

## ПОЛНОГЕНОМНЫЙ ПОИСК АССОЦИАЦИЙ (GWAS) ПРОДУКТИВНЫХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ ОВЕЦ ЭДИЛЬБАЕВСКОЙ ПОРОДЫ

**Б. Б. ТРАЙСОВ, А. М. ДАВЛЕТОВА**

*Западно-Казахстанский научно-технический университет имени Жангир хана,  
г. Уральск, Республика Казахстан, 010000*

**Г. К. ЕСЕЕВА, М. С. ОМАРОВ**

*Костанайский инженерно-экономический университет имени М. Дулатова,  
г. Костанай, Республика Казахстан, 110000*

**И. М. БРЕЛЬ-КИСЕЛЕВА**

*Костанайский региональный университет имени А. Байтурсынова,  
г. Костанай, Республика Казахстан, 110000*

*(Поступила в редакцию 18.04.2023)*

*Наиболее перспективным направлением отечественного животноводства Республики Казахстан является развитие мясо-сального направления овцеводства. Рациональное использование генетических особенностей овец, успешно сочетающих в себе высокий уровень мясной и сальной продуктивности, при современных условиях рыночной экономики решает ряд таких стратегических задач, как обеспечение потребности страны в мясе, а также еще специфических видах сырья. Западный Казахстан обладает большими возможностями для роста численности овец и увеличения всех видов продукции. Мясо-сальное овцеводство Западно-Казахстанской области представлено эдильбаевской породой, которая была выведена методом народной селекции. Из всего поголовья овец в области 95 % представлены грубошерстными эдильбаевскими мясо-сальными.*

*Цель проекта – улучшить качество продуктивных показателей грубошерстных курдючных овец эдильбаевской породы специализированного мясо-сального направления, разводимых в условиях Западного региона Казахстана на основе изучения их генома методом SNP-генотипирования.*

*Полученные результаты расширяют теоретические и практические аспекты совершенствования селекционной работы в овцеводческих хозяйствах за счет использования нового подхода к исследованию генетической структуры эдильбаевской породы. Также полученные данные, послужат ценным ресурсом для исследователей.*

*Применимость и/или коммерциализуемость полученных научных результатов. По результатам научного проекта будут разработаны научно-обоснованные рекомендации для селекционных программ с целью увеличения генетического биоразнообразия и получение данных для воспроизводства овец эдильбаевской породы.*

*Ожидаемый научный и социально-экономический эффект. Впервые в условиях Западного региона Казахстана будет теоретически обоснована и практически доказана возможность эффективного использования генотипов мясо-сальных овец отечественной селекции. Ожидаемые результаты исследований внесут определенный вклад в животноводческую науку и практику при совершенствовании отечественной мясо-сальной породы овец и могут служить решением ряда пробелов по производству высококачественного мяса, что в свою очередь повышает эффективность ведения отрасли в условиях рыночной экономики.*

**Ключевые слова:** генетические особенности эдильбайской породы, продуктивные показатели.

*The most promising direction of domestic animal husbandry of the Republic of Kazakhstan is meat and tallow sheep breeding. The rational use of the genetic characteristics of sheep, successfully combining a high level of meat and lard productivity, under modern conditions of a market economy, solves a number of strategic tasks, such as meeting the country's demand for meat, as well as specific types of raw materials. Western Kazakhstan has great potential, both for the growth of the number of sheep and the increase in all types of products. Meat and tallow sheep breeding of the West Kazakhstan region is represented by the Edelbai breed, which was bred by the method of folk selection. Of the total number of sheep in the region, 95% are represented by coarse-wooled Edelbai meat and tallow sheep.*

*The purpose of the project is to improve the quality of productive indicators of coarse-haired fat-tailed sheep of the Edelbai breed of a specialized meat and tallow direction, bred in the conditions of the Western region of Kazakhstan based on the study of their genome by SNP genotyping.*

*The results obtained will expand the theoretical and practical aspects of improving breeding work in sheep farms through the use of a new approach to the study of the genetic structure of the Edelbai breed. Also, the obtained data will serve as a valuable resource for researchers.*

*Applicability and/or commercializability of the obtained scientific results. Based on the results of the scientific project, scientifically-based recommendations will be developed for breeding programs in order to increase genetic biodiversity and obtain data for the reproduction of sheep of the Edelbai breed.*

*Expected scientific and socio-economic effect. For the first time in the conditions of the Western region of Kazakhstan, the possibility of effective use of the genotypes of meat-fat sheep of domestic selection will be theoretically substantiated and practically proved. The expected results of the research will make a certain contribution to animal science and practice in improving the domestic meat and tallow breed of sheep and can serve as a solution to a number of gaps in the production of high-quality meat, which in turn increases the efficiency of the industry in a market economy.*

**Key words:** genetic features of the Edelbai breed, productive indicators.

## Введение

1.

2. SNP-

## Основная часть

65

%

55

4 4,5

47

27

(

247

38

202

Animal Genetics (ISAG) ID n

SNP-

SNP-

## Заклучение:

## ЛИТЕРАТУРА

1. [ ] 2014. 2017.
2. 2013. 64. 2016.
3. 2016.
4. 5. Pozharskiy A. et al. SNP genotyping and population analysis of five indigenous Kazakh sheep breeds // *Livestock Science*. 2020. . 241. . 104252.]
6. Zhumadillayev N. et al. SNP Genotyping Characterizes the Genome Composition of the New Baisary Fat-Tailed Sheep Breed // *Animals*. 2022. . 12. 11. . 1468.
7. / [ ] 2021. 2. . 279 291.
8. Abousoliman I. et al. Analysis of candidate genes for growth and milk performance traits in the Egyptian Barki sheep // *Animals*. 2020. . 10. . 197.
9. Zhang, L. Genome-wide association studies for growth and meat production traits in sheep / L. Zhang, J. Liu, F. Zhao, H. Ren, L. Xu, J. Lu, L. Du // *PloS one*. 2013. V. 8. 6. . 10.
10. 2019. 3. . 25 29.
11. Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A.R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., De Bakker, P.I.W., Daly, M.J., et al. (2007). PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.* 81, 559 575.
12. Paradis, E., Claude, J., and Strimmer, K. (2004). APE: Analyses of Phylogenetics and Evolution in R language. *Bioinformatics* 20, 289 290.
13. R Core Team (2019). R: A Language and Environment for Statistical Computing.
14. Huber, W., Carey, V.J., Gentleman, R., Anders, S., Carlson, M., Carvalho, B.S., Bravo, H.C., Davis, S., Gatto, L., Girke, T., et al. (2015). Orchestrating high-throughput genomic analysis with Bioconductor. *Nat. Methods* 12, 115 121.
15. D. H. Alexander, J. Novembre, and K. Lange. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*, 19:1655 1664, 2009.

1976.