







Еуразиялық агротехникалық журнал = Евразийский агротехнический журнал. – Астана: С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, 2026. -№ 1 (129). - Р.-90-101. - ISSN 3135-243X, 3135-2448

doi.org/10.51452/eaj.2026.1(129).2121

ӘОЖ 636.2.082 (043.3)

Зерттеу мақаласы

## Қалмақ тұқымы бұқашықтарының әртүрлі ұлпаларында анықталған полиморфты гендердің мРНҚ экспрессиясы және корреляциялық байланысы

Қажғалиев Н.Ж.<sup>1</sup> , Маханбетова А.Б.<sup>1</sup> , Нұргүлсім Қ.<sup>1</sup> , Габбасов М.Б.<sup>1</sup>   
Жумагазиева С.М.<sup>1</sup> , Аманғалиев Т.Г.<sup>2</sup> 

<sup>1</sup>С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті  
Астана, Қазақстан

<sup>2</sup>Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті, Орал, Қазақстан

**Автор-корреспондент:** Маханбетова А.Б.: aikabek80@mail.ru

**Бірлескен авторлар:** (1: НК) kazhgaliev.n@mail.ru; (2: ҚН) kacter-83@mail.ru  
(3: МГ) miras\_93\_23@mail.ru; (4: СЖ) sanya270181@mail.ru; (5: ТА) tlegenag@mail.ru

**Қабылданған күні:** 15.01.2026 **Қабылданды:** 17.02.2026 **Жарияланды:** 30.03.2026

### Түйін

Алғышарттар мен мақсат. Мақалада келтірілген зерттеу жұмыстары Жамбыл облысындағы «Агрофирма Туркпен» ЖШС-де өсірілетін қалмақ тұқымы бұқашықтарының әртүрлі ұлпаларындағы полиморфты гендердің мРНҚ экспрессиясы мен корреляциялық байланысын зерттеуге бағытталған. Зерттеудің мақсаты — қалмақ тұқымы бұқашықтарының әртүрлі ұлпаларында ELOVL6 және CRT2 гендерінің экспрессия заңдылықтарын талдау, бірнуклеотидті полиморфизмдерді анықтау және олардың дене өлшемдері көрсеткіштерімен корреляциялық байланысын бағалау болып табылады. Алынған зерттеу нәтижелері етті ірі қара малын селекциялауда молекулалық-генетикалық тәсілдерді қолдану үшін ғылыми негіз бола алады.

Материалдар мен әдістер. Ғылыми-зерттеу жұмыстары 2024-2025 жылдары жүргізілді. Зерттеу нысаны ретінде 12-18 айлық қалмақ тұқымды бұқашықтар алынды, ал клиникалық тұрғыдан сау 18 айлық 3 бас малдан 13 түрлі ұлпа үлгілері жиналды. Ұлпалардан жалпы РНҚ бөлініп алынып, қДНҚ синтезі жүргізілді. ELOVL6 және CRT2 гендерінің экспрессия деңгейі real-time qPCR әдісімен анықталды.

Нәтижелер. Зерттеу нәтижелері қалмақ тұқымды ірі қара малының әртүрлі ұлпаларында ELOVL6 және CRT2 гендерінің мРНҚ экспрессиясы айқын ұлпаға тәуелді заңдылықтарға ие екенін көрсетті. CRT2 гені негізінен энергетикалық метаболизмге белсенді қатысатын жүрек пен бауыр ұлпаларында жоғары экспрессияланса, ELOVL6 гені липидтік алмасуға қатысатын көкбауыр мен ішек ұлпаларында жоғары транскрипциялық белсенділік көрсетті.

Қорытынды. Алынған деректер бұл гендердің май және энергия алмасуын реттеудегі молекулалық рөлін нақтылай отырып, оларды ет өнімділігімен байланысты перспективалы кандидат-гендер ретінде қарастыруға мүмкіндік береді. Зерттеу нәтижелері ірі қара малды селекциялауда молекулалық-генетикалық тәсілдерді қолдануға ғылыми негіз бола алады.

**Кілт сөздер:** бұқашықтар; корреляциялық байланыс; қалмақ тұқымы; мРНҚ экспрессиясы; ұлпа; полиморфты гендер.

### Кіріспе

Қазіргі таңда мал шаруашылығында өнімділігі жоғары, бейімделгіш және сапалы ет беретін ірі қара тұқымдарын жетілдіру өзекті ғылыми бағыттардың бірі болып табылады. Бұл міндетті шешуде жануарлардың өнімділік қасиеттерінің генетикалық негіздерін, соның ішінде май алмасуы мен энергия метаболизміне қатысатын негізгі гендердің құрылымдық және

функционалдық ерекшеліктерін зерттеу маңызды рөл атқарады. Осы тұрғыдан алғанда, етті ірі қара мал тұқымдарында өнімділік көрсеткіштерімен байланысты кандидат-гендерді анықтау және олардың экспрессия деңгейін бағалау селекциялық жұмыстың тиімділігін арттыруға мүмкіндік береді. Жергілікті тұқымдардың ішінде қалмақ тұқымды ірі қара малы мықты конституциясымен, генетикалық тұрақтылығымен және қолайсыз табиғи-климаттық жағдайларға жоғары бейімделгіштігімен ерекшеленетін, Қазақстанда кең таралған етті тұқым ретінде белгілі. Аталған тұқымның өнімділік әлеуетін молекулалық-генетикалық деңгейде зерттеу, әсіресе май ұлпасының жиналуы мен энергия алмасуын реттейтін гендердің өзгергіштігін талдау, қазіргі селекция талаптарына сай келетін жаңа ғылыми деректер алуға негіз болады [1, 2].

Қазақстандағы асыл тұқымды қалмақ малына жүргізілген зерттеулер бойынша бұзаулардың туу кезіндегі орташа тірі салмағы 22-26 кг құрап, алты айлық жасында 165-175 кг жетеді. Өсудің алғашқы жылында тәуліктік орташа салмақ қосуы 0,65-0,75 кг дейін жетіп, бұл тұқымның кеш жетілгіштігін көрсетеді. Дегенмен, қалмақ тұқымы ірі қара малының төзімділігі мен бейімделгіштігіне қарамастан, оның экзотикалық коммерциялық етті тұқымдармен салыстырғандағы экономикалық бәсекеге қабілеттілігі бұлшықет ішіндегі майдың (мәрмәрліктің) төмен деңгейі және теріасты майының жеткіліксіз жиналуы сияқты кемшіліктермен шектеледі. Аталған ерекшеліктер ет сапасына және тұтынушылардың сұранысына тікелей әсер етеді [3, 4].

Сонымен қатар, қалмақ тұқымды ірі қара малының геномдық сипаттамасы әлі де жеткіліксіз зерттелген, ал оның өсуі мен ұша көрсеткіштерінің генетикалық негізі туралы мәліметтер шектеулі. Осыған байланысты бұл тұқымды зерттеу оны сақтау және генетикалық тұрғыдан жетілдіру стратегияларын әзірлеу үшін маңызды ғылыми деректер береді.

Генетикалық зерттеулер тағамдық құндылығы мен сапалық көрсеткіштері жақсартылған ет өндіретін ірі қара мал тұқымдарын дамытуда маңызды рөл атқарады [5]. Осы тұрғыдан алғанда, маркерлік-ассоциациялық селекция әдісі тиімді құрал болып табылады, өйткені ол қолайлы генетикалық маркерлерді ерте кезеңде анықтауға және оларды селекцияда қолдануға мүмкіндік береді, нәтижесінде уақыт пен материалдық ресурстарды үнемдеуге жағдай жасайды [6].

Генетикалық өзгергіштіктің әртүрлі түрінің ішінде бірнуклеотидті полиморфизмдер (SNP) ең кең таралған болып табылады және мал шаруашылығында маңызды маркерлерге айналды. Өсу қарқыны, май жиналуы және ет сапасы сияқты негізгі белгілермен байланысты SNP-терді зерттеу тиімді селекциялық бағдарламаларды әзірлеуге мүмкіндік береді [7]. Қолайлы аллельдерді анықтау қалаулы белгілердің күшеюіне ықпал етіп, ет өндірісінің тиімділігін және соңғы өнімнің сапасын арттырады. Соңғы жылдары әртүрлі ірі қара мал тұқымдарында экономикалық тұрғыдан маңызды белгілермен байланысты көптеген SNP-тер анықталды [3, 8, 9]. Мысалы, калпастатин (CAST) геніндегі полиморфизмдер Nellore және Angus×Nellore будандарында еттің жұмсақтығымен айтарлықтай байланысты екені көрсетілген [10]. Сонымен қатар, STAT5A геніндегі көшірме санының вариациялары (CNV) Қытай ірі қара малында өсу белгілеріне әсер ететіні анықталған [3, 11].

ELOVL май қышқылдарын ұзартатын 6-ферментті кодтайтын ELOVL6 гені және CREB арқылы реттелетін транскрипциялық коактиватор 2 (CRTC2) гені ірі қара малда ет өнімділігіне бағытталған маркерлік селекция зерттеулері үшін аса маңызды болып табылады, себебі олар өсу, май жиналуы және ет сапасына тікелей әсер етеді. ELOVL6 геніндегі SNP-тердің еттегі май қышқылдарының құрамына әсер етіп, мәрмәрлік, майдың жиналуы және жалпы ет сапасы сияқты көрсеткіштермен байланысты екені көрсетілген [3, 12]. Бұл ген ұзын тізбекті май қышқылдарының синтезіне қатысып, липидтік алмасуда маңызды рөл атқарады және әсіресе моноқанықпаған май қышқылдарының түзілуінде ерекше маңызға ие [3, 13].

CREB арқылы реттелетін транскрипциялық коактиваторлар (CRTC) гендер тобына CRTC1, CRTC2 және CRTC3 (TORC1, TORC2 және TORC3) кіреді. TORC2 гені адипогенез, липогенез, липидтердің этерификациясы және липолиздің тежелуі процестерінде, сондай-ақ сиыр адипоциттеріндегі реттеуші қызметтерде маңызды рөл атқарады [14]. Бұл ген метаболизмге қатысатын гендердің экспрессиясын реттейтін транскрипциялық факторлар үшін коактиватор ретінде қызмет етіп, семіздік процестерімен де байланысты [3, 15]. Алдыңғы зерттеулерде TORC1 генінің g.80G>T және g.93A>T SNP-тері Qinchuan тұқымды ірі қара малында дене өлшемдерінің жоғары көрсеткіштерімен ассоциацияланғаны анықталған [3, 16]. Сонымен қатар,

CRTC2 геніндегі SNP-тер ірі қара малда тірі салмақтың өсуі, азықты тиімді пайдалану және май жиналу белгілеріне әсер ететіні көрсетілген Khan және т.б. [17] TORC2 промотор аймағында үш жаңа SNP-ті (g.16534694G>A, g.16535011C>T және g.16535044A>T) анықтап, олардың Qinchuan тұқымды ірі қара малында дене өлшемдері мен ұша сапасының жоғары көрсеткіштерімен байланысты екенін көрсетті. Бұл деректер CRTC2 генін ірі қара малда ет сапасы мен өнімділігін арттыруға бағытталған маңызды зерттеу нысаны ретінде қарастыруға мүмкіндік береді [3, 18].

Өсу белгілеріне әсер ететін генетикалық маркерлерді анықтау ет сапасын оңтайландыруға, өсу көрсеткіштерін жақсартуға және сиыр етін өндірудің жалпы тұрақтылығын арттыруға мүмкіндік береді [3, 19, 20].

Осыған байланысты, зерттеудің мақсаты – қалмақ тұқымды ірі қара малының әртүрлі ұлпаларында ELOVL6 және CRTC2 гендерінің экспрессия заңдылықтарын талдау, бірнуклеотидті полиморфизмдерді анықтау және олардың дене өлшемдері көрсеткіштерімен байланысын бағалау болып табылады.

Алынған нәтижелер етті ірі қара малды селекциялауда молекулалық-генетикалық тәсілдерді қолдану үшін ғылыми негіз бола алады.

## Материалдар мен әдістер

### Этикалық бекіту

Жануарларға қатысты барлық тәжірибелік процедуралар этикалық стандарттарға сәйкес жүргізілді және С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеулер университетінің жергілікті этика комитетімен қаралып, рұқсат алынды және бекітілді (№1 хаттама, 2024 жылғы 16 қазан).

Зерттеу жұмыстары 2024-2025 жылдары қалмақ тұқымы малын өсіріп жатқан Жамбыл облысы «Агрофирма Туркпен» ЖШС жүргізілді. Зерттеу нысаны ретінде қалмақ тұқымының 12-18 айлық жастағы бұқашықтары алынды. Зерттеу барысында «Агрофирма Туркпен» ЖШС мал сою аландарында клиникалық тұрғыдан сау, жасы 18 айлық қалмақ тұқымының 3 бас бұқашықтары сойылып, зертеуге ұлпа үлгілері алынды. Зерттеу үшін барлығы 13 түрлі ұлпа жиналды: көкбауыр, жүрек, бауыр, висцералды май, тоқ ішек, оң жақ бүйрек, аш ішек, он екі елі ішек, оң жақ өкпе, теріасты майы, тері, арқа бұлшықеті және сол жақ жыныс безі.

Барлық ұлпа үлгілері стерильді жағдайда өңделіп, криопробиркаларға салынып, сұйық азотта мұздатылды және С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университетінің ауыл шаруашылық биотехнология зертханасына жеткізілді.

### Ұлпа үлгілерінен жалпы РНҚ бөліп алу және қДНҚ-ға кері транскрипциялау

Ұлпалардан жалпы РНҚ RecoverAll™ Total Nucleic Acid Isolation Kit for FFPE реагенттер жинағының көмегімен бөлініп алынды. РНҚ-ны қДНҚ-ға кері транскрипциялау RevertAid First Strand cDNA Synthesis Kit реагенттер жинағын пайдалану арқылы жүргізілді. Барлық процедуралар өндіруші ұсынған хаттамаларға сәйкес орындалды [1, 3].

### Ген экспрессиясын qRT-PCR әдісімен анықтау

CRTC2 және ELOVL6 гендерінің мРНҚ тізбектері (GenBank қолжетімділік нөмірлері: NM\_001076250.1 және XM\_015471503.3), сондай-ақ эндогендік бақылау ретінде  $\beta$ -actin гені (NM\_173979.3) негізінде Primer-BLAST бағдарламасын қолдану арқылы qPCR үшін праймерлер жасалды. Праймерлердің толық нуклеотидтік тізбектері 1-кестеде келтірілген [3].

1-кесте – Real-time qPCR үшін әзірленген праймерлер тізбегі туралы ақпарат

Праймер	Тізбек (5'-3')	Фрагмент өлшемі (bp)	Tm, °C
$\beta$ -actin-F	CATCGGCAATGAGCGGTTC	174	60
$\beta$ -actin-R	CCGTGTTGGCGTAGAGGTC		
CRTC2-F	GAAGAATGGTGTCCCCGCTT	163	58
CRTC2-R	AGTGCAGATGGTAGTCGAAACA		
ELOVL6-F	TAGCACAGCCTCGGTCTAGT	114	57.2
ELOVL6-R	GGAGCTGCCCTTCAAGAGT		

Флуоресцентті qPCR жүргізу үшін PowerUp™ SYBR™ Green Master Mix реагенттер жинағы пайдаланылды. ПЦР-реакциялық қоспаның құрамы 2-кестеде, ал реакция шарттары 3-кестеде көрсетілген. Реакциялар QuantStudio 7 Flex real-time PCR құрылғысында орындалды [3].

2-кесте – Real-time ПЦР реакциясының құрамы

№	Реагент	Көлемі
1	PowerUp™ SYBR™ Green Master Mix (2X)	5 µL
2	Forward Primer (10 µM)	1 µL
3	Reverse Primer (10 µM)	1 µL
4	Nuclease-free Water	3 µL
5	Жалпы көлем	10 µL

3-кесте – Real-time ПЦР реакциясының шарттары

№	Температура, °C	Уақыты	Цикл саны
1	50 °C	2 мин	40
2	95 °C	2 мин	
3	95 °C	15 сек	
4	60 °C	1 мин	

Флуоресцентті qPCR реакциялары PowerUp™ SYBR™ Green Master Mix реагенттер жинағы көмегімен QuantStudio 7 Flex real-time PCR құрылғысында жүргізілді. Экспрессия деңгейлері салыстырмалы әдіспен бағаланды [3].



1-сурет – Зерттеу үшін ұшадан 13 түрлі ұлпа жинау

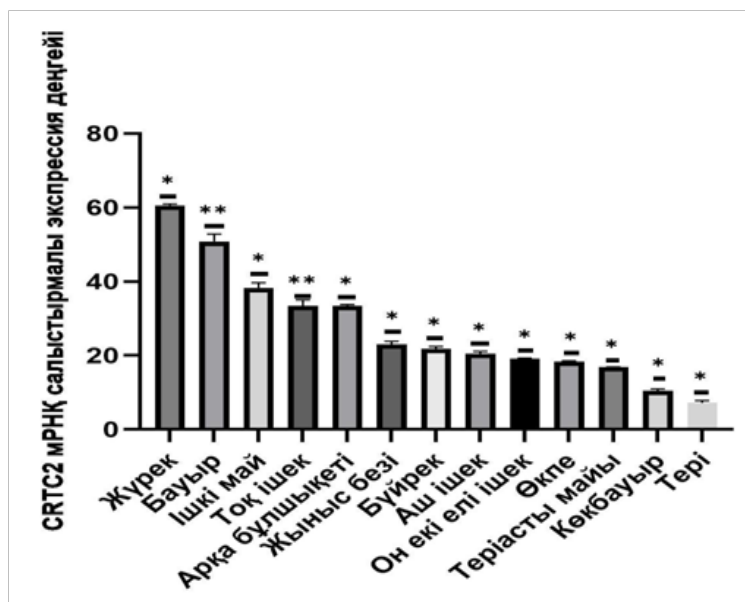
Статистикалық өңдеу GraphPad Prism 10 бағдарламасын пайдалана отырып жүргізіліп, нәтижелер графиктер түрінде ұсынылды [3].

### Нәтижелер және талқылау

Ірі қара малдың өнімділік қасиеттері мен физиологиялық ерекшеліктері генетикалық және молекулалық факторлармен тығыз байланысты. Соның ішінде энергия және липидтік алмасуға қатысатын гендердің экспрессия ерекшеліктерін зерттеу мал шаруашылығында селекциялық процесті ғылыми негізде жетілдіруге мүмкіндік береді. Әртүрлі ұлпалардағы ген экспрессиясының деңгейі олардың функционалдық рөлін сипаттайды және организмдегі метаболизмдік процестерді түсіндіруде маңызды болып табылады.

Осы тұрғыдан алғанда, энергия гомеостазы мен май алмасуын реттеуге қатысатын CRT2 және ELOVL6 гендерінің ұлпалық экспрессия заңдылықтарын зерттеу қалмақ тұқымды ірі қара малының физиологиялық ерекшеліктерін молекулалық деңгейде бағалауға мүмкіндік береді [3]. Қалмақ тұқымы ірі қара малының әртүрлі ұлпаларында CRT2 және ELOVL6 гендерінің мРНҚ

экспрессия заңдылықтарын анықтау мақсатында олардың ұлпаға тән экспрессия профилі мен ықтимал биологиялық рөлі зерттелді. CRTC2 гені ген экспрессиясын реттеуге қатысатын маңызды молекула болып табылады және энергетикалық метаболизм мен глюкоза гомеостазында жетекші рөл атқарады. Яғни, CRTC2 гені ірі қара малда ұлпаға тән экспрессия сипаттамасын көрсетеді. CRTC2 генінің мРНҚ экспрессиясының салыстырмалы деңгейі 2-суретте көрсетілген.



2-сурет – Қалмақ тұқымды бұқашық етінің әртүрлі ұлпаларындағы CRTC2 генінің экспрессиясы

Қалмақ тұқымы бұқашықтарының әртүрлі ұлпаларындағы CRTC2 генінің мРНҚ экспрессия деңгейі айқын ұлпаға тәуелді сипатта болды (2-сурет). Алынған нәтижелерге сәйкес CRTC2 генінің ең жоғары экспрессия деңгейі жүрек ұлпасында анықталды және шамамен 60% құрады ( $p < 0,05$ ). Бұл жүрек ұлпасының жоғары энергетикалық қажеттілігімен және үздіксіз метаболизмдік белсенділігімен байланысты болуы мүмкін [3].

Бауыр ұлпасында CRTC2 генінің жоғары экспрессия деңгейі тіркелді ( $p < 0,01$ ), бұл геннің глюкоза және энергия алмасуын реттеудегі маңызын көрсетеді. Висцералды май ұлпасында салыстырмалы түрде жоғары экспрессия деңгейі байқалды ( $p < 0,05$ ).

Тоқ ішек, арқа бұлшықеті, сол жақ жыныс безі және оң жақ бүйрек ұлпаларында CRTC2 генінің орташа экспрессия деңгейі тіркелді ( $p < 0,01$ ;  $p < 0,05$ ). Ал аш ішек, он екі елі ішек, оң жақ өкпе, теріасты майы, көкбауыр және тері ұлпаларында CRTC2 генінің экспрессиясы төмен деңгейде байқалды ( $p < 0,05$ ).

Жүрек пен бауыр ұлпаларында байқалған CRTC2 генінің жоғары транскрипциялық белсенділігі бұл геннің энергия алмасуы мен глюкоза метаболизмін реттеудегі ықтимал рөлін көрсетеді. Ал тері мен көкбауырдағы төмен экспрессия CRTC2 генінің бұл ұлпалардағы функционалдық маңызының шектеулі екенін аңғартады.

Жалпы алғанда, CRTC2 гені қалмақ тұқымды ірі қара малда айқын ұлпаға тән экспрессия сипаттамасын көрсетті. Геннің ең жоғары транскрипциялық белсенділігі метаболизмдік тұрғыдан белсенді ұлпаларда байқалды, ал құрылымдық немесе қорғаныштық қызмет атқаратын ұлпаларда оның экспрессиясы төмен деңгейде болды.

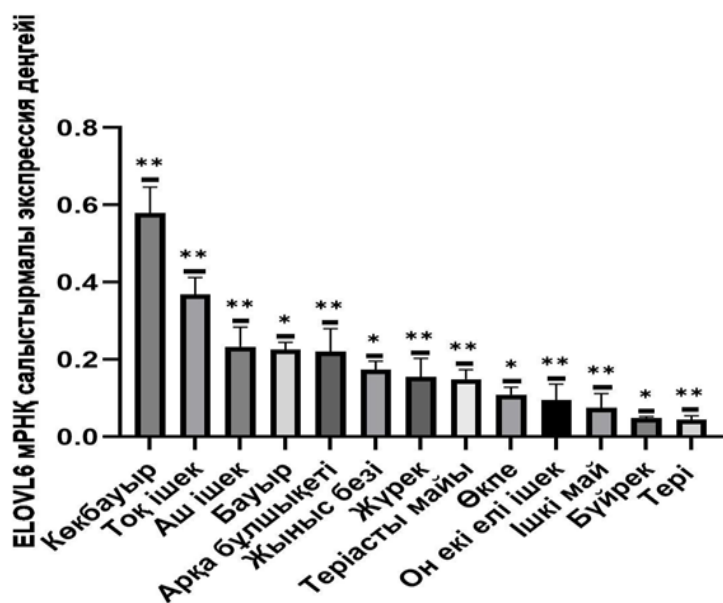
ELOVL6 генінің ұлпалардағы экспрессиясы зерттелді. ELOVL6 – май қышқылдарының тізбегін ұзартуға қатысатын ферментті кодтайтын ген болып табылады. Бұл ген липидтік алмасу үдерістерінде маңызды рөл атқарады. Осыған орай, ELOVL6 генінің экспрессия заңдылықтарын талдау арқылы бірнуклеотидті полиморфизмдерді анықтап және олардың дене өлшемдері көрсеткіштерімен байланысын бағалау жүргізілді. Зерттеу нәтижелері 3-суретте қалмақ тұқымы бұқашықтарының әртүрлі ұлпаларындағы ELOVL6 генінің мРНҚ-сының салыстырмалы экспрессия деңгейі көрсетілді.

Зерттеу нәтижелері бойынша ELOVL6 генінің [3]

- ең жоғары экспрессия деңгейі көкбауыр мен тоқ ішек ұлпаларында тіркелді ( $p < 0,01$ ). Бұл ұлпаларда липидтік және энергетикалық алмасу процестерінің белсенді жүруі ELOVL6 генінің функционалдық маңызын көрсетеді;

- ELOVL6 генінің орташа экспрессия деңгейі аш ішек, бауыр, арқа (омыртқа) бұлшықеті, жыныс бездері, теріасты май тіні және жүрек ұлпаларында анықталды ( $p < 0,05$ );

- ал ең төмен экспрессия деңгейі өкпе, он екі елі ішек, висцералды май, бүйрек және тері ұлпаларында байқалды ( $p < 0,05$ );



3-сурет – Калмақ тұқымы бұқашықтары етінің әртүрлі ұлпаларындағы ELOVL6 генінің экспрессиясы

Зерттеу нәтижелері алынған деректер ELOVL6 генінің де айқын ұлпаға тән экспрессия заңдылықтарына ие екенін көрсетті. Геннің жоғары транскрипциялық белсенділігі липидтік алмасуға қатысатын ұлпаларда байқалса, басқа ұлпаларда оның экспрессиясы шектеулі деңгейде болды. Яғни, бұл геннің көкбауыр мен тоқ ішекте белсенді транскрипциялануы оның липидтік алмасу мен энергия алмасу үдерістеріндегі маңызды рөлін көрсетеді. Ал бүйрек пен тері асты май ұлпаларындағы төмен экспрессия деңгейі ELOVL6 генінің бұл ұлпалардағы функционалдық рөлінің шектеулі екенін болжауға мүмкіндік береді [3].

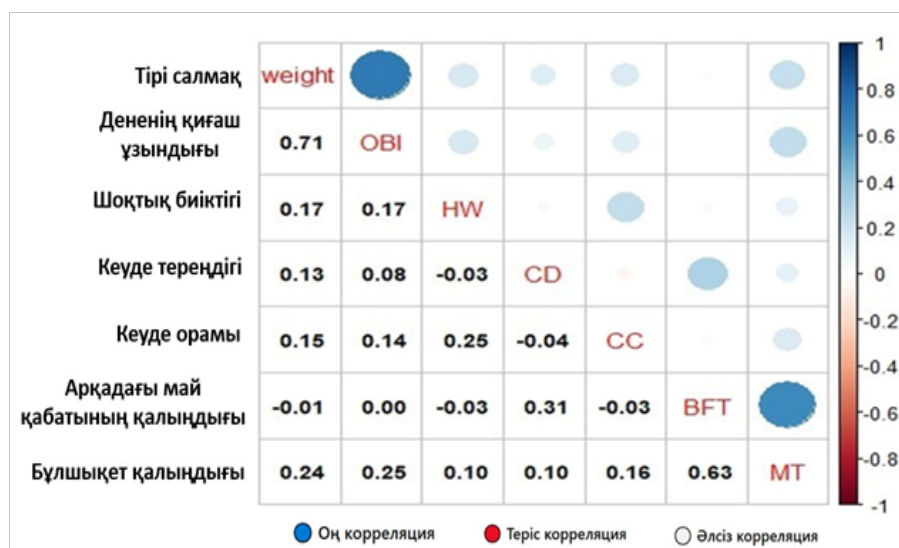
Анықталған генотиптердің корреляциялық байланысын және SNP комбинацияларының калмақ тұқымы ірі қара малының өсуі, ет сапасы, дене өлшемдері мен ұша сипаттамаларына әсері де қоса зерттелді.

«Анықталған генотиптердің корреляциялық байланысы» деген ұғым әртүрлі генотиптер арасындағы өзара байланысты зерттеуді білдіреді, яғни белгілі бір генотиптегі өзгерістердің басқа генотиптердегі немесе нақты фенотиптік белгілердегі өзгерістермен қаншалықты байланысты екенін бағалауға бағытталған. Осы мақсатта, Корреляциялық өзара байланыстар RStudio биостатистикалық бағдарламасында диаграмма құру арқылы талданды (4-сурет).

Құрылған корреляциялық диаграмма калмақ тұқымды ірі қара малда тірі салмақ пен дененің қиғаш ұзындығы, сондай-ақ бұлшықет қалыңдығы мен май қабатының қалыңдығы арасында айқын оң корреляциялық байланыс бар екенін көрсетті. Бұл көрсеткіштер жануарлардың өсу қарқыны мен ет өнімділігін сипаттайтын негізгі морфологиялық белгілердің өзара тәуелді екенін дәлелдейді.

Ал басқа өлшемдік белгілердің әлсіз немесе мүлдем корреляция көрсетпеуі олардың тірі салмаққа немесе ет сапасына тікелей әсерінің төмен екенін немесе бұл белгілердің салыстырмалы түрде дербес дамитынын көрсетуі мүмкін. Алынған нәтижелер SNP комбинацияларының

фенотиптік белгілермен байланысын әрі қарай тереңдетіп зерттеуге және селекциялық бағдарламаларда молекулалық-генетикалық маркерлерді тиімді қолдануға негіз бола алады.



4-сурет – Фенотиптік белгілер арасындағы корреляциялық өзара байланыс диаграммасы

Белгілердің қысқартылған атаулары: OBI – дененің қиғаш ұзындығы (Oblique Body Length), HW – шоқтық биіктігі (Height at Withers), CD – кеуде тереңдігі (Chest Depth), CC – кеуде орамы (Chest Girth), BFT – арқадағы май қабатының қалыңдығы (Backfat Thickness), MT – бұлшықет қалыңдығы (Muscle Thickness), Weight – тірі салмақ

Жүргізілген корреляциялық талдау қалмақ тұқымды ірі қара малдағы өсу, дене бітімі және ұша құрамына қатысты белгілердің өзара байланысын айқын көрсетті. Тірі салмақ пен дене ұзындығы арасындағы жоғары оң корреляция ( $r = 0,71$ ) жануардың жалпы өсу қарқыны мен қаңқа дамуының біртұтас биологиялық процестер арқылы реттелетінін көрсетеді. Бұл нәтиже ірі қара малда дене көлемінің ұлғаюы тірі салмақтың артуымен қатар жүретінін дәлелдейтін алдыңғы зерттеулермен сәйкес келеді [3].

Бұлшықет қалыңдығы мен теріасты май қабатының қалыңдығы арасындағы күшті корреляция ( $r = 0,63$ ) бұлшықет және май тіндерінің дамуы бір-бірімен тығыз байланысты екенін көрсетеді. Аталған заңдылық энергия алмасуы мен липидтік метаболизмді реттейтін гендердің, соның ішінде CRTC2 және ELOVL6 гендерінің, өсу мен май жиналу процестеріне бір мезгілде әсер етуімен түсіндірілуі мүмкін. Бұл тұрғыда ELOVL6 генінің май қышқылдарының биосинтезіне қатысуы, ал CRTC2 генінің энергетикалық гомеостазды реттеудегі рөлі бұл белгілердің қатар дамуына молекулалық негіз бола алады.

Теріасты майының қалыңдығы мен кеуде тереңдігі арасындағы орташа корреляция ( $r = 0,31$ ) дене көлемінің ұлғаюымен май тінінің жиналуы арасында белгілі бір деңгейде байланыс бар екенін көрсетеді. Ал шоқтық биіктігі мен кеуде орамы арасындағы әлсіз корреляция ( $r = 0,25$ ) қаңқа өлшемдерінің кейбір параметрлері бір-бірімен шектеулі түрде ғана байланысатынын аңғартады.

Көптеген белгілер жұптарында корреляцияның әлсіз немесе елеусіз болуы ( $r = -0,05-0,25$ ) бұл көрсеткіштердің салыстырмалы түрде тәуелсіз дамитынын және олардың генетикалық реттелуі әртүрлі болуы мүмкін екенін көрсетеді. Бұл жағдай кейінгі кезеңде жеке белгілердің генетикалық ассоциациясын анықтауға мүмкіндік береді және маркерлік-ассоциациялық селекция үшін маңызды болып табылады.

Жоғарыда келтірілген зерттеу нәтижелері қалмақ тұқымы ірі қара малының әртүрлі ұлпаларында CRTC2 және ELOVL6 гендерінің мРНҚ экспрессиясы айқын ұлпаға тәуелді заңдылықтарға ие екенін көрсетті. CRTC2 гені негізінен энергетикалық метаболизмге белсенді қатысатын жүрек пен бауыр ұлпаларында жоғары экспрессияланса, ELOVL6 гені липидтік алмасуға қатысатын көкбауыр мен ішек ұлпаларында жоғары транскрипциялық белсенділік көрсетті.

### Қорытынды

Зерттеу нәтижелері қалмақ тұқымды ірі қара малының әртүрлі ұлпаларында CRTC2 және ELOVL6 гендерінің мРНҚ экспрессиясы айқын ұлпаға тәуелді заңдылықтарға ие екенін көрсетті. CRTC2 гені негізінен энергетикалық метаболизмге белсенді қатысатын жүрек пен бауыр ұлпаларында жоғары экспрессияланса, ELOVL6 гені липидтік алмасуға қатысатын көкбауыр мен ішек ұлпаларында жоғары транскрипциялық белсенділік көрсетті.

Алынған деректер бұл гендердің май және энергия алмасуын реттеудегі молекулалық рөлін нақтылай отырып, оларды ет өнімділігімен байланысты перспективалы кандидат-гендер ретінде қарастыруға мүмкіндік береді. Зерттеу нәтижелері ірі қара малды селекциялауда молекулалық-генетикалық тәсілдерді қолдану үшін ғылыми негіз бола алады.

Жалпы алғанда, алынған нәтижелер өсу көрсеткіштері мен ұша құрамына қатысты белгілердің биологиялық тұрғыдан өзара байланысты дамитынын дәлелдей отырып, CRTC2 және ELOVL6 гендерінің полиморфизмдері мен экспрессия деңгейінің осы фенотиптік көрсеткіштермен байланысын бағалауға берік ғылыми негіз қалайды.

### Авторлардың қосқан үлесі

КН, МА, НҚ, ГМ, ЖС, АТ: зерттеуді концептуализациялап, рәсімдеді, әдебиетті жан-жақты зерттеп, жинақталған деректерді талдады және қолжазбаны дайындады. ҚН: қолжазбаның соңғы редакциясын жасап, тексерді. Барлық авторлар қолжазбаның соңғы редакциясын оқып, қарап шығып, мақұлдады.

### Қаржыландыру туралы ақпарат

Ғылыми жұмыс Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі қаржыландырған АР23488071 «Қалмақ тұқымы малы етінің сапасына полиморфты гендердің әсері» мемлекеттік грант жобасы аясында 2024-2026 жылдары орындалды.

### Әдебиеттер тізімі

- 1 Кажғалиев, Н.Ж., Нұргүлсім, Қ., Маханбетова, А.Б., Жумагазиева, С.М., Хасен, Ж. (2025). Қалмақ тұқымы малынан анықталған полиморфты гендердің дене өлшемдері мен тірі салмағының өсуіне әсері. *Қорқыт ата атындағы Қызылорда университетінің Хабаршысы. Ауыл шаруашылығы ғылымдары сериясы*, 3(74), 227-242. DOI: 10.52081/bkaku.2025.v74.i3.300.
- 2 Насамбаев, Е.Г., Ахметалиева, А.Б., Нугманова, А.Е., Батыргалиев, Е.А., Кулбаев, Р.М. (2023). Племенные и продуктивные качества калмыцкой породы крупного рогатого скота в условиях Западного Казахстана. *Ғылым және білім*, 1-2(70): II, 198-207.
- 3 Kazhgaliyev, N., Nurgulsim, K., Makhanbetova, A., Ibrayev, D., Shaikenova, K., Hasen, Zh., Amantay, S., Zhumagazyeva, S., Mukhametzharova, I., Akkair, B., Adilbekova, E. (2025). Genetic variation and mRNA expression of the ELOVL6 and CRTC2 genes in Kalmyk cattle. *Animal Biotechnology*, 36, 1. DOI:10.1080/10495398.2025.2583795.
- 4 Кажғалиев, Н.Ж., Хасен, Ж.С., Нұргүлсім, Қ., Жумагазиева, С.М., Маханбетова, А.Б. (2025). Қалмақ тұқымының әртүрлі дене типті жас малдарында май ұлпасының жиналуы мен сапасының ерекшеліктері. *Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университетінің ғылыми-практикалық журналы*, 80, 170-181. DOI: 10.52578 /2305-9397-2025-3-5-170-181.
- 5 Schenkel, F.S., Miller, S.P., Jiang, Z., Mandell, I.B., Ye, X., Li, H., Wilton, J.W. (2006). Association of a single nucleotide polymorphism in the calpastatin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle. *J Anim Sci.*, 84(2), 291-9. DOI:10.2527/2006.842291x.
- 6 Zhang, Z., Yang, P., He, P., Xu, J., Lyu, S., Liu, X., Cai, C., Li, H., Li, Z., Ru, B., Xie, J., Lei, C., Chen, H., Wang, E., Huang, Y. (2022). Distribution and association study of PLAG1 gene between copy number variation and Chinese cattle populations. *Anim Biotechnol*, 33(2), 273-278. DOI: 10.1080/10495398.2020.1793769.

7 Liu, T., Feng, H., Yousuf, S., Xie, L., Miao, X. (2022). Differential regulation of mRNAs and lncRNAs related to lipid metabolism in Duolang and Small Tail Han sheep. *Sci Rep.*, 12(1), 11157. DOI: 10.1038/s41598-022-15318-z.

8 Papaleo, M.J., Goszczynski, D.E., Ripoli, M.V., Melucci, L.M., Pardo, A.M., Colatto, E., Rogberg-Muñoz, A., Mezzadra, C.A., Depetris, G.J., Giovambattista, G., Villarreal, E.L. (2016). Growth, carcass and meat quality traits in beef from Angus, Hereford and cross-breed grazing steers, and their association with SNPs in genes related to fat deposition metabolism. *Meat Sci.*, 114, 121-129. DOI: 10.1016/j.meatsci.2015.12.018.

9 Bila, L., Malatji, D.P., Tyasi, T.L. (2024). Single nucleotide polymorphisms of growth hormone gene in cattle and their association with growth traits: a systematic review. *Trop Anim Health Prod.*, 56(4), 141. DOI:10.1007/s11250-024-03985-1.

10 Enriquez-Valencia, C.E., Pereira, G.L., Malheiros, J.M., de Vasconcelos Silva, JAIL., Albuquerque, L.G., de Oliveira, H.N., Chardulo, LAL., Curi, R.A. (2017). Effect of the g.98535683A>G SNP in the CAST gene on meat traits of Nellore beef cattle (*Bos indicus*) and their crosses with *Bos taurus*. *Meat Sci.*, 123, 64-66. DOI: 10.1016/j.meatsci.2016.09.003.

11 Du, L., Ma, W., Peng, W., Zhao, H., Zhao, J., Wang, J., Wang, W., Lyu, S., Zhang, Z., Qi, X., Wang, E., Lei, C., Huang, Y. (2024). Impact of STAT5A-CNVs on growth traits in Chinese beef cattle breeds. *Gene*, 896, 148073. DOI: 10.1016/j.gene.2023.148073.

12 Junjvlieke, Z., Mei, C.G., Khan, R., Zhang, W.Z., Hong, J.Y., Wang, L., Li, S.J., Zan, L.S. (2019). Transcriptional regulation of bovine elongation of very long chain fatty acids protein 6 in lipid metabolism and adipocyte proliferation. *J Cell Biochem.*, 120(8), 13932-13943. DOI: 10.1002/jcb.28667.

13 Kazhgaliyev, N.Zh., Ismagulov, D., Nurgulsim, K., Makhanbetova, A.B., Titanov, Zh.E., Shamshidin, A.S. (2025). The influence of some polymorphic genes on the productive and breeding qualities of Kalmyk cattle. *Ғылым және білім*, 1(78), 19-31 б. DOI: 10.52578/2305-9397-2025-1-19-31.

14 Hongfang, G., Khan, R., Raza, SHA, Nurgulsim, K., Suhail, S.M., Rahman, A., Ahmed, I., Ijaz, A., Ahmad, I., Linsen, Z. (2022). Transcriptional regulation of adipogenic marker genes for the improvement of intramuscular fat in Qinchuan beef cattle. *Anim Biotechnol.*, 33(4), 776-795. DOI: 10.1080/10495398.2020.1837847.

15 Han, H.S., Kwon, Y., Koo, S.H. (2020). Role of CRT2 in metabolic homeostasis: key regulator of whole-body energy metabolism? *Diabetes Metab J.*, 44(4), 498-508. DOI: 10.4093/dmj.2019.0200.

16 Zhao, X., Liu, Y., Li, Y., Zhang, Y., Yang, C., Yao, D. (2024). MiR-206 Suppresses Triacylglycerol Accumulation via Fatty Acid Elongase 6 in Dairy Cow Mammary Epithelial Cells. *Animals (Basel)*, 14(17), 2590. DOI: 10.3390/ani14172590.

17 Khan, R., Raza, SH.A., Junjvlieke, Z., Wang, H., Cheng, G., Smith, S.B., Jiang, Z., Li, A., Zan, L. (2020). RNA-seq reveal role of bovine TORC2 in the regulation of adipogenesis. *Arch Biochem Biophys*, 680, 108236. DOI: 10.1016/j.abb.2019.108236.

18 Lin, X., Li, B., Chen, Y., Chen, H., Liu, M. (2022). KAT2B Gene Polymorphisms Are Associated with Body Measure Traits in Four Chinese Cattle Breeds. *Animals (Basel)*, 12(15), 1954. DOI: 10.3390/ani12151954.

19 Горлов, И.Ф., и др. (2019). *Современные подходы к повышению эффективности использования генетического потенциала калмыцкого скота: монография*. Волгоград: ООО «СФЕРА», 260.

20 Колпаков, В.И. (2020). Влияние некоторых полиморфных генов на мясную продуктивность и качество мяса у крупного рогатого скота (обзор). *Животноводство и кормопроизводство*, 103, 4.

## References

1 Kazhgaliyev, N.Zh., Nurgulsim, K., Makhanbetova, A.B., Zhumagazyieva, S.M., Hasen, Zh. (2025). Qalmaq tuqymy malynan anyqtalğan polimorftıy genderdiń dene ólshemderi men tiri salmaǵynyń ósýine áseri. *Qorqyt ata atyndaqy Qyzylorda ýniversitetiniń Habarshysy. Aýyl sharyashylyǵy ǵylymdary seriasy*, 3(74), 227-242. DOI: 10.52081/bkaku.2025.v74.i3.30. [in Kaz].

- 2 Nasambayev, E.G., Akhmetaliyeva, A.B., Nugmanova, A.E., Batyrgaliyev, E.A., Kulbayev, R.M. (2023). Plemennye i produktivnye kachestva kalmyckoj porody krupnogo rogatogo skota v usloviyah Zapadnogo Kazahstana. *Ĝylym jáne bilim*, 1-2(70): II, 198-207. [in Russ].
- 3 Kazhgaliyev, N., Nurgulsim, K., Makhanbetova, A., Ibrayev, D., Shaikenova, K., Hasen, Zh., Amantay, S., Zhumagazyeva, S., Mukhametzharova, I., Akkair, B., Adilbekova, E. (2025)7 Genetic variation and mRNA expression of the ELOVL6 and CRT2 genes in Kalmyk cattle. *Animal Biotechnology*, 36, 1. DOI:10.1080/10495398.2025.2583795.
- 4 Kazhgaliyev, N.Zh., Hasen, Zh.S., Nurgulsim, K., Zhumagazyeva, S.M., Makhanbetova, A.B. (2025). Qalmaq tuqymynyń ártúrli dene tipti jas maldarynda mai ulpasynyń jinalýy men sapasynyń erekshelikteri. *Jángir han atyndaǵy Batys Qazaqstan agrarlyq-tehnikalyq ýniversitetiniń ğylym-praktikalyq jýrnaly*, 3(80), 170-181. DOI:10.52578/2305-9397-2025-3-5-170-181. [in Kaz].
- 5 Schenkel, F.S., Miller, S.P., Jiang, Z., Mandell, IB., Ye, X., Li, H., Wilton, J.W. (2006). Association of a single nucleotide polymorphism in the calpastatin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle. *J Anim Sci.*, 84(2), 291-9. DOI:10.2527/2006.842291x.
- 6 Zhang, Z., Yang, P., He, P., Xu, J., Lyu, S., Liu, X., Cai, C., Li, H., Li, Z., Ru, B., Xie, J., Lei, C., Chen, H., Wang, E., Huang, Y. (2022). Distribution and association study of PLAG1 gene between copy number variation and Chinese cattle populations. *Anim Biotechnol*, 33(2), 273-278. DOI: 10.1080/10495398.2020.1793769.
- 7 Liu, T., Feng, H., Yousuf, S., Xie, L., Miao, X. (2022). Differential regulation of mRNAs and lncRNAs related to lipid metabolism in Duolang and Small Tail Han sheep. *Sci Rep.*, 12(1), 11157. DOI: 10.1038/s41598-022-15318-z.
- 8 Papaleo, M.J., Goszczynski, D.E., Ripoli, M.V., Melucci, L.M., Pardo, A.M., Colatto, E., Rogberg-Muñoz, A., Mezzadra, C.A., Depetris, G.J., Giovambattista, G., Villarreal, E.L. (2016). Growth, carcass and meat quality traits in beef from Angus, Hereford and cross-breed grazing steers, and their association with SNPs in genes related to fat deposition metabolism. *Meat Sci.*, 114, 121-129. DOI: 10.1016/j.meatsci.2015.12.018.
- 9 Bila, L., Malatji, D.P., Tyasi, T.L. (2024). Single nucleotide polymorphisms of growth hormone gene in cattle and their association with growth traits: a systematic review. *Trop Anim Health Prod.*, 56(4), 141. DOI:10.1007/s11250-024-03985-1.
- 10 Enriquez-Valencia, C.E., Pereira, G.L., Malheiros, J.M., de Vasconcelos, Silva JAII, Albuquerque, L.G., de Oliveira, H.N., Chardulo, LAL., Curi, R.A. (2017). Effect of the g.98535683A>G SNP in the CAST gene on meat traits of Nellore beef cattle (*Bos indicus*) and their crosses with *Bos taurus*. *Meat Sci.*, 23, 64-66. DOI: 10.1016/j.meatsci.2016.09.003.
- 11 Du, L., Ma, W., Peng, W., Zhao, H., Zhao, J., Wang, J., Wang, W., Lyu, S., Zhang, Z., Qi, X., Wang, E., Lei, C., Huang, Y. (2024). Impact of STAT5A-CNVs on growth traits in Chinese beef cattle breeds. *Gene*, 896, 148073. DOI: 10.1016/j.gene.2023.148073.
- 12 Junjvlieke, Z., Mei, C.G., Khan, R., Zhang, W.Z., Hong, J.Y., Wang, L., Li, S.J., Zan, L.S. (2019). Transcriptional regulation of bovine elongation of very long chain fatty acids protein 6 in lipid metabolism and adipocyte proliferation. *J Cell Biochem.*, 120(8), 13932-13943. DOI: 10.1002/jcb.28667.
- 13 Kazhgaliyev, N.Zh., Ismagulov, D., Nurgulsim, K., Makhanbetova, A.B., Titanov, Zh.E., Shamshidin, A.S. (2025). The influence of some polymorphic genes on the productive and breeding qualities of Kalmyk cattle. *Ĝylym jáne bilim*, 1(78), 19-31. DOI: 10.52578/2305-9397-2025-1-19-31.
- 14 Hongfang, G., Khan, R., Raza, S.H.A., Nurgulsim, K., Suhail, S.M., Rahman, A., Ahmed, I., Ijaz, A., Ahmad, I., Linsen, Z. (2022). Transcriptional regulation of adipogenic marker genes for the improvement of intramuscular fat in Qinchuan beef cattle. *Anim Biotechnol*, 33(4), 776-795. DOI: 10.1080/10495398.2020.1837847.
- 15 Han, H.S., Kwon, Y., Koo, S.H. (2020). Role of CRT2 in metabolic homeostasis: key regulator of whole-body energy metabolism? *Diabetes Metab J.*, 44(4), 498-508. DOI: 10.4093/dmj.2019.0200.
- 16 Zhao, X., Liu, Y., Li, Y., Zhang, Y., Yang, C., Yao, D. (2024). MiR-206 Suppresses Triacylglycerol Accumulation via Fatty Acid Elongase 6 in Dairy Cow Mammary Epithelial Cells. *Animals (Basel)*, 14(17), 2590. DOI: 10.3390/ani14172590.

17 Khan, R, Raza, SH.A., Junjvlieke, Z., Wang, H., Cheng, G., Smith, S.B., Jiang, Z., Li, A., Zan, L. (2020). RNA-seq reveal role of bovine TORC2 in the regulation of adipogenesis. *Arch Biochem Biophys*, 680, 108236. DOI: 10.1016/j.abb.2019.108236.

18 Lin, X., Li, B., Chen, Y., Chen, H., Liu, M. (2022). KAT2B Gene Polymorphisms Are Associated with Body Measure Traits in Four Chinese Cattle Breeds. *Animals (Basel)*, 12(15), 1954. DOI: 10.3390/ani12151954.

19 Gorlov, I.F., Slozhenkina, M.I., Lisitsyn, A.B., Bolaev, B.K., Naty, A. (2019). *Sovremennye podhody k povysheniyu effektivnosti ispol'zovaniya geneticheskogo potenciala kalmyckogo skota: monografija*. Volgograd: SFERA LLC, 260. [in Russ].

20 Kolpakov, V.I. (2020). Vliyanie nekotorykh polimorfnykh genov na mjasnuju produktivnost' i kachestvo mjasa u krupnogo rogatogo skota (obzor). *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*, 103, 4. [in Russ].

### **Экспрессия мРНК и корреляционные связи полиморфных генов, выявленных в различных тканях бычков калмыцкой породы**

Кажгалиев Н.Ж., Маханбетова А.Б., Нүргүлсім Қ., Габбасов М.Б., Жумагазиева С.М.  
Амангалиев Т.Г.

#### **Аннотация**

Предпосылки и цель. Исследовательская работа, представленная в статье, направлена на изучение экспрессии мРНК и корреляционной связи полиморфных генов, выявленных в различных тканях Бычков ТОО «Агрофирма Турк» Жамбылской области, выращивающих калмыцкие породы. Целью исследования является анализ закономерностей экспрессии генов ELOVL6 и CRT2 в различных тканях Бычков калмыцкой породы, выявление одноядерных полиморфизмов и оценка их корреляционной связи с показателями размеров тела. Полученные результаты исследования послужат научной основой для применения молекулярно-генетических подходов в селекции мясного скота.

Материалы и методы. Научно-исследовательские работы проводились в 2024-2025 годах. В качестве объекта исследования были отобраны быки калмыцкой породы в возрасте 12-18 месяцев и собраны 13 различных образцов тканей от 3 голов клинически здоровых 18-месячных животных. Из тканей выделяли общую РНК и проводили синтез кДНК. Уровни экспрессии генов CRT2 и ELOVL6 определялись методом real-time qPCR.

Результаты. Результаты исследования показали, что экспрессия мРНК генов CRT2 и ELOVL6 в различных тканях крупного рогатого скота калмыцкой породы имеет ярко выраженные тканеспецифические паттерны. В то время как ген CRT2 в значительной степени экспрессируется в тканях сердца и печени, которые активно участвуют в энергетическом метаболизме, ген ELOVL6 продемонстрировал высокую транскрипционную активность в тканях селезенки и кишечника, участвующих в липидном обмене.

Заключение. Полученные данные позволяют рассматривать эти гены как многообещающие гены-кандидаты, связанные с продуктивностью мяса, уточняя молекулярную роль этих генов в регуляции жирового и энергетического обмена. Результаты исследования могут служить научной основой для применения молекулярно-генетических подходов к селекции крупного рогатого скота.

**Ключевые слова:** бычки; корреляционный связ; калмыцкая порода; экспрессия мРНК; ткани: полиморфные гены.

## **mRNA expression and correlation relationships of polymorphic genes identified in different tissues of kalmyk bullocks**

Nurlybay J. Kazgaliev, Aizhan B. Makhanbetova, Kaster Nurgulsim, Miras B. Gabbasov  
Saniya M. Zhumagazieva, Tlegen G. Amangaliev

### **Abstract**

**Background and Aim.** The research presented in this article is aimed at investigating the mRNA expression patterns and correlations of polymorphic genes identified in various tissues of Kalmyk bullocks raised at Agrofirma Turk LLP in the Zhambyl region. The aim of the study was to analyze the expression patterns of the ELOVL6 and CRTC2 genes in various tissues of Kalmyk bull calves, identify single nucleotide polymorphisms and assess their correlation with body size traits. The obtained results may serve as a scientific basis for the application of molecular genetic approaches in the breeding of beef cattle.

**Materials and Methods.** The study was conducted in 2024-2025. Kalmyk bullocks aged 12-18 months were selected as the object of the study and 13 different tissue samples were collected from three animals of clinically healthy 18-month-old animals. Total RNA was isolated from the tissues and cDNA synthesis was performed. The expression levels of the CRTC2 and ELOVL6 genes were determined using real-time qPCR.

**Results.** The results showed that the mRNA expression of the CRTC2 and ELOVL6 genes in various tissues of Kalmyk cattle exhibited pronounced tissue-specific patterns. The CRTC2 gene was highly expressed in the heart and liver which are actively involved in energy metabolism, the ELOVL6 gene demonstrated high transcriptional activity in the spleen and intestinal tissues associated with lipid metabolism.

**Conclusion.** The data obtained suggest that these genes may be considered promising candidate genes associated with meat productivity, helping to clarify their molecular role in the regulation of fat and energy metabolism. The results of the study can serve as a scientific basis for the application of molecular genetic approaches in cattle breeding.

**Keywords:** bulls; correlation; Kalmyk breed; mRNA expression; tissues; polymorphic genes.