағаш байланысында қатты алшақтақ жоқ, байланыстың жақын екендігін көруге болады, сонымен қатар 6 түрлі жануардың LCORL протеиндік тізбегі арасындағы мотив орындарында айтарлықтай сақталғанын көруге болады.

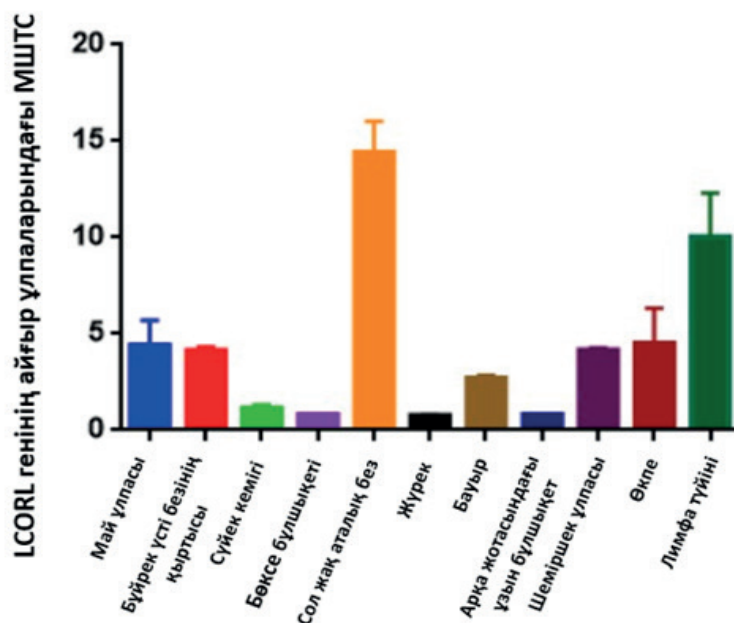


4-сурет – LCORL генінің филогенетикалық ағашы және мотивтердің (қайталанатын тізбек) орнының сақталуын талдау

Түрлердің эволюциялық тарихы көршілес біріктіру әдісі арқылы құрылған филогенетикалық ағаш арқылы көрсетіледі (А). Сегіз түрдің LCORL ақуыз тізбегіндегі мотивтердің орналасуы (В). Р-мәні мотив орнының маңыздылығын көрсетеді. Түсті блоқтың ұзындығы белгілі бір мотив орнының орналасуын, күшін және маңыздылығын білдіреді. Мотив орындарының ұзындығы оның Р-мәнінің теріс логарифміне пропорционалды. Бұл түстер MEME бағдарламалық жүйесі арқылы жүргізілген мотивтік талдау нәтижесінде берілген.

Миллионға шаққандағы транскрипттер (TPM) экспрессиясы

Біз бұл зерттеуде LCORL генінің Айғырдың әртүрлі ұлпаларындағы экспрессия деңгейлеріне Миллион транскриптке бөліу (TPM) әдісі арқылы талдау жасадық, бұл әдіс РНҚ секвенерлеу деректерін өлшеудің бір әдісі, ол геннің немесе транскриптің салыстырмалы экспрессия деңгейін анықтауға мүмкіндік береді [22, 23]. TPM арқылы өлшенген деректер NCBI мәліметтер базасынан алынды. Талдауға сол жақ аталық безде, лимфа түйіні, май ұлпасы, бүйрек үсті безінің қыртысы, бауыр, шеміршек ұлпасы, өкпеде, сүйек кемігі, бөксе бұлшық еті, жүрек және ұзын талшықты бұлшық еттер қатарлы 11 ұлпа алынды. Талдау нәтижесі бойынша ең жоғары экспрессия деңгейі сол жақ жыныс безінде ($14,414 \pm 1,624$ TPM) байқалады. Орташа деңгейлер лимфа түйінінде ($10,02 \pm 2,281$ TPM), өкпеде ($4,503 \pm 1,839$ TPM) және май ұлпасынан ($4,406 \pm 1,304$ TPM) байқалған. Ең төменгі экспрессия деңгейі жүрек ұлпасынан ($0,757 \pm 0,022$ TPM) табылған (5-сурет). Бұл нәтижелер LCORL генінің pre-mRNA экспрессиясының ұлпалар арасында әртүрлі деңгейде болатынын және осы геннің жылқыда белгілі бір ұлпаларда, мысалы, жыныс безі функциясында, иммундық жүйе органдарында, тыныс алу және май ұлпаларында маңызды рөл атқаратынын көрсетеді.



5-сурет – LCORL генін жылқының әртүрлі ұлпаларындағы экспрессиясын талдау

Жылқылардың дене өлшемдері мен ұша сипаттамаларына жануарлардың жасы, қоршаған орта факторлары, өсіру жағдайлары, қоректену және генетикалық тұқым қуалау сияқты әртүрлі факторлар әсер етеді. Селекциялық өсіру осы экономикалық маңызды белгілерді тұрақты жақсартуға қол жеткізудің тиімді стратегиясы болып табылады, бірақ ұрпақ аралығының ұзағырақ болуына байланысты ұтымды генетикалық нәтижелерге қол жеткізу уақытты қажет етеді. Геномдық іріктеу белгілердің жақсару жылдамдығын арттыруға көмектеседі және ұрпақтарды сұрыптау шығындарын азайтады. SNP генотиптеріне негізделген анализ аталық және аналық малдарды ерте сұрыптауға мүмкіндік беріп, сапалы белгілерді генетикалық тәсілдер арқылы нақты анықтауға жол ашады.

Осы зерттеуде LCORL генінің ген тізбектерінің кодталған аймағында g.228 C>T SNP анықталды. SNP генотиптер бойынша Мұғалжар жылқы тұқымының Ертіс зауыттық типіне жататын «Заман» және «Бақай» аталық іздерінен тараған 15 пен 18 ай аралығындағы 52 бас аталық жылқыларының дене өлшемдерімен байланысы талданып, жылқыларда СТ генотипі СС, ТТ генотиптеріне қарағанда қайталану жиілігі жоғары болып, дене өлшемдерінің бойының биіктігі, денесінің қиғаш ұзындығы, кеуде орамы, жіліншік орамы, дене салмағы қатарлы көрсеткіштерінде байланысы жоғары болды. g.228 C>T SNP-ін талдау нәтижелері бойынша СТ генотипі Мұғалжар жылқы тұқымын асылдандыру жұмысында дене тұрқының өзгерістерін жақсарту бойынша генетикалық материал болады деп айтуға негіз бар, алайда бұл әлі де зерттеуді қажет етеді.

LCORL генінің аминқышқылы тізбегіндегі (XR_011437179,1) әртүрлі сүтқоректі жануарлардағы эволюциялық қатынастары және мотивтерінің сақталуын талдауға жалпы 6 жануардың ірі қара (XP 027399922,1), азиялық буйвол (XP 044801981,1), үй ешкісі (XP 017904811,1), қой (XP 042107198,1), жылқы (XP 023494065,2) аминқышқылы тізбегі талданып, талдау нәтижесі бойынша жануарлардың эволюциялық процесінде филогенетикалық ағаш байланысында қатты алшақтақ жоқ, тық қатынастары жақын екендігі, сонымен қатар мотив орындарында айтарлықтай сақталғанын көріуге болады.

LCORL генінің Айғырдың әртүрлі ұлпаларындағы экспрессия деңгейлеріне Миллион транскриптке бөліу (TPM) әдісі арқылы талдау нәтижесі бойынша аталған 11 ұлпада ең жоғары экспрессия деңгейі сол жақ жыныс безінде ($14,414 \pm 1,624$ TPM) байқалды. Орташа деңгейлер лимфа түйінінде ($10,02 \pm 2,281$ TPM), өкпеде ($4,503 \pm 1,839$ TPM) және май ұлпасынан ($4,406 \pm 1,304$ TPM) байқалған. Ең төменгі экспрессия деңгейі жүрек ұлпасынан ($0,757 \pm 0,022$ TPM) табылған. Бұл нәтижелер LCORL генінің pre-mRNA экспрессиясының ұлпалар арасында әртүрлі деңгейде болатынын және осы геннің жылқыда белгілі бір ұлпаларда, мысалы, жыныс безі функциясында, иммундық жүйе органдарында, тыныс алу және май ұлпаларында маңызды рөл атқаратынын көрсетеді.

Қорытынды

Зерттеу нәтижелеріне негізделе келіп Мұғалжар жылқы тұқымының Ертіс зауыттық типіне жататын «Заман» және «Бақай» аталық іздерінен тараған 52 аталық жылқының СТ генотипті көрсеткен жылқыларды өнімділікті арттыруда генетикалық қор ретінде қолдануға болады, себебі ассоциациялық талдау нәтижелері бойынша СТ генотипі жылқылардың дене тұрқының өзгерісіне айтарлықтай әсер ететіндігін көрсетті, сондықтан осы мутация кейінгі ұрпақта тұқым қуалауы әбден мүмкін, бұл мал өнімін арттырып, табынды жақсартуға көмектеседі, сонымен қатар LCORL генін маркер ген деп санауға болады деп есептейміз.

Авторлардың үлесі

ҚН және АС: зерттеуді тұжырымдап, ресімдеді, жан-жақты әдебиеттерге шолу жасап, жиналған деректерді талдап, мақала мәтінін дайындады. РУ, ҚИ, СБ және АЖ: мақала мәтінін соңғы редакциялап, түзетулер енгізді. Барлық авторлар мақаланың соңғы нұсқасын оқып шығып, қарап, мақұлдады.

Қаржыландыру туралы ақпарат

Жұмыс 2023-2026 жылдарға арналған бағдарламалық-мақсатты қаржыландыру аясында №BR21882327 «Ауыл шаруашылығы өнімдерін органикалық өндіру мен өңдеудің жаңа технологияларын дамыту» ғылыми зерттеу шеңберінде қаржылық қолдауымен орындалды.

Әдебиеттер тізімі

- 1 Исхан, К., Ускенов, Р., Акимбеков, А., Баймуқанов, Д., Юлдашбаев, Ю., Орыналиев, К. (2024). Иртышский заводской тип мугалжарской породы и линии замана, бакайя. *Исследования, результаты*, 4(104), 16-24. DOI:10.37884/4-2024/02.
- 2 Бейшова, И., Гриценко, Д., Шаменова, М., Пожарский, А., Ульянова, Т., Ковальчук, А. (2023). Полногеномный поиск ассоциаций с продуктивными качествами у отечественных пород лошадей. *Исследования, результаты*, 4(100), 11-19. DOI:10.37884/4-2023/02.
- 3 Signer-Hasler, H., Flury, C., Haase, B., Burger, D., Simianer, H., Leeb, T., Rieder, S. (2012). A Genome-Wide Association Study Reveals Loci Influencing Height and Other Conformation Traits in Horses. *PLoS One*, 7(5), e37282. DOI:10.1371/journal.pone.0037282.
- 4 Shokouh, M-N, Hoffman, GE, Allen, JJ, Chu, E., Gu, E., Chandler, AM, Lored, AI, Bellone, RR, Mezey, JG, Brooks, SA, Sutter NB. (2012). Four Loci Explain 83% of Size Variation in the Horse. *PLoS One*. DOI:10.1371/journal.pone.0039929.
- 5 Gudbjartsson, DF, Walters, GB, Thorleifsson, G., Stefansson, H, Halldorsson, BV. (2008) Many sequence variants affecting diversity of adult human height. *Nat Genet.*, 40, 609-615. DOI: 10.1038/ng.122.
- 6 Lindholm-Perry, AK, Sexten, AK, Kuehn, LA, Smith, TP, King, DA. (2011). Association, effects and validation of polymorphisms within the NCAPG -LCORL locus located on BTA6 with feed intake, gain, meat and carcass traits in beef cattle. *BMC Genet.*, 12, 103.
- 7 Shriner, D., Adeyemo, A., Gerry, NP, Herbert, A., Chen, G. (2009). Transferability and fine-mapping of genome-wide associated loci for adult height across human populations. *PLoS One*, 4, e8398. DOI: 10.1186/1471-2350-13-88.
- 8 Lindtke, D., Lerch, S., Morel, I., Neuditschko, M. (2024). Assessment of genome complementarity in three beef-on-dairy crossbreds reveals sire-specific effects on production traits with comparable rates of genomic inbreeding reduction. *BMC Genomics*, 25(1), 1118. DOI:10.1186/s12864-024-11029-z.
- 9 Akanno, EC, Chen, L., Abo-Ismael, MK, Crowley, JJ, Wang, Z., Li, C. (2018). Genome-wide association scan for heterotic quantitative trait loci in multi-breed and crossbred beef cattle. *Genet Sel Evol.*, 50(1), 48. DOI: 10.1186/s12711-018-0405-y.
- 10 Bouwman, AC, Daetwyler, HD, Chamberlain, AJ, Ponce, CH, Sargolzaei, M., Schenkel, FS. (2018). Meta-analysis of genome-wide association studies for cattle stature identifies common genes that regulate body size in mammals. *Nat Genet.*, 50(3), 362-7. DOI: 10.1038/s41588-018-0056-5.
- 11 Sahana, G., Höglund, JK, Gulbrandsen, B., Lund, MS. (2015). Loci associated with adult stature also affect calf birth survival in cattle. *BMC Genet.*, 16, 47. DOI: 10.1186/s12863-015-0202-3.
- 12 Sheet, S., Kim, J-S, Ko, M-J, Kim, N-Y, Lim, Y-J, Park, M-R, Lee, S-J, Kim, J-M, Oh, S-I, Choi, B-H. (2021). Insight into the Candidate Genes and Enriched Pathways Associated with Height, Length, Length to Height Ratio and Body-Weight of Korean Indigenous Breed, Jindo Dog Using Gene Set Enrichment-Based GWAS Analysis. *Animals*, 11, 3136. DOI:10.3390/ani11113136.
- 13 Takasuga, A. (2016). PLAG1 and NCAPG-LCORL in livestock. *Anim. Sci. J.*, 87, 159-167.
- 14 Tetens, J., Widmann, P., Kühn, C., Thaller, G. (2013). A genome-wide association study indicates LCORL/NCAPG as a candidate locus for withers height in German Warmblood horses. *Anim. Genet.*, 44, 467-471. DOI:10.1111/age.12031.
- 15 Simon, M., Kai, A., Potočník, K. (2024). Unveiling Genetic Potential for Equine Meat Production: A Bioinformatics Approach. *Animals*, 14, 2441. DOI:10.3390/ani14162441.
- 16 Soranzo, N., Rivadeneira, F., Chinappan-Horsley, U., Malkina, I., Richards, JB. (2009). Meta-analysis of genome-wide scans for human adult stature identifies novel loci and associations with measures of skeletal frame size. *PLoS Genet.* DOI:10.1371/journal.pgen.1000445.
- 17 Wade, CM, Giulotto, E., Sigurdsson, S., Zoli, M., Gnerre, S. (2009). Genome sequence, comparative analysis, and population genetics of the domestic horse. *Science*, 326(5954), 865-867. DOI: 10.1126/science.1178158.
- 18 Metzger, J., Schrimpf, R., Philipp, U., Distl, O. (2009). Expression Levels of LCORL Are Associated with Body Size in Horses. *PLoS One*, 8(2), e56497. DOI:10.1371/journal.pone.0056497.

19 Kabylbekova, D., Ussenbekov, Y., Assanbayev, T., Bekmanov, B., Kassymbekova, Sh. (2023). Identification on SNP polymorphisms associated with meat productivity in the local Kazakh horse breed. *Bulletin of the Karaganda*, 4(112), 69-76. DOI:10.31489/2023bmg4/69-76.

20 Saitou, N., Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol.*, 4(4), 406-425. DOI:10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454.

21 Aydinli, M., Liang, Ch., Dandekar, T. (2022). Motif and conserved module analysis in DNA (promoters, enhancers) and RNA (lncRNA, mRNA) using AIModules. *Scientific Reports*, 12, 17588. DOI:10.1038/s41598-022-21732-0.

22 Zhao, Y., Li, M-C, Konaté, MM, Chen, L., Das, B., Karlovich, Ch., Williams, PM, Evrard, YA, Doroshov, JH, McShane, LM. (2021). TPM, FPKM, or Normalized Counts? A Comparative Study of Quantification Measures for the Analysis of RNA-seq Data from the NCI Patient-Derived Models Repository. *Journal of Translational Medicine*, 19, 269. DOI:10.1186/s12967-021-02936-w.

23 Bai, T., Liang, B., Zhao, Y., Han, J., Pu, Y., Wang, C., Ma, Y., Jiang, L. (2022). Transcriptome Analysis Reveals Candidate Genes Regulating the Skin and Hair Diversity of Xinji Fine-Wool Sheep and Tan Sheep. *Agriculture*, 12(1), 15. DOI:10.3390/agriculture12010015.

References

1 Ishan, K., Uskenov, R., Akimbekov, A., Bajmukanov, D., Juldashbaev, Ju., Orynaliyev, K. (2024). Irtyshskii zavodskoi tip Mugalzharskoi porody i linii zamana, bakaia. *Issledovaniya, rezul'taty*, 4(104), 16-24. DOI:10.37884/4-2024/02.

2 Bejshova, I., Gricenko, D., Shamekova, M., Pozharskij, A., Ul'janova, T., Koval'chuk, A. (2023). Polnogenomnyi poisk associacii s produktivnymi kachestvami u otechestvennyh porod loshadei. *Issledovaniya, rezul'taty*, 4(100), 11-19. DOI:10.37884/4-2023/02.

3 Signer-Hasler, H., Flury, C., Haase, B., Burger, D., Simianer, H., Leeb, T., Rieder, S. (2012). A Genome-Wide Association Study Reveals Loci Influencing Height and Other Conformation Traits in Horses. *PLoS One*, 7(5), e37282. DOI:10.1371/journal.pone.0037282.

4 Shokouh, M-N, Hoffman, GE, Allen, JJ, Chu, E., Gu, E., Chandler, AM, Lored, AI, Bellone, RR, Mezey, JG, Brooks, SA, Sutter NB. (2012). Four Loci Explain 83% of Size Variation in the Horse. *PLoS One*. DOI:10.1371/journal.pone.0039929.

5 Gudbjartsson, DF, Walters, GB, Thorleifsson, G, Stefansson, H, Halldorsson, BV. (2008) Many sequence variants affecting diversity of adult human height. *Nat Genet.*, 40, 609-615. DOI: 10.1038/ng.122.

6 Lindholm-Perry, AK, Sexten, AK, Kuehn, LA, Smith, TP, King, DA. (2011). Association, effects and validation of polymorphisms within the NCAPG -LCORL locus located on BTA6 with feed intake, gain, meat and carcass traits in beef cattle. *BMC Genet.*, 12, 103.

7 Shriner, D., Adeyemo, A., Gerry, NP, Herbert, A., Chen, G. (2009). Transferability and fine-mapping of genome-wide associated loci for adult height across human populations. *PLoS One*, 4, e8398. DOI: 10.1186/1471-2350-13-88.

8 Lindtke, D., Lerch, S., Morel, I., Neuditschko, M. (2024). Assessment of genome complementarity in three beef-on-dairy crossbreds reveals sire-specific effects on production traits with comparable rates of genomic inbreeding reduction. *BMC Genomics*, 25(1), 1118. DOI:10.1186/s12864-024-11029-z.

9 Akanno, EC, Chen, L., Abo-Ismael, MK, Crowley, JJ, Wang, Z., Li, C. (2018). Genome-wide association scan for heterotic quantitative trait loci in multi-breed and crossbred beef cattle. *Genet Sel Evol.*, 50(1), 48. DOI: 10.1186/s12711-018-0405-y.

10 Bouwman, AC, Daetwyler, HD, Chamberlain, AJ, Ponce, CH, Sargolzaei, M., Schenkel, FS. (2018). Meta-analysis of genome-wide association studies for cattle stature identifies common genes that regulate body size in mammals. *Nat Genet.*, 50(3), 362-7. DOI: 10.1038/s41588-018-0056-5.

11 Sahana, G., Höglund, JK, Guldbbrandtsen, B., Lund, MS. (2015). Loci associated with adult stature also affect calf birth survival in cattle. *BMC Genet.*, 16, 47. DOI: 10.1186/s12863-015-0202-3.

12 Sheet, S., Kim, J-S, Ko, M-J, Kim, N-Y, Lim, Y-J, Park, M-R, Lee, S-J, Kim, J-M, Oh, S-I, Choi, B-H. (2021). Insight into the Candidate Genes and Enriched Pathways Associated with Height, Length,

Length to Height Ratio and Body-Weight of Korean Indigenous Breed, Jindo Dog Using Gene Set Enrichment-Based GWAS Analysis. *Animals*, 11, 3136. DOI:10.3390/ani11113136.

13 Takasuga, A. (2016). PLAG1 and NCAPG-LCORL in livestock. *Anim. Sci. J.*, 87, 159-167.

14 Tetens, J., Widmann, P., Kühn, C., Thaller, G. (2013). A genome-wide association study indicates LCORL/NCAPG as a candidate locus for withers height in German Warmblood horses. *Anim. Genet.*, 44, 467-471. DOI:10.1111/age.12031.

15 Simon, M., Kai, A., Potočnik, K. (2024). Unveiling Genetic Potential for Equine Meat Production: A Bioinformatics Approach. *Animals*, 14, 2441. DOI:10.3390/ani14162441.

16 Soranzo, N., Rivadeneira, F., Chinappen-Horsley, U., Malkina, I., Richards, JB. (2009). Meta-analysis of genome-wide scans for human adult stature identifies novel loci and associations with measures of skeletal frame size. *PLoS Genet.* DOI:10.1371/journal.pgen.1000445.

17 Wade, CM, Giulotto, E., Sigurdsson, S., Zoli, M., Gnerre, S. (2009). Genome sequence, comparative analysis, and population genetics of the domestic horse. *Science*, 326(5954), 865-867. DOI: 10.1126/science.1178158.

18 Metzger, J., Schrimpf, R., Philipp, U., Distl, O. (2009). Expression Levels of LCORL Are Associated with Body Size in Horses. *PLoS ONE*, 8(2), e56497. DOI:10.1371/journal.pone.0056497.

19 Kabylbekova, D., Ussenbekov, Y., Assanbayev, T., Bekmanov, B., Kassymbekova, Sh. (2023). Identification on SNP polymorphisms associated with meat productivity in the local Kazakh horse breed. *Bulletin of the Karaganda*, 4(112), 69-76. DOI:10.31489/2023bmg4/69-76.

20 Saitou, N., Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol.*, 4(4), 406-425. DOI:10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454.

21 Aydinli, M., Liang, Ch., Dandekar, T. (2022). Motif and conserved module analysis in DNA (promoters, enhancers) and RNA (lncRNA, mRNA) using AIModules. *Scientific Reports*, 12, 17588. DOI:10.1038/s41598-022-21732-0.

22 Zhao, Y., Li, M-C, Konaté, MM, Chen, L., Das, B., Karlovich, Ch., Williams, PM, Evrard, YA, Doroshow, JH, McShane, LM. (2021). TPM, FPKM, or Normalized Counts? A Comparative Study of Quantification Measures for the Analysis of RNA-seq Data from the NCI Patient-Derived Models Repository. *Journal of Translational Medicine*, 19, 269. DOI:10.1186/s12967-021-02936-w.

23 Bai, T., Liang, B., Zhao, Y., Han, J., Pu, Y., Wang, C., Ma, Y., Jiang, L. (2022). Transcriptome Analysis Reveals Candidate Genes Regulating the Skin and Hair Diversity of Xinji Fine-Wool Sheep and Tan Sheep. *Agriculture*, 12(1), 15. DOI:10.3390/agriculture12010015.

Влияние гена LCORL на изменение экстерьера Казахской породы лошадей Мугалжар

Нургулсим К., Смакова А.К., Ускенов Р.Б., Исхан К.Ж., Бостанова С.К., Жумалин А.К.

Аннотация

Предпосылки и цель. Коневодство в Казахстане – традиционная и важная отрасль. Однако в процессе её развития возникают ряд недостатков и проблем. Например, в племенной работе по улучшению пород редко используется генетическая селекция. В связи с этим данное исследование направлено на изучение влияния гена LCORL (далее Ligand dependent nuclear receptor corepressor like) на экстерьерные и продуктивные показатели потомства Мугалжарской породы лошадей Ертисского заводского типа, происходящего от линий жеребцов «Заман» и «Бакай». Цель – обоснование использования генетического материала для селекции племенных жеребцов.

Материалы и методы. Для исследования были отобраны образцы шерсти от 52 жеребцов в возрасте от 15 до 18 месяцев, происходящих от линий жеребцов «Заман» и «Бакай» Мугалжарской породы Ертисского заводского типа, содержащихся в крестьянском хозяйстве «Азамат 2», расположенном в Абайской области. Из образцов была выделена ДНК для проведения генетических исследований, и был выполнен ассоциативный анализ гена LCORL методом однонуклеотидного полиморфизма (SNP). В результате исследования были выявлены полиморфизмы гена, ассоциированные с продуктивными качествами.

Результаты. По результатам исследования однонуклеотидного полиморфизма (SNP) нами была выявлена гетерозиготная мутация C>T в позиции g.228 гена LCORL в геноме лошадей мугалжарской породы, то есть SNP C>T. Данный SNP классифицировался на следующие аллели: CC, CT и TT. Анализ аллельных и генотипических частот показал, что SNP g.228 C>T отклоняется от равновесия Харди – Вайнберга (HWE) ($p < 0.05$). Показатель информативности полиморфизма (PIC) свидетельствовал о среднем уровне полиморфизма ($0.25 < PIC < 0.50$). По генотипическим частотам было установлено, что частота генотипа CT была выше, чем у CC и TT. При анализе связи между генотипами SNP g.228 C>T гена LCORL и промерами тела лошадей мугалжарской породы установлено, что генотип CT показал более высокую связь с такими показателями, как высота в холке, косая длина туловища, обхват груди, обхват пясти и живая масса по сравнению с генотипами CC и TT. В то же время, генотип TT продемонстрировал более высокую ассоциацию с высотой в холке, обхватом пясти и живой массой по сравнению с генотипом CC.

Закключение. На основе вышеуказанных результатов анализа SNP можно предположить, что ген LCORL может быть использован в качестве молекулярного маркера для дальнейшего улучшения племенных качеств потомства линий жеребцов «Заман» и «Бакай» Ертисского заводского типа казахской породы лошадей Мугалжарского типа. Однако влияние данного гена на продуктивные качества лошадей требует дополнительных исследований.

Ключевые слова: LCORL; ген; SNP; генотип; TPM.

The effect of the LCORL gene on the body conformation of the Kazakh Mughaljar horse breed

Kaster Nurgulsim, Anel K. Smakova, Rashit B. Uksenov, Kairat Zh. Iskhan,
Saule K. Bostanova, Aibek K. Zhumalin

Abstract

Background and Aim. Horse breeding in Kazakhstan is a traditional and important sector. However, during its development, several shortcomings and issues arise. For example, genetic selection is rarely applied in the process of breed improvement. Therefore, this study aimed to investigate the effect of the LCORL (ligand-dependent nuclear receptor corepressor-like) gene on the body conformation and performance traits of the offspring descended from the stallion lines “Zaman” and “Bakai” belonging to the Ertis factory type of the Mughalzhar horse breed. The goal is to use the genetic material for the selection of breeding stallions.

Materials and Methods. Wool samples were collected from 52 stallions aged between 15 and 18 months, descended from the stallion lines “Zaman” and “Bakai” of the Ertis factory type of the Mughalzhar horse breed, kept at the “Azamat 2” farm located in Abai region. DNA was extracted from the samples for genetic analysis, and an association study of the LCORL gene was conducted using the single nucleotide polymorphism (SNP) method. As a result of the study, gene polymorphisms associated with productive traits were identified.

Results. Based on the results of the single nucleotide polymorphism (SNP) analysis, we identified a heterozygous C>T mutation at position g.228 of the LCORL gene in the genome of the Mughalzhar horse breed, i.e., the SNP C>T. This SNP was classified into the following genotypes: CC, CT, and TT. Analysis of allele and genotype frequencies showed that the g.228 C>T SNP deviated from Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) ($p < 0.05$). The polymorphism information content (PIC) indicated a moderate level of polymorphism ($0.25 < PIC < 0.50$). The CT genotype was more frequent than the CC and TT genotypes.

Regarding the association between genotypes of the g.228 C>T SNP of the LCORL gene and body measurements of the Mughalzhar horse breed, the CT genotype showed a stronger correlation with traits such as wither height, body diagonal length, chest girth, cannon girth, and body weight compared to the CC and TT genotypes. Additionally, the TT genotype exhibited a stronger association with wither height, cannon girth, and body weight compared to the CC genotype.

Conclusion. Based on the results of the SNP analysis mentioned above, the LCORL gene may be used as a molecular marker to further improve the breeding qualities of the offspring descended from the stallion lines “Zaman” and “Bakai” of the Ertis factory type of the Kazakh Mughalzhar horse breed. However, the effect of this gene on the productive traits of horse breeds still requires additional research.

Keywords: LCORL; gene; SNP; genotype; Mughalzhar horse.