PROCEEDINGS OF THE FIRST REPUBLICAN SCIENTIFIC CONFERENCE OF THE KAZAKHSTAN SOCIETY OF GENETICISTS AND BREEDERS (KOGIS 2026)

SEMEY, KAZAKHSTAN, MAY 13-15

ҚАЗАҚСТАН ГЕНЕТИКТЕР МЕН СЕЛЕКЦИОНЕРЛЕР ҚОҒАМЫНЫҢ БІРІНШІ РЕСПУБЛИКАЛЫҚ ҒЫЛЫМИ КОНФЕРЕНЦИЯСЫНЫҢ (KOGIS 2026) ТЕЗИСТЕР ЖИНАҒЫ

СЕМЕЙ, ҚАЗАҚСТАН, 13-15 МАМЫР

МАТЕРИАЛЫ ПЕРВОЙ РЕСПУБЛИКАНСКОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ КАЗАХСТАНСКОГО ОБЩЕСТВА ГЕНЕТИКОВ И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ (KOGIS 2026)

СЕМЕЙ, КАЗАХСТАН, 13-15 МАЯ

“PROCEEDINGS OF THE FIRST REPUBLICAN SCIENTIFIC CONFERENCE OF THE KAZAKHSTAN SOCIETY OF GENETICISTS AND BREEDERS (KOGIS 2026)”

SEMEY, KAZAKHSTAN, MAY 13-15, 2026

«ҚАЗАҚСТАН ГЕНЕТИКТЕР МЕН СЕЛЕКЦИОНЕРЛЕР ҚОҒАМЫНЫҢ БІРІНШІ РЕСПУБЛИКАЛЫҚ ҒЫЛЫМИ КОНФЕРЕНЦИЯСЫНЫҢ (KOGIS 2026) ТЕЗИСТЕР ЖИНАҒЫ»

СЕМЕЙ, ҚАЗАҚСТАН**,** 13-15 МАМЫР 2026 ж.

«МАТЕРИАЛЫ ПЕРВОЙ РЕСПУБЛИКАНСКОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ КАЗАХСТАНСКОГО ОБЩЕСТВА ГЕНЕТИКОВ И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ (KOGIS 2026)»

СЕМЕЙ, КАЗАХСТАН, 13-15 МАЯ 2026 г.

СЕМЕЙ 2026

Материалы Первой Республиканской научной конференции Казахстанского общества генетиков и селекционеров (KOGIS 2026)

Семей, Казахстан, 13-15 мая 2026 г.

УДК 575; 631; 636; 579.25

ББК 28.04

Редакционная коллегия:
Туруспеков Е.К., к.б.н., проф., академик НАН РК при Президенте РК,
Календарь Р.Н., к.б.н., проф.,
Абугалиева С.И., д.б.н., проф.,
Акильжанова А.Р., д.м.н., проф.,
Бекманов Б.О., к.б.н., проф.,
Кыдырманов А.И., д.в.н., проф.

«Первая Республиканская научная конференция Казахстанского общества генетиков и селекционеров (KOGIS 2026)»: материалы конференции / под общей ред. проф. Е.К. Туруспекова, проф. Р.Н. Календаря. – Семей, 2026 – 173 с.

ISBN 978-601-12-9116-3

В сборнике представлены материалы республиканской научной конференции «Первая Республиканская научная конференция Казахстанского общества генетиков и селекционеров (KOGIS 2026)», проведенной в г. Семей 13-15 мая 2026 года. В публикациях изложены результаты оригинальных исследований в области генетики человека, генетики и селекции растений, животных и микроорганизмов.

Сборник рассчитан на генетиков, селекционеров, биотехнологов, и студентов медицинского, биологического, аграрного и смежных профилей.

Тезисы докладов представлены в авторской редакции.

Рекомендовано к изданию Центральным советом Казахстанского общества генетиков и селекционеров (КОГиС), Протокол №1 от 08.05.2026 г.

УДК 575; 631; 636; 579.25

ББК 28.04

ISBN 978-601-12-9116-3 **© КОГиС, 2026**

Proceedings of the First Republican Scientific Conference of the Kazakhstan Society of Geneticists and Breeders (KOGIS 2026)

Semey, Kazakhstan, May 13-15, 2026

Editorial board
Yerlan Turuspekov, Ruslan Kalendar, Saule Abugalieva, Ainur Akilzhanova, Bakytzhan Bekmanov, Aidyn Kydyrmanov

Publisher
Kazakhstan Society of Geneticists and Breeders (KOGiS)

ISBN: 978-601-12-9116-3

Responsibility for the text content of each abstract is with the respective authors

Date: May 13-15, 2026

Venue: Semey Medical University, Abay str., 103, Semey, Abai Region, Kazakhstan

Conference webpage: https://genes.kz/kogis2026/

Correct citation: Proceedings of the First Republican Scientific Conference of the Kazakhstan Society of Geneticists and Breeders (KOGIS 2026), May 13-15, 2026, Semey, Kazakhstan (Eds.: Turuspekov Y., Kalendar R.). ISBN 978-601-12-9116-3. 173 p.

ISBN 978-601-12-9116-3
© KOGiS, 2026

Қазақстандық генетиктер мен селекционерлер қоғамының (KOGIS-2026) 1-конференциясын ұйымдастыру комитетінің алғысөзі

Құрметті әріптестер!

Сіздерді 2026 жылғы 13–15 мамыр аралығында Семей қаласында өтетін «Қазақстан генетиктері мен селекционерлері қоғамы» республикалық қоғамдық бірлестігінің I конференциясы – KOGIS-2026 аясында шын жүректен қарсы аламыз.

ҚГМСҚ алғашқы конференциясының өткізілуі Қазақстандағы генетиктер, селекционерлер, биотехнологтар және жас зерттеушілердің кәсіби қауымдастығын дамытудағы маңызды кезең болып табылады. Қоғамның құрылуы еліміздің ғылыми әлеуетін біріктіруге, пәнаралық ықпалдастықты дамытуға және заманауи генетика мен селекция саласындағы халықаралық ғылыми ынтымақтастықты нығайтуға деген ұмтылысты көрсетеді.

Бүгінде генетика мен селекция медицинаны дамыту, азық-түлік қауіпсіздігін қамтамасыз ету, ауыл шаруашылығының тұрақты дамуы, биоалуантүрлілікті сақтау, биотехнологияларды дамыту және биологиялық қауіпсіздікті қамтамасыз ету сияқты жаһандық міндеттерді шешуде шешуші рөл атқарады. Геномдық технологиялардың, молекулалық биологияның, биоинформатиканың және жоғары дәлдікті фенотиптеу әдістерінің қарқынды дамуы жаңа ғылыми тәсілдерді қалыптастырып, іргелі және қолданбалы зерттеулерге кең мүмкіндіктер ашуда.

KOGIS-2026 конференциясы әртүрлі ғылыми бағыттағы ғалымдар мен мамандарды қазіргі жетістіктерді талқылау, тәжірибе алмасу, зерттеу нәтижелерін ұсыну және жаңа ғылыми коллаборацияларды қалыптастыру мақсатында біріктіреді. Сонымен қатар жас ғалымдарды қолдауға, халықаралық әріптестікті дамытуға және ғылыми әзірлемелерді тәжірибеге енгізуге ерекше назар аударылады.

ҚГМСҚ алғашқы конференциясының Қазақстанның маңызды ғылыми және тарихи орталықтарының бірі – Семей қаласында өтуі ерекше мәнге ие. 2026 жылы Семей ядролық сынақ полигонының жабылғанына 35 жыл толады. Бұл – жаһандық қауіпсіздік пен гуманитарлық жауапкершілік жолындағы аса маңызды тарихи оқиға. Ядролық сынақтардың салдары халық денсаулығына, өңірдің экологиялық жағдайына және генетикалық қауіпсіздік мәселелеріне әсер етті. Сондықтан қазіргі Қазақстандағы генетикалық зерттеулер мен биотехнологияларды дамыту ерекше маңызға ие.

Конференцияның ұйымдастыру комитеті Семей медицина университетіне қонақжайлығы, жоғары деңгейдегі ұйымдастыру жұмыстары және осы ғылыми форумды өткізуге көрсеткен қолдауы үшін ерекше алғысын білдіреді. Конференцияның еліміздің жетекші медициналық және ғылыми-білім беру орталықтарының бірінің базасында өтуі пәнаралық өзара ықпалдастықтың маңызын айқындап, Қазақстанның ғылыми және білім беру ұйымдары арасындағы байланыстарды нығайтуға ықпал етеді.

Сонымен қатар конференцияның барлық қатысушыларына, ұйымдастыру комитетінің мүшелеріне, серіктестер мен демеушілерге көрсеткен қолдауы және белсенді қатысқандары үшін шынайы ризашылығымызды білдіреміз.

KOGIS-2026 конференциясы кәсіби диалогқа, ғылыми идеялармен алмасуға және Қазақстанда әрі одан тыс жерлерде генетика мен селекция ғылымының одан әрі дамуына ықпал ететін жаңа ынтымақтастық бағыттарын қалыптастыруға арналған тиімді алаң болады деп сенеміз.

Барлық қатысушыларға жемісті жұмыс, мазмұнды пікірталастар және жаңа ғылыми жетістіктер тілейміз!

ҚГМСҚ төрағасы,
ҚР президенті жанындағы ҚР ҰҒА академигі Туруспеков Е.К.

Приветственное слово от Оргкомитета 1-ой конференции РОО «Казахстанское общество генетиков и селекционеров» (KOGIS-2026)

Уважаемые коллеги!

Мы рады приветствовать Вас на 1ой конференции Республиканского общественного объединения «Казахстанское общество генетиков и селекционеров» – KOGIS-2026, которая пройдет 13–15 мая 2026 года в городе Семей, на базе Медицинского Университета Семей.

Проведение первой конференции КОГиС является важным этапом в развитии профессионального сообщества генетиков, селекционеров, биотехнологов и молодых исследователей Казахстана. Создание общества отражает стремление к консолидации научного потенциала страны, развитию междисциплинарного взаимодействия и укреплению международного сотрудничества в области современной генетики и селекции.

Сегодня генетика и селекция играют ключевую роль в решении глобальных задач, связанных с развитием медицины, обеспечением продовольственной безопасности, устойчивым развитием сельского хозяйства, сохранением биоразнообразия, развитием биотехнологий и обеспечением биологической безопасности. Стремительное развитие геномных технологий, молекулярной биологии, биоинформатики и методов высокоточного фенотипирования формирует новые научные подходы и открывает широкие перспективы для фундаментальных и прикладных исследований.

Конференция KOGIS-2026 объединяет ученых и специалистов различных направлений для обсуждения современных достижений, обмена опытом, представления результатов исследований и формирования новых научных коллабораций. Особое внимание уделяется поддержке молодых ученых, развитию международных партнерств и внедрению научных разработок в практику.

Символично, что первая конференция КОГиС проходит именно в городе Семей – одном из значимых научных и исторических центров Казахстана. В 2026 году исполняется 35 лет со дня закрытия Семипалатинского ядерного полигона – события, ставшего важнейшим шагом на пути к глобальной безопасности и гуманитарной ответственности. Последствия ядерных испытаний затронули здоровье населения, экологическое состояние региона и вопросы генетической безопасности, что придает особую значимость развитию генетических исследований и биотехнологий в современном Казахстане.

Организационный комитет конференции выражает особую признательность Медицинскому университету Семей за гостеприимство и поддержку проведения данного научного форума. Проведение конференции на базе одного из ведущих медицинских и научно-образовательных центров страны подчеркивает значимость междисциплинарного взаимодействия и способствует укреплению научных связей между исследовательскими и образовательными организациями Казахстана. Мы выражаем искреннюю благодарность всем участникам конференции, членам организационного комитета, партнерам и спонсорам за поддержку и активное участие в проведении данного мероприятия.

Уверены, что конференция KOGIS-2026 станет эффективной площадкой для профессионального диалога, обмена научными идеями и формирования новых направлений сотрудничества, способствующих дальнейшему развитию генетики и селекции в Казахстане и за его пределами.

Желаем всем участникам конференции плодотворной работы, интересных дискуссий и новых научных достижений!

Председатель КОГиС, Туруспеков Е.К.
Академик НАН РК при Президенте РК

Greetings from the Organizers of the First conference of the Kazakhstan Society of Geneticists and Breeders (KOGIS-2026)

Dear colleagues!

We are pleased to welcome you to the 1st conference of the Republican Public Association "Kazakhstani Society of Geneticists and Breeders" – KOGIS-2026, which will be held on May 13-15, 2026 in Semey, on the basis of Semey Medical University.

The first KOGiS conference is an important stage in the development of the professional community of geneticists, breeders, biotechnologists and young researchers in Kazakhstan. The creation of the society reflects the desire to consolidate the country's scientific potential, develop interdisciplinary cooperation and strengthen international cooperation in the field of modern genetics and breeding.

Today, genetics and breeding play a key role in solving global challenges related to the development of medicine, ensuring food security, sustainable agricultural development, preserving biodiversity, developing biotechnologies and ensuring biosafety. The rapid development of genomic technologies, molecular biology, bioinformatics, and high-precision phenotyping methods is shaping new scientific approaches and opening up broad prospects for fundamental and applied research.

The KOGIS-2026 conference brings together scientists and specialists from various fields to discuss modern achievements, share experiences, present research results and form new scientific collaborations. Special attention is paid to supporting young scientists, developing international partnerships and putting scientific developments into practice.

It is symbolic that the first KOGiS conference is being held in the city of Semey, one of the most important scientific and historical centers of Kazakhstan. 2026 year marks the 35th anniversary of the closure of the Semipalatinsk nuclear test site, an event that has become an important step towards global security and humanitarian responsibility. The consequences of nuclear tests have affected the health of the people, the ecological state of the region and issues of genetic safety, which gives special importance to the development of genetic research and biotechnology in modern Kazakhstan.

The Organizing Committee of the conference expresses its special gratitude to the Semey Medical University for its hospitality and support of this scientific forum. Holding the conference on the basis of one of the country's leading medical and scientific educational centers highlights the importance of interdisciplinary cooperation and helps strengthen scientific ties between research and educational organizations in Kazakhstan. We would like to express our sincere gratitude to all participants of the conference, members of the organizing committee, partners and sponsors for their support and active participation in this event.

We are confident that the KOGIS-2026 conference will become an effective platform for professional dialogue, the exchange of scientific ideas and the formation of new areas of cooperation that contribute to the further development of genetics and breeding in Kazakhstan and beyond.

We wish all participants of the conference fruitful work, interesting discussions and new scientific achievements!

Chairman of KOGiS, Turuspekov Y.K.
Academician of the National Academy
of Sciences of the RK under the President of the RK

From Atrial Fibrillation to Inherited Syndromes: Advancing Precision Cardiology Through Genomics

Ainur Akilzhanova[1,2*], Madina Zhalbinova[1], Zhannur Abilova[1], Ayaulym Chamoieva[1], Zhanel Mirmanova[1], Tomiris Shakhmarova[1], Diana Samatkyzy[1], Ainur Akhmetova[1], Saule Rakhimova[1], Gulbanu Akilzhanova[3], Asset Daniyarov[4], Ulykbek Kairov[4], Kenes Akilzhanov[3], Ulan Kozhamkulov[1], Tolkyn Zhakupova[5,6], Makhabbat Bekbossynova[7], Dos Sarbassov[1,8]

[1]*Laboratory of Genomic and Personalized Medicine, Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan*
[2]*Heart Rhythm Scientific Research Institute, Medical University Astana, Astana, Kazakhstan*
[3]*Semey Medical University, Pavlodar Branch, Pavlodar, Kazakhstan*
[4]*Laboratory of Bioinformatics and Computational Systems Biology, Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan*
[5]*Medical University Astana, Astana, Kazakhstan,*
[6]*Center for Forensic Medicine, Astana, Kazakhstan,*
[7]*University Medical Center, Heart Center, Astana, Kazakhstan*
[8]*Nazarbayev University, School of Science and Humanities, Astana, Kazakhstan*

*Corresponding author: akizhan_ainur@mail.ru, akilzhanova@nu.edu.kz

Background. Cardiac arrhythmias range from common conditions such as atrial fibrillation (AF) to rare inherited syndromes predisposing to ventricular tachycardia (VT), cardiomyopathy, and sudden cardiac death (SCD). Advances in next-generation sequencing (NGS) have enabled systematic identification of pathogenic variants underlying these disorders, supporting the transition toward precision cardiology. However, population-specific genomic data from Central Asia remain limited.

Methods. We performed targeted NGS using a custom 96-gene panel covering cardiomyopathy- and arrhythmia-associated genes in multiple Kazakhstani cohorts: patients with ventricular tachycardia (including dilated cardiomyopathy–associated and idiopathic VT), individuals with clinical arrhythmias such as AF and conduction disorders, and young (<45 years) victims of sudden cardiac death undergoing molecular autopsy. Variants were filtered and interpreted according to ACMG/AMP guidelines, and genotype–phenotype correlations were assessed.

Results. Across cohorts, hundreds of rare and unique variants were identified in structural, sarcomeric, and ion-channel genes. Pathogenic and likely pathogenic variants were detected in key cardiac genes, including potassium channel and cardiomyopathy-associated loci. Patients with idiopathic VT and early-onset arrhythmias frequently carried rare variants with potential functional impact. In postmortem SCD cases, mutational burden was significantly higher in individuals with non-diagnostic structural cardiac abnormalities compared to those with coronary artery disease, underscoring the value of molecular autopsy in unexplained death. Novel variants not previously reported in global databases were identified, highlighting population-specific genetic architecture.

Conclusions. Our findings demonstrate that both common arrhythmias and inherited cardiac syndromes in Kazakhstan are influenced by rare genetic variation in established cardiac risk genes. Integration of genomic testing into cardiology practice improves diagnostic precision, refines risk stratification, and enables cascade family screening. Development of regional genomic databases is essential to advance personalized medicine and optimize cardiovascular care in Central Asia.

Funding. Study was supported by grants from the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (*AP23490249*), (*BR24993023*), and Nazarbayev University CRP (*211123CRP1608*).

Keywords: Genomic and Personalized medicine, NGS, Cardiovascular diseases, arrythmia

Experience of Interdisciplinary Research: Paleogenetic Analysis of Significant Archaeological Finds from Kazakhstan

Leyla Djansugurova[1*], Elmira Khussainova[1], Nazym Altynova[1], Lyazzat Musralina[1], Nurzhibek Kakhbatkyzy[1], Olzhas Iksan[1], Zhassulan Zhaniyazov[1,2], Aikorkem Mustafayeva[1], Saida Tokmurzina[1], Ainash Childebayeva[1,3,4], Johannes Krause[4]

[1]*Institute of Genetics and Physiology, Almaty, 050060, Kazakhstan*
[2]*Satbayev University, Almaty, 050013, Kazakhstan*
[3]*University of Texas at Austin, TX, Austin, 78712, USA*
[4]*Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig, 04103, Germany*

*Corresponding author: leylad@mail.ru

Background: Advances in DNA analysis technologies, the rapid growth of knowledge about the structure of ancient and modern genomes, the development of specialized software, and databases for ancient DNA significantly enhance the possibilities for reconstructing the historical fates of populations in any region, analyzing significant archaeological artifacts and historical figures. Center for Paleogenetics and Ethnogenomics of the Institute of Genetics and Physiology focuses on interdisciplinary research and strengthening the scientific evidence base for Kazakhstan's national history using modern molecular genetic analysis capabilities.

Materials and methods: The analytical study of significance and availability of Kazakhstani material in national and foreign organizations was performed, and collections of bone and tooth samples from 506 ancient individuals (148 necropolises) were assembled. To date, a whole-genome analysis of 385 ancient individuals representing 115 significant necropolises from the territory of Kazakhstan and adjacent territories of Kyrgyzstan and Russia, dating from the Eneolithic to the Middle Ages, has been completed.

Results: The analysis allowed us to determine the genetic characteristics of ancient populations that inhabited Kazakhstan from the 3rd-4th millennia BC to the 1st millennium AD. Through active cooperation with archaeologists and international collaboration, the main gene flows that characterize the main migration routes of ancient populations across Central Eurasia in the period of 1st Millenium BC to 1st Millenium AD. To explore how the social status of Iron Age individuals influenced biological kinship and population structure, the genetic profiles of elite (38 "golden" persons) and non-elite individuals were studied. Consanguineous marriages were identified, lineage analysis (IBD) was conducted, and a decrease in the effective population size of the Saka was determined. The individual genetic characteristics of many significant archaeological finds, which are currently exhibit in museum collections, were obtained. Our early genetic study of Abulkhair Khan burial was culminated in the creation of a memorial complex in the Aitekebi district of the Aktobe region. Study of individuals from the Eneolithic settlement Botai revealed little genetic traces with ancient and modern population. The genetic relationship was demonstrated between elite Hun individuals from Hungary and Kazakhstan Kuraily necropolis. The first genomic data were obtained on the "Golden Man" from Issyk necropolis, which is our national symbol.

Conclusion: There are several genetically described Saka elite objects became new museum exhibitions: the Saka priestess "Urzhar Princess", Eleke Sazy "Golden Man", elite objects of the Karakaba, Taldy II, Karashoky, Akeit I necropolises, Kurailly elite Hun, Miyaly “Iron Man” and others.

Keywords: paleogenetics, ancient DNA, population structure, gene flow, population migration, consanguineous marriage.

Селекционно-технологические аспекты создания ордабасинской породы овец

Абдирахман Омбаев

Казахский национальный аграрный исследовательский университет, Алматы, Казахстан
abdi_rahman@mail.ru

Введение: Мясосальное овцеводство является высокорентабельной отраслью во многих регионах Казахстана, из-за мало затратности и при соблюдении всех научно- обоснованных технологических процессов кормления содержания, а также воспроизводства. Они конкурентоспособны по производству мяса. Это связано с их высокими убойными качествами и особенностями туши, а также с низкой себестоимостью производства продукции за счет нагула животных на естественных пастбищах [1].

Республика по численности грубошерстных курдючных овец занимает ведущее положение – их разводят практически во всех регионах страны. Основу массива грубошерстных курдючных овец составляют мясосальные овцы едильбайской, казахской курдючной грубошерстной, сарыаркинской и ордабасинской пород. Потенциальные возможности развития в республике мясосального овцеводства огромны, а при систематическом ведении целенаправленной селекционно-племенной работы с соблюдением технологии содержания и кормления и рациональном использовании пастбищ для нагула, можно добиться хороших результатов по повышению живой массы и скороспелости.

Материалы и методы: Научно-исследовательская работа по созданию ордабасинской породы овец мясосальной продуктивности проведена с 1992 по 2013 год в экспериментальном базовом крестьянском хозяйстве «Сералы» Ордабасинского района Туркестанской области.

В качестве исходного генетического материала для межпородного скрещивания нами выбраны три породы овец мясо-сальной продуктивности: местная популяция казахской курдючной грубошерстной породы, характеризующаяся низкой живой массой, отличной приспособленностью к резкоконтинентальным природно-климатическим и скудным кормовым условиям пастбищного содержания, и высокопродуктивные племенные бараны едильбайской породы западно-казахстанской популяции, отличающиеся приспособленностью к суровым климатическим и достаточным кормовым пастбищным условиям содержания.

Выбранная третья гиссарская порода зарубежной таджикской селекции выведена народной селекцией и среди овец, разводимых в мире, обладает самой высокой живой массой, скороспелостью, адаптированная к горным и предгорным зонам мягкого климата пастбищного и пастбищно-стойлового содержания в силу малой подвижности.

Результаты: Ордабасинская порода овец создана в 2013 году путем сложного воспроизводительного скрещивания овцематок казахской курдючной грубошерстной породы южно-казахстанской популяции с баранами- производителями отечественной (едильбайской) и зарубежной (гиссарской) пород с последующим разведением желательных типов «в себе» [2].

На начальном этапе работы в 1992 году при создании селекционного стада в крестьянском хозяйстве «Сералы» Ордабасинского района Туркестанской области был проведен тщательный отбор овцематок казахской курдючной грубошерстной породы.

На первом этапе работы (1993-1995 гг.) поголовье овцематок казахской курдючной грубошерстной породы местной популяций скрещивали с баранами-производителями едильбайской породы. Была поставлена задача, консолидировать желательные признаки этих животных путем отбора из числа помесей первого поколения для сохранения у нового генотипа ценные продуктивные признаки обеих исходных пород. На втором этапе (1996-2000 гг.) полученные помеси первого поколения скрещивали с баранами гиссарской породы, завезенными из Сурхандарьинской области Республики Узбекистан. При этом особое внимание уделялось наследованию скороспелости, живой массы, формы курдюка и экстерьеру. Полученные помеси желательного типа в дальнейшем разводились в «себе». На третьем этапе (2000-2011гг.) селекционно-племенная работа проводилась в направлении накопления животных желательного типа и распространения племенного материала в хозяйстве.

В период 1999-2003 годы проводился отбор и подбор желательного типа, накопление животных селекционируемого типа при линейном разведении, а также распространении поголовья заинтересованным дочерним хозяйствам (к/х «Медеу», ТОО «Бек») Туркестанской области для совершенствования местной казахской курдючной грубошерстной породы овец.

В процессе исследования впервые установлены закономерности наследования селекционируемых признаков у помесей разных генераций. Изучены и определены закономерности роста, развития животных в постнатальном периоде жизни, настриг шерсти у разных генетических групп и возрастов и их воспроизводительная способность.

В структуре новой ордабасинской породы мясосальной продуктивности имеются шесть линии выдающихся баранов-производителей: № 3930-7768, № 3935-3807, № 3338-3839, № 9474-9526, № 9577-9623, № 9041-9168, которые отличаются хорошо выраженными ценными хозяйственно-полезными признаками [3].

Овцы ордабасинской породы имеют следующие зоотехнические параметры:

- средняя живая масса при рождении: ярок 4,8-5,4 кг, баранчиков – 4,9-5,5 кг, при отбивке от овцематок соответственно 33,2-38,6 и 40,1-42,8 кг;
- критерий отбора овец по минимальной живой массе, у взрослых баранов класс элита – 95-100 кг, I класс – 85-90 кг, II класс – 80-85 кг, овцематок соответственно по классу 75; 65-70; 60 кг;
- минимальная живая масса при бонитировке в 15-ти месячном возрасте баранов класса элита – 70 кг, I класса – 65 кг; II класса – 60 кг, ярок соответственно по классу 50-55; 45; 43 кг.

По внешним признакам (фенотипу) овцы ордабасинской породы представляют собой относительно крупный тип животных, преимущественно крепкой и грубой конституции, с явно выраженными признаками мясосальной продуктивности, хорошо приспособлены к содержанию в полупустынной и пустынной зоне. Взрослые овцы имеют крупное и гармоничное телосложение, типичный для породы экстерьер, конституция крепкая, комолые, с хорошо развитым костяком и пропорциональным телосложением, слегка горбоносые. Шея средней длины, грудь широкая и глубокая. Спина прямая, крестец широкий и несколько приподнятый в сравнении с холкой. Курдюк большой, средний и малой величины, подтянутой формы. Ноги длинные, крепкие, правильно поставленные с твердыми, прочными копытами, приспособленные для тебеневки и перехода дальних расстояний. Кожа средней толщины, свободно облегает туловище. Овцы обладают высокими показателями по плодовитости и молочности. Плодовитость животных составляет 111,8%.

Заключение: Созданное стадо овец ордабасинской породы мясосальной продуктивности вполне можно отнести к популяции, адаптированной и конкурентоспособной в условиях рыночной экономики Казахстана. Хозяйственно-ценные продуктивные особенности этих овец можно успешно использовать для производства мясной продукции, в зависимости от запросов рынка. Исключительная приспособленность к пастбищным условиям содержания в сухостепных, полупустынных, пустынных, горных и предгорных районах страны, а также высокая скороспелость овец ордабасинской породы делают их разведение весьма перспективным как внутри страны, так и за рубежом.

Благодарность: Выражаю искреннюю благодарность докторам сельскохозяйственных наук Кансейтову Т.К., Алибаеву Н.Н. и Паржанову Ж.А. за совместную работу в создании ордабасинской породы.

Ключевые слова: ордабасинская, едильбайская, гиссарская, стадо, порода

Список литературы:

1. Омбаев А.М. Казахстан овцеводческий. Селекционные и технологические аспекты интенсификации производства продукции овец и коз. Сборник трудов Международной научно-практической конференции. Российский государственный аграрный университет – МСХА иУ-МСХА, 2019. с.52-57

2. Ордабасинская порода овец (Кансеитов Т., Омбаев А.М.,Алибаев Н.Н., Паржанов Ж.А., Зайтбеков Е.Д., Жусупбеков Жандарбек Минбаевич, Кансейтова Э.Т., Идрисов К.Ж., Абжалов С.О., Наурызбай М.А., Зулпыхаров Б.М., Касымбеков М.К.). Патент на селекционное достижение №282, приор. 12.03.2013

3. Омбаев А.М.,Кансейтов Т., Кансейтова Э.Т., Абжалов С.А. Новая ордабасинская порода мясосальных овец. «Вестник» Национальной академии наук Республики Казахстан. Алматы 2014.с.75-79

Tendencies of field crops production in Kazakhstan, breeding and genetics achievements and future needs

Alexey Morgunov

A.I. Barayev Research and Production Centre for Grain Farming, Shortandy, 021601, Kazakhstan
alexey.morgounov@gmail.com

Diversification of crop production, especially in the Northern region of Kazakhstan is the main tendency. The area under wheat stabilized at 13 million hectares, the share of barley decreased by 0.5 million hectares with a significant increase in the area under sunflower, rapeseed and lentils (Fig.). Flax has undergone a slight decrease in area in 2023-24. The cultivation of traditional crops (maize, rice and peas) has not changed significantly. Yields of the most crops remain low due to negative effect of climate change, low intensification of production and other factors.

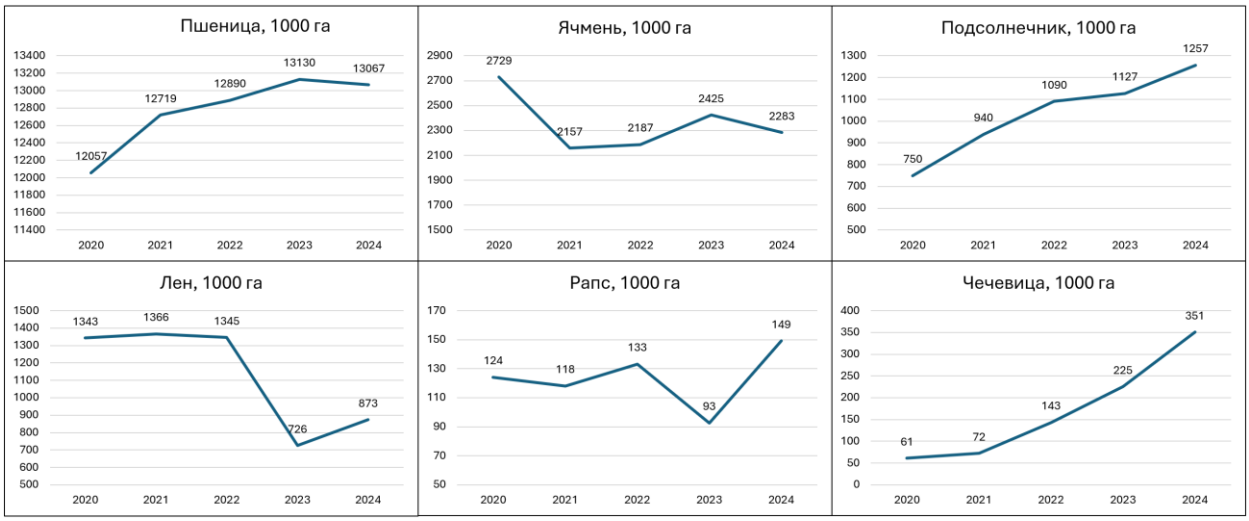


Fig. Areas under the main crops in the Republic of Kazakhstan in 2020-24 (FAO data)

Scientific research in the field of agriculture and crop production has traditionally focused on cereals and, in particular, on wheat. Taking into account the diversification of agricultural crops, it is obvious that the development of varieties and the adaptation of technologies for new crops demanded by production have a high priority. In the Northern region, these include sunflower, flax, rapeseed, soybeans, lentils and chickpeas. In the Southern region, corn, sugar beet and soybeans are of high priority. Scientific developments on fodder crops deserve attention.

The future research priorities include: a) breeding of lentils and flax; b) winter wheat for Northern region; c) technologies for the cultivation of lentils, flax and sunflower; d) development and use of biological products; e) genome editing; f) perennial food crops – breeding and technologies; g) improvement of grain quality, including for deep processing, biofortification; h) soil health; i) Carbon farming – assessment of existing cultivation practices and recommendations for improvement.

Acknowledgement: This research has been funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of Kazakhstan Grant No. AP26100299.

Keywords: crop breeding and genomics, diversification, modern genomic and phenomic tools

Challenges and perspectives in modern breeding of cereals in Kazakhstan

Yerlan Turuspekov

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan
yerlant@yahoo.com

Background: Cereal production remains the cornerstone of Kazakhstan's agricultural economy and food security strategy. However, the sector currently faces unprecedented pressure from shifting climatic patterns, characterized by increasing thermal stress and emerging rusts diseases in the primary grain-growing regions. This plenary presentation addresses the critical challenges and emerging opportunities in the genetic improvement of cereal crops within the national context. The primary challenges include the narrowing of the genetic base in commercial varieties, the rising prevalence of emerging pathogen strains, and the physiological limitations of traditional selection methods under extreme continental climates.

Materials and Methods: Despite these hurdles, the integration of advanced biotechnological tools offers a transformative path forward. We examine the transition from conventional phenotypic selection to precision breeding, highlighted by the implementation of marker-assisted selection (MAS), Speed Breeding technologies, and genomic selection (GS). Special emphasis is placed on the necessity of high-throughput phenotyping and the utilization of "omics" technologies to decipher the complex regulatory networks governing abiotic stress tolerance.

Results: Perspectives for the future involve fostering a multidisciplinary ecosystem that bridges laboratory research with field-scale application, ensuring that genetic gains are effectively translated into farm-level productivity. By synchronizing the efforts of the local research and international communities, Kazakhstan is positioned to modernize its breeding infrastructure.

Conclusion: This evolution is not merely a scientific objective but a necessity to ensure the sustainability of cereal production in the face of global environmental change.

Funding: This research was supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. BR24992903**).**

Keywords: Cereal breeding, Genetic resources, Kazakhstan, Abiotic stress, Genomic selection, Food security.

Advancing Wheat Breeding in Kazakhstan through Genomics and Speed Breeding

Kanat Yermekbayev[1*], Madi Shoken[1], Zhuldyz Sartbayeva[1], Aibek Abduakassov[1], Zahid Mahmood[2]

[1]*Institute of Biotechnology and Ecology, Zhetysu University named after I. Zhansugurov, Taldykorgan, Kazakhstan*
[2]*Crop Sciences Institute, National Agricultural Research Centre, Islamabad, 44000, Pakistan*

*Corresponding author: kanat.yermekbayev@gmail.com

Wheat is a strategic crop in Central Asia, particularly in Kazakhstan, where about 16 million tons of high-protein wheat are produced each year and roughly half is exported. Despite this, the sector is becoming less profitable. Increasing grain yield is one of the key ways to make wheat farming economically viable again.

We believe that achieving further substantial yield gains using the current breeding system, which relies largely on conventional methods, is becoming increasingly challenging. To move forward, the wheat gene pool needs to be renewed with new, high-yielding varieties and supported by modern breeding tools in combination with the strong accumulated knowledge in the country's wheat breeding system.

Our work has already identified several genomic regions linked to important yield-related traits such as plant height, coleoptile length, and seed architecture. These loci are being evaluated through marker-assisted selection and near-isogenic lines in multi-location field trials. We also established the Central Asian Wheat Panel (CAWP), consisting of around 450 spring and winter wheat genotypes, which is currently undergoing whole-genome re-sequencing to identify structural variants with potential breeding value.

In parallel, we launched the first large-scale speed breeding facility in Central Asia and adapted the protocol to wheat grown across diverse environments. The facility is now used to accelerate generation turnover, develop new genetic resources, create NILs, and standardize germplasm panels**.**

Molecular Epidemiology and Evolutionary Dynamics of Human Coronaviruses in Kazakhstan

Aidyn Kydyrmanov[1]*, Sardor Nuralibekov[1], Marat Kumar[1], Aknur Mutaliyeva[1,2], Aidar Usserbayev[1,2], Yelizaveta Khan[1], Temirlan Sabyrzhan[1], Aigerim Abdimadiyeva[1], Kobey Karamendin[1]

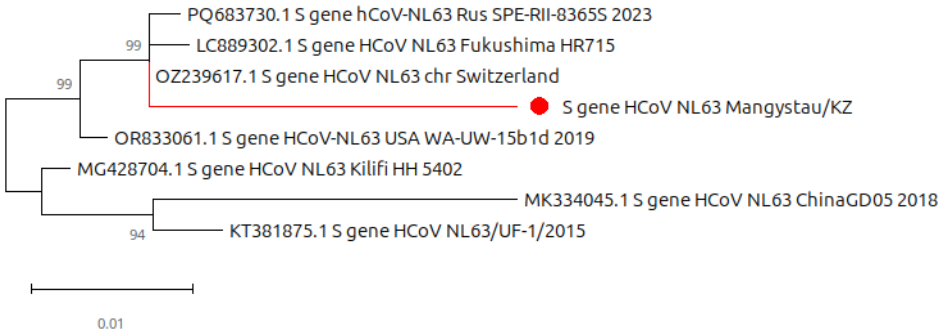
[1]*Research and Production Center for Microbiology and Virology, Almaty 050010, Kazakhstan*
[2]*National Center of Public Health Care, The Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan, Almaty, 050008, Kazakhstan*

*Corresponding author: aidyn.kydyrmanov@gmail.com

Background: Seasonal human coronaviruses (HCoVs) are significant causes of acute respiratory viral infections (ARVI). However, their circulation, genetic diversity, and evolutionary dynamics in Kazakhstan remain poorly understood. Extensive molecular epidemiological surveillance is crucial to determine their geographical distribution and phylogenetic relationships with strains circulating globally.

Materials and methods: Since March 2025, a total of 163 nasopharyngeal swab samples from ARVI patients across multiple regions of Kazakhstan, including West Kazakhstan, Karaganda, Mangystau, and the cities of Astana and Almaty, have been analysed. Viral RNA was extracted using the RNeasy® Mini Kit (Qiagen). Screening was performed by one-step RT-PCR targeting the conserved RdRp gene using degenerate pan-coronavirus primers. Additional amplification of 440 bp and 760 bp fragments was conducted to improve detection sensitivity. PCR products were visualised by agarose gel electrophoresis. Positive samples underwent Sanger sequencing and metagenomic sequencing. Phylogenetic analysis was performed using MEGA11 with the maximum likelihood method.

Results: Coronavirus RNA was detected in 22 of 163 samples (13.5%). Sequencing identified the following HCoV types: HCoV-NL63 (12 samples), HCoV-229E (2), HCoV-HKU1 (4), and HCoV-OC43 (3). Metagenomic sequencing confirmed co-circulation of Alpha- and Betacoronaviruses, with sequences showing up to 100% nucleotide identity to global reference strains in databases. One HCoV-OC43 isolate showed 100% nucleotide identity to a 2024 USA reference strain, while NL63 isolates showed >99.8% similarity to reference genomes. Phylogenetic analysis of the spike gene placed the HCoV-NL63 Mangystau/KZ strain within a highly supported clade (bootstrap 99%) that clusters with strains from Europe and Russia, suggesting interregional and international viral circulation (Figure).



The tree was constructed in MEGA11 using the Tamura-Nei model with 1000 bootstrap replicates. Bootstrap values (>70%) are shown at the nodes. The HCoV-NL63 Mangystau/KZ strain, obtained in this study, is highlighted in red.

Figure. Phylogenetic tree of S gene sequences of HCoV-NL63, constructed using the maximum likelihood method

Conclusion: This provides one of the first molecular insights into seasonal HCoV diversity in Kazakhstan, demonstrating active co-circulation and close genetic relatedness to globally circulating HCoV strains. The applied molecular approaches are effective for surveillance, evolutionary analysis, and ongoing genomic surveillance of respiratory viruses.

Acknowledgement: This study was supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP23485202).

Разработка клеточных, геномных и протеомных технологий для диагностики ряда социально-значимых заболеваний в Республике Казахстан

П.В. Тарлыков*, Е.В. Жолдыбаева, А.Б. Шевцов, К.Н. Мукантаев, Б.Б. Хасенов, О.Н. Хапилина, Г.Н. Кулмамбетова, А.Т. Кулыясов, С.К. Абельденов, Е.О. Остапчук, Ю.А. Скиба

ТОО «Национальный центр биотехнологии», Астана, 010000, Казахстан

*Автор-корреспондент: tarlykov@biocenter.kz

Разработка высокочувствительных и специфичных методов диагностики социально-значимых заболеваний является приоритетным направлением здравоохранения Республики Казахстан. Современные мультиомные подходы, включая геномные, протеомные и клеточные технологии, обеспечивают возможность ранней диагностики и внедрения персонализированной медицины. Особую актуальность представляют орфанные заболевания (фенилкетонурия, болезнь Гоше, синдром Альпорта), онкологические патологии (колоректальный рак), метаболические нарушения (MODY-диабет), а также инфекционные заболевания и антибиотикорезистентность.

Материалы и методы: В исследовании использованы молекулярно-генетические, клеточные и масс-спектрометрические методы. Объектами исследования являлись образцы ДНК пациентов с фенилкетонурией, MODY-диабетом, синдромом Альпорта и колоректальным раком, а также образцы крови пациентов с болезнью Гоше и контрольных групп. Применялись технологии секвенирования нового поколения (NGS), ПЦР в реальном времени, цифровой ПЦР, масс-спектрометрия (LC-MS/MS, Q-TOF), CRISPR/Cas, иммунохроматографический анализ, а также биоинформатический анализ данных. Проводился дизайн и валидация панелей праймеров, выделение ДНК, клонирование генов и разработка диагностических тест-систем.

Результаты: Проведена валидация праймерных панелей и оптимизация условий ПЦР для амплификации целевых генов. Сформирована коллекция образцов от пациентов и условно здоровых лиц. Выполнен скрининг мутаций в генах KRAS и BRAF при колоректальном раке. Разработаны и оптимизированы протоколы иммунодеплеции плазмы и масс-спектрометрического анализа биомаркеров, включая определение активности β-глюкоцереброзидазы при болезни Гоше. Получены рекомбинантные белки (гексон аденовируса, антиген VP4 ротавируса) и разработаны иммунохроматографические тест-системы. Проведена экспрессия рекомбинантной обратной транскриптазы в клетках *E. coli*. Определены генетические маркеры антибиотикорезистентности *Acinetobacter baumannii*. Подобраны универсальные праймеры для ДНК-баркодирования растений.

Заключение: Показана высокая эффективность применения клеточных, геномных и протеомных технологий для диагностики социально-значимых заболеваний. Разработанные подходы обеспечивают высокую чувствительность и специфичность, создавая основу для внедрения персонализированной медицины в Казахстане. Полученные результаты имеют значительный потенциал для практического применения, включая разработку отечественных диагностических тест-систем и снижение экономической нагрузки на систему здравоохранения.

Работа выполнена в рамках научно-технической программы BR24992881 «Разработка клеточных, геномных и протеомных технологий для диагностики социально-значимых заболеваний в Республике Казахстан».

Ключевые слова: диагностика, геномика, протеомика, медицинская биотехнология, персонализированная медицина.

Population Genetic Structure of the Modern Population of Kazakhstan: Integration of Ethnogenomics, Medical, Environmental and Sports Genetics

Nazym Altynova[1*], Zhassulan Zhaniyazov[1,2], Lyazzat Musralina[1], Anastassiya Perfilyeva[1], Liliya Skvortsova[1], Ozada Khamdieva[1], Madina Abdullayeva[1], Kanagat Yergali[1], Alexander Garshin[1], Lina Lebedeva[1], Zhantuar Kumarbekov[1], Almira Amirgaliyeva[1], Bakhytzhan Bekmanov[1], Gulnur Zhunussova[1], Leyla Djansugurova[1*]

[1]*Institute of Genetics and Physiology, Almaty, 050060, Kazakhstan*
[2]*Satbayev University, Almaty, 050013, Kazakhstan*

*Corresponding authors: naz10.79@mail, leylad@mail.ru

Background: A comprehensive study of the population genetic structure of the modern population of Kazakhstan is being conducted through the integration of ethnogenomics, medical genetics, environmental genetics and sports genetics. A unique biobank has been established, comprising genetic data from more than 10,000 individuals.

Materials and methods, Results: Within the ethnogenomic framework, a representative genetic database of modern Kazakh individuals (n=3059) covering diverse tribal affiliations and geographic regions has been developed. Y-chromosome analysis (2454 males) revealed high diversity with 124 haplogroups, while mitochondrial DNA analysis (n=924) identified 345 haplotypes reflecting complex Eurasian migration patterns.

The medical genetics component includes a biobank of patients and control individuals (n>5,000), enabling the identification of genetic markers associated with susceptibility to oncological, cardiovascular and neurological diseases. Whole-genome SNP genotyping and next-generation sequencing (NGS) have facilitated the discovery of novel variants associated with hereditary syndromes, as well as the analysis of familial cases of epilepsy and autism.

The environmental component is based on case–control cohorts (n≈1,000) and is aimed at studying the impact of mutagenic environmental factors, including radiation, heavy metals, and pesticides. Genetic markers associated with radiosensitivity and radioresistance have been identified, and a model for assessing individual risks of chronic exposure to environmental pollutants has been developed, taking into account genotype and lifestyle factors. In addition, considerable attention is devoted to investigating the impact of environmental pollution on the development of bronchial asthma. Gene–environment interaction analysis revealed associations between SNPs and air pollutant exposure levels in Almaty, including significant interaction effects with PM2.5 and CO.

In sports genetics (n≈1,300), novel candidate SNP markers associated with physical performance traits were identified. A “genetic passport” incorporating 97 SNPs across 75 genes related to physical, metabolic, and cognitive traits has been developed.

Conclusion: Overall, this integrative approach provides a foundation for personalized medicine, environmental risk assessment and optimization of athletic performance in Kazakhstan.

Keywords: Ethnogenomics, population structure, medical genetics, asthma, SNP genotyping, air pollutants, sports.

Алматы қаласы мен Алматы облысы тұрғындарының демікпенің дамуына әсер ететін экологиялық қауіптер мен генетикалық бейімділігін талдау

Айгерім Касымбекова[1,2*], Мадина Абдуллаева[2], Лина Лебедева[2], Қанағат Ерғали[2], Александр Гаршин[2], Ақмарал Құлатаева[2], Данара Артығалиева[3], Ляззат Мусралина[2], Muddassar[1], Лейла Жансүгірова[2], Назым Алтынова[2]

[1]әл-Фараби атындағы ҚазҰУ, Алматы, 050040, Қазақстан
[2] Генетика және физиология институты, Алматы, 050060, Қазақстан
[3]Allergo Clinic, Алматы, 050043, Қазақстан

*Байланыс автор: Kassymbekova.aigerim01@gmail.com

Негіздеме: Ауаның ластануы қазіргі қоғамдағы негізгі экологиялық қауіптердің бірі болып табылады және тыныс алу жүйесі ауруларының, соның ішінде демікпенің дамуына ықпал етеді. Дүниежүзінде шамамен 300 млн адам бронх демікпесімен ауырады, ал Қазақстанда, әсіресе Алматы қаласында, соңғы жылдары аурудың таралуы айқын өсуде [1-2]. Осыған байланысты демікпенің даму қаупінің факторларын анықтау өзекті болып табылады, себебі бұл аурудың пайда болу ықтималдығын жоғары дәлдікпен болжауға және әрбір адамның жеке ерекшеліктерін ескере отырып, тиімді профилактикалық шараларды әзірлеуге мүмкіндік береді [3].

Материалдар мен әдістер: Жалпы 380 Алматы қаласы тұрғындары қамтылды: 190 бронх демікпесі бар науқас және 190 шартты дені сау бақылау тобы. Зерттеу барысында сауалнамалар, клиникалық және зертханалық зерттеулер, толық геномды генотиптеу, статистикалық және биоинформатикалық талдау әдістері қолданылды.

Нәтижелері: Алматы қаласының атмосфералық ауаның ластану деңгейі PM2.5, PM10, CO, SO_2, NO_2 көрсеткіштері бойынша талданып, 18 автоматтандырылған және 74 мониторинг станциясының деректері пайдаланылды.Клиникалық мәліметтерді талдау нәтижесінде спирометриясы бар 110 науқас зерттеліп, негізгі көрсеткіштер (FVC, FEV_1, FEV_1/FVC, PEF) бойынша бірқатар пациенттерде бронхиальды обструкция анықталды. 38 науқаста (34,5%) бронходилататордан кейін $FEV_1 \geq 12\%$ жоғарылауы тіркеліп, обструкцияның қайтымдылығы дәлелденді. Генетикалық талдау нәтижесінде бронх демікпемен байланысты бірнеше полиморфизмдер анықталды, соның ішінде протективті әсер көрсеткен: *rs4794820* (OR=0.635, p=0.004), *rs3117098* (OR=0.643, p=0.011), *rs1071630* (OR=0.692, p=0.021), *rs7927894* (OR=0.680, p=0.023), *rs7130588* (OR=0.691, p=0.051), сондай-ақ тәуекелді арттыратын *rs3763309* (OR=1.637, p=0.012) және *rs9268516* (OR=1.531, p=0.013) варианттары анықталды. Өзара әрекеттесу модельдері ластаушы заттардың әсері жағдайында ықпалы күшейетін бірқатар SNP-терді анықтады. Ең айқын өзара әрекеттесулер SNP–$PM2.5$ (rs11742240, rs2244012, rs2040704), SNP–SO_2 (rs3117098) және SNP–NO_2 (rs3763309) модельдерінде байқалды.

Қорытынды: Бұл деректер генетикалық бейімділік пен қоршаған орта факторларының әсері арасында ықтимал синергиялық байланыстың бар екенін көрсетеді. Яғни, қолайсыз аллельдер ауадағы ластаушы заттардың концентрациясы жоғарылаған жағдайда аурудың даму қаупін күшейтеді. Алынған нәтижелер бронх демікпесінің патогенезіндегі генетикалық және экологиялық факторлардың маңызын көрсетіп, дербестендірілген медицинаны дамытуға негіз болады.

Алғыс: Зерттеу Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі қаржыландыратын AP23488865 жобасы аясында жалғасуда.

Кілт сөздер: бронх демікпесі, Алматы қаласы, ластаушы заттар, ауру-бақылау зерттеу, genome association study, полиморфизм

Пайдаланылған әдебиеттер:

1. Zhang, W., Chen, X., Ma, L. et al. Epidemiology of asthma and control assessment in Henan, China. *Translational Respiratory Medicine* **2,** 5 (2014) doi: 10.1186/2213-0802-2-5

2. Абдуллаева, М., Касымбекова, А., Лебедева, Л и др. Анализ влияния генетических полиморфизмов и концентраций PM2.5, CO И SO2 на риск развития бронхиальной астмы у жителей города Алматы. *Eurasian Journal of Ecology* **84,** 3. (2025). doi.org/10.26577/EJE20258435

3. Harada, T, Yamasaki, A, Fukushima,T, et al. Causes of death in patients with asthma and asthma-chronic obstructive pulmonary disease overlap syndrome. International Journal of Chronic Obstructive Pulmonary **10**, 595-602.(2015) doi: 10.2147/COPD.S77491

Свободно циркулирующая митохондриальная ДНК и микроРНК как молекулярные индикаторы системного ответа на ионизирующее облучение и развитие рака легкого среди населения Республики Казахстан

Асия Кусаинова*, Ольга Булгакова, Акмарал Арипова, Рахметкажы Берсимбай

Институт клеточной биологии и биотехнологии, Евразийский национальный университет им. Л.Н.Гумилева, Астана, 000080, Казахстан

*Corresponding author: assya.kussainova@gmail.com

Введение: Казахстан, являясь ведущим мировым экспортером урана, характеризуется наличием обширных территорий с повышенным уровнем природной эксхаляции радона [1]. Согласно данным ВОЗ, радон признан вторым по значимости фактором риска развития рака легкого после курения [2]. Ионизирующее облучение вызывает эпигенетические сдвиги и повреждение митохондриального аппарата, что инициирует высвобождение специфических сигнальных молекул [3]. Целью нашего исследования стало изучение роли сц мт-ДНК, экзосомальных микроРНК и цитокинов как комплексных биомаркеров ответа на хроническое облучение и развитие радон-индуцированного рака легкого.

Материалы и методы: Исследование было проведено среди населения Казахстана, подверженных воздействию высоких радона (г. Кокшетау, Акмолинская область). Обследованы пациенты с немелкоклеточным раком легкого (НМРЛ), проживающие и не проживающие в радоноопасных зонах. Контрольную группу составили жители региона с допустимым уровнем радона 100 Бк (г. Астана). Количественный анализ сц-мтДНК и микроРНК выполнялся методом ПЦР в режиме реального времени.

Результаты: Исследование подтверждает, что сц-мтДНК — ключевой биомаркер радиационного стресса у населения Казахстана, имеющий дозозависимую связь с радоновой нагрузкой. У здоровых лиц из радоноопасных зон её уровень превышает норму в 9 раз, а при радон-индуцированном раке — в 34 раза.

Эпигенетический профиль (miR-19b-3p, miR-125b-5p, miR-155b-5p) служит эффективным индикатором онкопатологии. miR-125b-5p способствует прогрессии опухоли, а miR-155b-5p является динамическим маркером: её уровень коррелирует с выживаемостью и снижается после химиотерапии, позволяя оценивать эффективность лечения. miR-19b-3p отражает наличие опухоли, но не связана с радиацией, что помогает дифференцировать причины рака. У некурящих пациентов экспрессия miR-19b-3p выше, указывая на специфические пути канцерогенеза.

Сочетанный анализ мтДНК и микроРНК формирует мощную панель для ранней диагностики и мониторинга здоровья в экологически неблагоприятных регионах, обеспечивая переход к персонализированной медицине.

Вывод: Внеклеточная мтДНК и профиль экзосомальных микроРНК являются чувствительными индикаторами радиационного воздействия. Интеграция этих показателей в систему биомониторинга позволяет объективно оценивать суммарное влияние природного радиационного фона и медицинских процедур на здоровье населения Казахстана.

Благодарности: Данное исследование финансировалось Министерством науки и высшего образования Республики Казахстан (грант № AP08856116).

Ключевые слова: радон, сц-мтДНК, микроРНК, рак легкого.

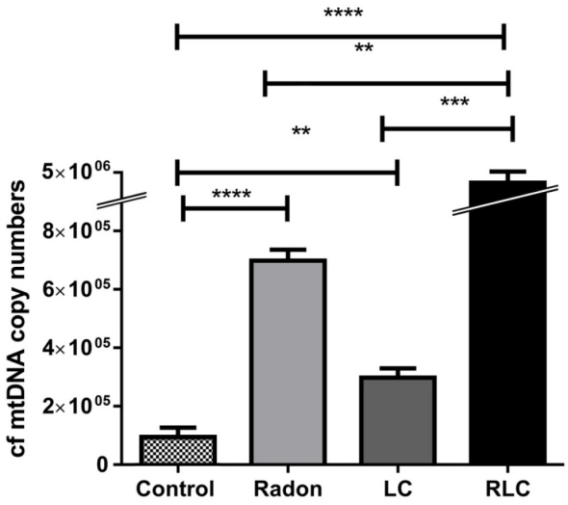


Рисунок 1. Количество копий сц-мтДНК в плазме участников исследования, подвергшихся/не подвергшихся воздействию высокого уровня радона [4].

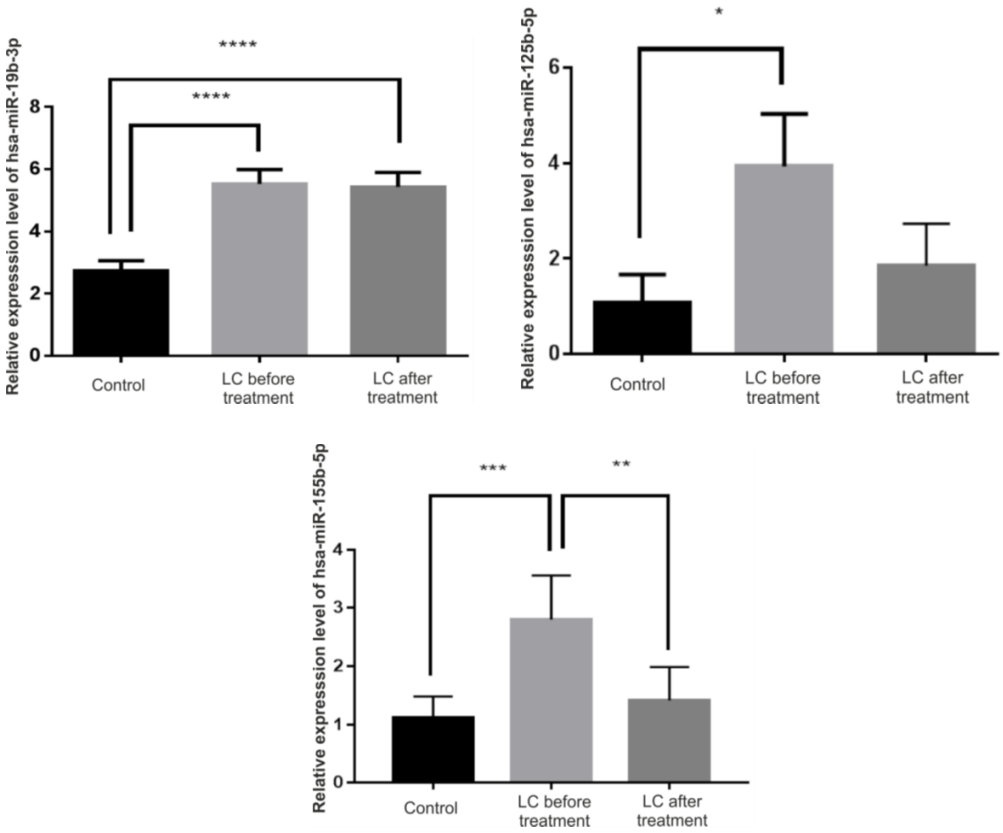


Рисунок 2. Относительный уровень экспрессии микроРНК у пациентов с раком легких до и после лечения по сравнению с контрольной группой [4].

Список использованных источников:

1. Bersimbaev, R., Pulliero, A., Bulgakova, O et al. Radon Biomonitoring and microRNA in Lung Cancer. *International journal of molecular sciences* **21(6)**, 2154, (2020).

2. World Health Organization. WHO Handbook on Indoor Radon: A Public Health Perspective. (World Health Organization, 2009).

3. Kussainova, A., Bulgakova, O. Aripova, A., et al. The Role of Mitochondrial miRNAs in the Development of Radon-Induced Lung Cancer. *Biomedicines* **10**, 428 (2022).

4. Bulgakova, O., Kussainova, A., et al. The level of free-circulating mtDNA in patients with radon-induced lung cancer. *Radiat. Environ. Biophys.* **61**, 119–126 (2022).

5. Bulgakova, O., Kussainova, A., et al. The plasma levels of hsa-miR-19b-3p, hsa-miR-125b-5p and hsa-miR-155b-5p in NSCLC patients. *Int. J. Biol. Chem.* **12**, 80–87 (2019).

Migrations of Ancient Eurasian Population according to results of Admixture

Aikorkem Mustafayeva[1*], Saida Tokmurzina[1,2], Maxim Shtilkind[1,3], Assel Auelbekova[3], Nargiz Raimbekova[3], Zhassulan Zhaniyazov[1,3], Leyla Djansugurova[1], Ainash Childebayeva[1,2]

[1]*Institute of Genetics and Physiology, Almaty, 050060, Kazakhstan*
[2]*University of Texas at Austin, TX, Austin, 78712, USA*
[3]*Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, 050040, Kazakhstan*

*Corresponding author: mustafaeva.aikorkem08@gmail.com

Background: Ancient DNA provides a direct window into past human migrations by allowing us to analyze the genetic makeup of individuals from populations across different time periods and regions. The availability of published data from ancient individuals makes it possible to trace genetic shifts and admixture over time, linking them to migration patterns and their impact on modern populations. This study focuses on investigating the ancient human migration history across the Central Eurasia. While research on ancient genomes in Eurasia has largely concentrated on Europe, the migration history of Central Eurasian populations remains underexplored.

Materials and methods: Using genome-wide data (1,240K SNPs) of 470 ancient individuals, we investigated the genetic continuity and admixture patterns of population dated from the Eneolithic to 1st millennium AD. The principal component analysis (PCA) (EIGENSOFT, v6,0beta) and admixture tools (v1.3.0) were used.

Results: Our analysis revealed periods of significant genetic turnover, particularly during the Bronze Age, corresponding with the rise of pastoralist cultures and their spread across the Eurasian Steppe zone. However, we also observe long-term genetic continuity in certain regions, suggesting that local populations maintained their genetic identity despite widespread migrations. Neolithic populations cluster in PCA space broadly along a west–east axis, with groups from Eastern Europe and Western Siberia on one end, and outliers such as Botai (Northern Kazakhstan) and Neolithic Mongolia on the eastern periphery. Populations from the Bronze Age form more distinct western and eastern clusters, reflecting increasing structuring in gene pools across Eurasia. Starting from Iron Age, genetic heterogeneity increases substantially, driven by a notable rise in East Asian ancestry components across several regions. This points to intensified eastern gene flow into Central Eurasia during this time. Currently, we are performing the study of selection signals that reflect on phenotypic traits and diseases of ancient inhabitants of Kazakhstan territory.

Conclusion: This study highlights the interplay between cultural transformations and genetic exchange, providing a more nuanced understanding of the human past in Central Eurasia.

Acknowledgement: Study was financially supported by the Scientific Committee of Ministry of Science and Higher Education of Republic Kazakhstan under the grant project AP23489627.

Keywords: aDNA, SNP, PCA, Admixture, human migrations.

Частота и структура наследственных заболеваний по данным регистра КФ «UMC»

Ляззат Назарова[1], Макбал Кудайбергенова[1], Асем Утупова[1,2], Қаракоз Сламбекова[1], Шырайлым Елтаева[1], Меруерт Дуйсенова[1], Аружан Рахимбаева[1], Сабина Саликова[1], Аружан Зиноллаева[1], Миргуль Баянова[1]

[1]*КФ «UMC», Астана, 010000, Казахстан*
[2]*Евразийский национальный университет им. Л. Н. Гумилева, Астана, 010000, Казахстан*

*Авторы-корреспонденты: nazarova_lyaz@mail.ru, arurrnwy@gmail.com

Актуальность: Наследственные и редкие заболевания представляют собой значимую проблему современной медицины в связи с их вкладом в структуру хронической заболеваемости, ранней инвалидизации и смертности. По современным оценкам, редкие заболевания в совокупности затрагивают около 3,5–5,9% населения, что эквивалентно более чем 300 млн человек в мире 1). При этом до 70% редких заболеваний имеют генетическую природу, а значительная их часть манифестирует в детском возрасте (2).

Несмотря на развитие высокопроизводительных методов секвенирования, диагностическая одиссея пациентов остаётся актуальной проблемой, так в среднем время до установления диагноза может составлять 5–7 лет (3). В этой связи ключевую роль приобретает создание и ведение регистров пациентов, позволяющих систематизировать данные о распространённости, нозологической структуре и клиническом спектре наследственных заболеваний, а также оценивать эффективность оказания медицинской помощи (4). Анализ данных регистра КФ «UMC» позволяет получать достоверную информацию о частоте, нозологической структуре и клиническом разнообразии наследственных заболеваний, для внедрения персонализированной медицины, разработки скрининговых программ и оптимизации маршрутизации пациентов.

Материалы и методы: Проведен ретроспективный анализ данных регистра пациентов с наследственной патологией, наблюдающихся в КФ «UMC». Использованы клинико-генетические, цитогенетические и молекулярно-генетические методы диагностики.

Результаты: Анализ показал, что структура наследственных заболеваний представлена моногенными и хромосомными патологиями. В структуре хромосомной патологии ведущую долю занимают анеуплоидии, среди которых наиболее часто встречается синдром Дауна, составляя около 50% случаев среди всех хромосомных аномалий. В регистр включено 524 пациента с моногенными заболеваниями. Структура распределилась следующим образом: заболевания соединительной ткани — 79 случаев (15,1%), другие заболевания — 68 случаев (13,0%), нейромышечные — 67 случаев (12,8%), нейродегенеративные — 61 случай (11,6%), другие неврологические заболевания — 55 случаев (10,5%), эндокринологические — 43 случая (8,2%), эпилепсия — 35 случаев (6,7%), нефрологические — 27 случаев (5,2%), иммунодефициты — 25 случаев (4,8%), нарушения белкового обмена — 24 случая (4,6%), гематологические заболевания — 17 случаев (3,2%), митохондриальные заболевания — 16 случаев (3,1%), расстройства аутистического спектра (РАС) — 7 случаев (1,3%).

Заключение: Проведённый анализ спектра нозологических форм в регистре КФ «UMC» продемонстрировал, что наследственные заболевания характеризуются выраженным клинико-нозологическим разнообразием с преобладанием патологии соединительной ткани и заболеваний неврологического спектра. Регистр КФ «UMC» является эффективным инструментом для анализа частоты и структуры наследственных заболеваний и может служить основой для развития скрининговых программ, выявления приоритетных направлений диагностики и оптимизации медико-генетической помощи.

Ключевые слова: Регистр, наследственные заболевания, моногенная патология.

Литература:

1. Nguengang Wakap, S. et al. Estimating cumulative point prevalence of rare diseases. Orphanet J. Rare Dis. 15, 1–12 (2020).

2. Boycott, K. M. et al. The clinical application of genome-wide sequencing. Nat. Rev. Genet. 20, 681–694 (2019).

3. Pelentsov, L. J. et al. The diagnostic journey of patients with rare diseases. Orphanet J. Rare Dis. 11, 21 (2016).

4. Kölker, S. et al. Rare disease registries are key to evidence-based personalized medicine. Front. Endocrinol. 13, 875674 (2022).

Long-read sequencing–based genomic analysis of cardiac conduction disorders in young adults

Diana Samatkyzy[1,2*], Diana Valishayeva[1,2], Saule Rakhimova[1], Asset Daniyarov[1,3], Ashan Musafer[4], Madina Zhalbinova[1], Ulykbek Kairov[1], Ainur Akilzhanova[1,2,3*]

[1] *National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[2]*Astana Medical University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[3]*L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[4]*Oxford Nanopore Technologies, Dubai, United Arab Emirates*

*Corresponding author: diana.samatkyzy@nu.edu.kz, akilzhanova@nu.edu.kz

Background: Cardiac conduction disorders (CCDs) encompass a heterogeneous group of conditions affecting the cardiac electrical system, often presenting as cardiac arrhythmias. These may arise from inherited channelopathies or structural degeneration, particularly in younger patients where early onset suggests a genetic basis. Advances in genomic technologies have enabled deeper exploration of underlying molecular mechanisms.

Materials and Methods: We conducted a whole-genome sequencing study in 14 patients (mean age 27 years) with CCDs, including atrioventricular block and sinus node dysfunction. Genomic DNA was extracted from peripheral blood and prepared using a ligation-based protocol. Sequencing was performed using long-read nanopore technology on the PromethION platform. Data processing included basecalling, quality filtering (Q-score ≥9), alignment to the hg38 reference genome, and variant analysis using established bioinformatics workflows.

Results: Pathogenic variants were identified in 2 out of 14 patients (14%). Detected mutations were located in the *SCN5A* and *APOB* genes. Both patients exhibited frameshift deletions in *SCN5A* and *APOB*, respectively. These pathogenic variants are known to be associated with cardiac arrhythmias and conduction system disorders. No other clinically significant variants were identified.

Conclusion: This study demonstrates the feasibility and effectiveness of long-read whole-genome sequencing in identifying clinically relevant genetic variants in young patients with cardiac conduction disorders. The findings support a hereditary component in cardiac arrhythmias, particularly involving pathogenic variants in the *SCN5A* and *APOB* genes. Pathogenic variants in *SCN5A* are associated with cardiac conduction abnormalities and may be linked to the development of idiopathic non-sustained ventricular tachycardia, whereas mutations in *APOB* are responsible for hypercholesterolemia. Long-read sequencing offers improved detection of structural variants and complex genomic rearrangements, which may play a critical role in patients with hereditary forms of the disease.

Acknowledgements: This research was supported within the framework of program-targeted funding (No.BR24993023) from the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan.

Keywords: Cardiac arrhythmias, long-read sequencing, genes, mutations.

References:

1. Balla, C., Canovi, L., Zuin, M. et al. Cardiac conduction disorders due to acquired or genetic causes in young adults: a review of the current literature. *J Am Heart Assoc* 14, e040274 (2025).
2. Egas, D., Rodriguez, F., Jaswal, A. et al. Burden of bradycardia and barriers to accessing bradycardia therapy in underserved countries. *Eur Heart J Suppl* 25(Suppl H), H1–H17 (2023).
3. Balla, C., Margutti, A., De Carolis, B. et al. Cardiac conduction disorders in young adults: clinical characteristics and genetic background of an underestimated population. *Heart Rhythm* 21(8), 1363–1369 (2024).
4. Rezazadeh, S., Duff, H.J. Genetic determinants of hereditary bradyarrhythmias: a contemporary review of a diverse group of disorders. *Can J Cardiol* 33(6), 758–767 (2017).
5. Nyaga, D.M., Tsai, P., Gebbie, C. et al. Benchmarking nanopore sequencing and rapid genomics feasibility: validation at a quaternary hospital in New Zealand. *NPJ Genom Med* 9, 57 (2024).
6. Li, X., Shi, W., Zhang, R. et al. Integrate molecular phenome and polygenic interaction to detect the genetic risk of ischemic stroke. *Front Cell Dev Biol* 8, 453 (2020).

Association of genetic polymorphisms with complication development in heart failure patients

Madina Zhalbinova[1], Saule Rakhimova[1], Diana Samatkyzy[1,2], Gulbanu Akilzhanova[3], Ulan Kozhamkulov[1], Kenes Akilzhanov[3], Ainur Tauekelova[4], Mahabbat Bekbosynova[4], Ainur Akilzhanova[1,2,5*]

[1]*Center for Life Sciences, PI National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan,*
[2]*"Astana Medical University", Astana, 010000, Kazakhstan*
[3]*Semey Medical University, Pavlodar Branch, Pavlodar, 140000, Kazakhstan,*
[4]*Heart Center, University Medical Center, Astana, 010000, Kazakhstan*
[5]*L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, 010000, Kazakhstan*

*Corresponding authors: akilzhanova@nu.edu.kz, madina.zhalbinova@nu.edu.kz

Background: Congestive heart failure (HF) is one of the significant healthcare problems in the Republic of Kazakhstan. Implantation of the mechanical circulatory support device - left ventricular assist device (LVAD) is one of the alternative treatment for HF patients instead of heart transplantation. However, HF patients suffer with complications development after device implantation which are caused due to the anticoagulant treatment and platelet receptors' dysfunction. The aim of our research was to study association of genetic polymorphisms with complications development in HF patients with implanted LVAD [1,2].

Materials and methods: Blood samples were recruited from HF patients (n=98) with implanted devices. Anticoagulant drugs were prescribed according to the clinical protocol. Thrombosis and bleeding complications were developed in 24 patients. DNA samples were isolated and genotyped for 21 SNPs encoding blood coagulation system, metabolism of the anticoagulant drugs.

Results: According to the logistic regression analysis four polymorphisms of rs9934438; rs9923231 in *VKORC1*, rs5918 in *ITGB3* and rs2070959 in *UGT1A6* genes were significantly associated with complications ($p < 0.05$). Genetic variants of *VKORC1* and *UGT1A6* genes showed influence to warfarin and aspirin drugs' metabolism. *UGT1A6* gene encodes enzyme which is involved in aspirin metabolism. Genetic polymorphism in *UGT1A6* gene can influence to the expression of different metabolic activities of the enzyme which excretes faster and slower metabolites of aspirin. Gene polymorphism of rs5918 in *ITGB3* gene encodes platelet receptor GPIIIa. Patients with genotype variants of rs5918 carries genetically inherited platelet dysfunction which leads to complications development [3,4].

Conclusion: Our study showed that genotyping of HF patients before device implantation could improve patient's quality of life by predicting and preventing complications development.

Acknowledgement: The study was supported by grants from the Committee of the Ministry of Science and Higher Education, Republic of Kazakhstan (BR24993023, AP23490249) and Nazarbayev University CRP (211123CRP1608).

Key words: heart failure, polymorphisms, genes, personalized treatment.

References:

1. Topkara V.K., Knotts R.J., Jennings D.L. et al. Effect of CYP2C9 and VKORC1 Gene Variants on Warfarin Response in Patients with Continuous-Flow Left Ventricular Assist Devices. *ASAIO J*. Vol. 62, №5 (2016).
2. Mehra M.R., Uriel N., Naka Y. et al. A Fully Magnetically Levitated Left Ventricular Assist Device - Final Report. *N Engl J Med*. Vol. 380, №17. (2019).
3. Zhalbinova M.R., Rakhimova S.E., Kozhamkulov U.A. et al. Association of Genetic Polymorphisms with Complications of Implanted LVAD Devices in Patients with Congestive Heart Failure: A Kazakhstani Study. *J Pers Med*. Vol. 12, №5 (2022)
4. Chen Y., Kuehl G.E., Bigler J. et al. UGT1A6 polymorphism and salicylic acid glucuronidation following aspirin. *Pharmacogenetics and Genomics.* Vol.17, №8 (2007).

Pathogenic germline variant spectrum in colorectal cancer patients from Kazakhstan

Gulnur Zhunussova[1*], Saltanat Abdikerim[1,2], Nurlan Baltayev[3], Georgiy Afonin[4], Dilyara Kaidarova[4]

[1]*Institute of Genetics and Physiology, Almaty, 050060, Kazakhstan,*
[2]*Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, 050040, Kazakhstan,*
[3]*Almaty Oncology Center, Almaty, 050000, Kazakhstan,*
[4]*Asfendiyarov Kazakh National Medical University, Almaty 050012, Kazakhstan*

*Corresponding author: gulnur_j@mail.ru

Background: Colorectal cancer (CRC) is a highly heritable cancer with a strong genetic basis. In Central Asian countries such as Kazakhstan, data on the spectrum and prevalence of germline pathogenic variants (PV) among individuals with CRC remain limited. Comprehensive characterization of hereditary CRC in this population is essential for optimizing genetic screening and preventive strategies. This study aimed to address this gap by performing multigene panel testing in a Kazakhstani cohort of CRC patients and their relatives to better characterize genetic risk factors and to evaluate the clinical utility of cascade testing and surveillance.

Materials and methods: In this study, we performed gene panel NGS analysis of germline DNA targeting 94 established and candidate cancer-predisposing genes in 155 unrelated CRC patients and 92 of their healthy relatives. Identified variants were classified according to ACMG guidelines. Colonoscopy was performed for asymptomatic carriers of PVs, and clinical management and surveillance strategies were adapted based on colonoscopic findings.

Results: A total of 30 individuals (19.4%) carried 31 PVs. Overall, 34.2% of patients reported a family history of cancer, including 9.7% who had a family history of CRC. The most frequently observed germline PVs were in *CHEK2* (22.58%) and *APC* (12.91%), followed by *MLH1* (6.46%), *MSH2* (6.46%), *MSH6* (6.46%), *MUTYH* (6.46%), and *BRCA1* (6.46%). PVs in the remaining genes were detected in single cases. Missense and frameshift variants predominated. Among carriers of rare PVs, individuals aged 18–44 years were the predominant group (53.3%). Majority of mutational profiles in relatives aligned with the PVs identified in the corresponding CRC patients and 22.8% of healthy relatives.

Conclusion: The high prevalence of clinically actionable PVs in both patients and their relatives supports the implementation of multigene panel testing and cascade screening in Kazakhstan. This study expands the representation of Central Asian populations in CRC genetics research and provides a foundation for developing national hereditary cancer screening programs.

Keywords: colorectal cancer, next-generation sequencing, pathogenic variant, prevalence.

Establishing the evolutionary tree of the Kazakh horses based on Y chromosome data

Rakhim Kanat[1,2*], Yuliya Tugunova[1], Zagipa Sapakhova[1,2], Malika Shamekova[1], Kabyl Zhambakin[1]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*
[2]*Tanir Research Laboratory, Almaty, 050060, Kazakhstan*

*****Corresponding author: r.kanat@ipbb.kz

Background: The Kazakh horse is an important part of the Kazakh people's cultural heritage; it has evolved over thousands of years and is found throughout the territory of present-day Kazakhstan. Since its domestication around 5,500 years ago in the Eurasian steppes, the horse has been used as a model for studying evolution, genetics, and practical applications such as breeding and disease resistance. The high variability in mitochondrial DNA observed in many horse breeds from different geographic areas demonstrates that modern horse populations exhibit extremely low Y-chromosome genetic diversity.

Materials and methods: Long- and short-read sequencing of the genomes of indigenous Kazakh horse breeds Adai, Mugalzhar, Naiman, and Zhabe using nanopore sequencing, as well as DNBSEQ sequencing of the same breeds were used for further Y chromosome sequence extraction. DeepVariant and Clair3 were used to predict variants for the subsequent construction of phylogenetic trees using identified SNPs (RaxML). The time to their most recent common ancestor (TMRCA) was calculated using the mutation rate suggested by the available literature, and calibration was performed using the split between modern horses and Przewalski's horses with BEAST2.

Results: In this study, we resolve the first Y-chromosome pedigree of Kazakh horses by analyzing the specific Y-chromosome region (MSY) in long-read sequences from Adai, Zhabe, Mugalzhar, Naiman, and Przewalski's horses, including publicly available sequences from other European and Asian breeds. Y-chromosome extraction was performed using the Mongolian horse Y-chromosome sequence, based on long- and short-read sequencing, with subsequent reference-based assembly.

Conclusion: Error prone long read sequencing combined with accurate short read sequencing allowed to assemble highly contigious and precise Y chromosome of the horses that included important Y chromosome specific genes as well as repetetive regions. Results allowed to estimate divergence time of Kazakh breeds using calibration to Przewalski's horses genome.

Keywords: Kazakh horses, long-read sequencing, Y chromosome assembly, phylogeny.

Acknowledgement: This research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. BR22887106).

Current State of Genetic Diversity in Kazakh Sheep Breeds

Kirill Yanin[1,2], Rakhim Kanat[1,2], Dinara Begaliyeva[1,2], Zagipa Sapakhova[1,2], Malika Shamekova[1,2*]

[1]*Tanir Research Laboratory, Almaty, 050060, Kazakhstan*
[2]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*

*****Corresponding author: m.shamekova@ipbb.kz

Background: Sheep farming is one of the key sectors of animal husbandry in Kazakhstan, and local breeds - Degeres, Et merinos and Kazakh Coarse-Wooled Fat-Tailed - have been shaped over centuries by specific ecological and economic pressures. Conservation and rational use of the genetic resources of these breeds requires a detailed understanding of their population structure and levels of genetic diversity.

Materials and methods: In this study, whole-genome sequencing was performed on 1,669 animals from seven households representing three Kazakh sheep breeds: Degeres (DE, n = 507), Et merinos (EM, n = 648) and Kazakh Coarse-Wooled Fat-Tailed (KKG, n = 514). DNA was extracted from blood using the QIAGEN Blood & Tissue Kit, and sequencing libraries were prepared with the ONT Ligation Sequencing Kit (SQK-LSK114). Samples were sequenced on the PromethION platform (FLO-PRO114M, R10) for 48 hours, followed by base calling in Dorado v0.9.6 using the super-accurate model. Population genetic structure was assessed using principal component analysis (PCA), pairwise FST estimation, ADMIXTURE analysis, and Neighbor-Joining phylogenetic reconstruction.

Results: PCA of PC1 and PC2 showed clear separation of the three breeds: EM occupies a distinct position, while DE and KKG show partial overlap along PC2. Pairwise FST analysis showed minimal differentiation within the DE breed, indicative of a near-panmictic population. The highest FST values were recorded between EM and KKG (up to 0.0404). Phylogenetic analysis and admixture clustering confirmed the separation into three monophyletic groups corresponding to the breed groups.

Conclusion: The Kazakh sheep breeds DE, EM and KKG represent genetically differentiated populations with varying levels of within-breed diversity. The EM breed shows the greatest distinctiveness, consistent with its historical formation under isolated conditions. The high genetic cohesion within DE and KKG reflects effective selective breeding practices. The data obtained can be used to develop evidence-based programs for the conservation and genetic improvement of Kazakh sheep breeds.

Key words: genetic diversity, Kazakh sheep breeds, SNP genotyping, FST, population structure.

Acknowledgement: This research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. BR22885692).

References:

1. Kijas, J.W., Lenstra, J.A., Hayes, B. et al. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. *PLoS biology* **10(2),** e1001258 (2012).
2. Alexander, D.H., Novembre, J., Lange, K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome research* **19(9),** 1655-1664. (2009).
3. Price, A.L, Patterson, N.J., Plenge, R.M. et al. Principal components analysis corrects for stratification in genome-wide association studies. *Nature genetics* **38(8)**, 904–909 (2006).

The temperature of incubation during IVF impacts preimplantation development and offspring phenotype

Aliya Stanova*, Ludmila Gerlinskaya, Mikhail Moshkin

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, 630090, Russia

*Corresponding author: aliya.stanova@mail.ru

Background: Nowadays, *in vitro* fertilization is used not only in IVF clinics, but also when replicating farm animals, and creating and preservation of genetic collections of laboratory animals. The effects of incubation conditions on destabilization of individual development of embryo at the stage from fertilization to transplantation to surrogate mothers remain unclear. Embryos at the preimplantation stage of development are particularly sensitive to environmental variations [1]. This stage of embryonic development involves a number of epigenetic reprogramming events, including DNA methylation [2].

Materials and methods: The experiments were carried out on 10-14-week-old CD-1 mice of *SPF*-status. IVF was performed at 37°C. Zygotes were collected and transferred to certain temperature: 35°C, 37°C, and 39°C for 24 hours. A day later, embryos were transferred to 37°C. The embryos were monitored using *time-lapse* microscopy. Circadian phenotyping was conducted on 10-week-old male offspring using a Phenomaster system.

Results: Embryos of the 35ºC group showed enhanced variability in the size of blastomeres and DNA methylation level, as compared to the groups kept at 37ºC and 39ºC. This was associated with the highest rate of embryo death in 4- and 8-cell embryos, but the highest viability of newborns. In contrast, incubation at 39ºC did not significantly impact developmental dynamics and viability *in vitro*, but led to a notably higher rate of gestation failure compared to other groups. The indicators of the 37ºC group fell within an intermediate range. As for the offspring, the 37ºC group exhibited altered amplitudes in oxygen consumption rhythms and respiratory exchange ratios, as well as pronounced alterations in sleep–wake patterns. The 35ºC group displayed intermediate phenotypes, substantiating the importance of optimizing embryo incubation parameters.

Conclusion: We conclude that a decrease in temperature during ZGA highlights the adaptive potential of embryos during their initial cleavages. The partial mitigation of these effects through reduced culture temperature underscores the importance of optimizing IVF protocols to minimize long-term epigenetic and metabolic risks.

Acknowledgement: To the Center for Genetic Resources of Laboratory Animals of the Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics SB RAS for providing animals, access to equipment, and the opportunity to conduct the research.

Keywords: incubation temperature, *in vitro* fertilization, zygotic genome activation (ZGA), DNA methylation, reproduction

References:

1. Lee, M. T., Bonneau, A. R. & Giraldez, A. J. Zygotic genome activation during the maternal-to-zygotic transition. Annu. Rev. Cell Dev. Biol. 30, 581–613 (2014).
2. Santos, F., Hendrich, B., Reik, W. & Dean, W. Dynamic reprogramming of DNA methylation in the early mouse embryo. Dev. Biol. 241, 172–182 (2002).

Phylogenetic analysis of important flora genera in Kazakhstan

Saule Abugalieva*, Shyryn Almerekova, Moldir Yermagambetova, Yerlan Turuspekov

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan

*Corresponding author: absaule17@gmail.com

Kazakhstan, the ninth-largest country in the world by land area, is characterized by a rich and diverse flora. The flora of the country includes more than 6,000 species of higher plants, approximately 10% of which are endemic. The diversity of natural ecosystems, including steppes, deserts, and mountainous regions, contributes to the formation of unique floristic complexes with high species diversity.

Particular scientific interest is associated with genera such as *Allium*, *Iris*, *Tulipa*, *Salsola*, and *Juniperus*, which are distinguished by remarkable species diversity within Kazakhstan. To assess the phylogenetic relationships among representatives of these genera, Next-Generation Sequencing (NGS) methods were applied.

During the study, complete chloroplast genomes were obtained, and the corresponding nucleotide sequences were deposited in the international NCBI database. The resulting data were used to construct phylogenetic trees, assess molecular divergence, conduct biogeographic analyses, and identify candidate DNA barcoding markers and informative microsatellite loci suitable for phylogenetic and population genetic studies.

Thus, the results of the study expand current knowledge of the genomic diversity of key plant genera in Kazakhstan's flora and provide a foundation for further phylogenetic, phylogeographic, taxonomic, and comparative genomic research. In addition, the data obtained may be used to clarify the taxonomic status of species, investigate their evolutionary relationships, and develop scientifically grounded approaches to the conservation of plant genetic resources in Kazakhstan.

Acknowledgement: This study was supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (grants No. AP23490860, AP23483825, AP14870612, AP14869593, AP09259027, 0237/PCF-14, and AP05131621).

Genome-wide association analysis of pre-harvest sprouting resistance in spring wheat from contrasting regions of Kazakhstan

Akerke Amalova[1], Vladimir Chudinov[2], Yerlan Turuspekov[1*]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan*
[2]*Karabalyk Agricultural Experimental Station, Karabalyk, Kostanay, Kazakhstan*

* Corresponding author: yerlant@yahoo.com

Background: Pre-harvest sprouting (PHS) is a critical constraint in wheat production, causing significant reductions in yield, grain quality, and end-use properties. In 2023, Kazakhstan experienced severe PHS due to prolonged rainfall, affecting approximately 2.7 million hectares (15% of the harvested area). Regional losses varied markedly, reaching 20% in Kostanay and up to 60% in Karaganda. These conditions underline the urgency of developing resistant cultivars and improving understanding of the complex mechanisms governing PHS tolerance, including seed dormancy, enzymatic activity, grain characteristics, and spike morphology.

Materials and Methods: A total of 270 spring bread wheat accessions were evaluated under field conditions in two contrasting environments, Kostanay and Almaty regions, during the 2024 growing season. Twelve agronomic and physiological traits were measured. Resistance to PHS was assessed using two complementary methods: germination of grains within intact spikes under controlled environmental conditions and germination of isolated grains in Petri dishes. Genome-wide association study (GWAS) was conducted for all studied traits using 9,212 polymorphic SNP markers to identify genomic regions associated with PHS and related characteristics.

Results: Substantial phenotypic variation was observed among accessions and between environments. In Almaty, 53 genotypes were classified as resistant, 144 as moderately resistant, and 72 as susceptible, whereas in Kostanay the respective numbers were 59, 160, and 50. Nineteen genotypes demonstrated stable resistance across both regions, indicating high adaptability and breeding value. Seed dormancy patterns differed between environments, with a higher proportion of strongly dormant genotypes in Almaty and an increase in moderate dormant genotypes in Kostanay, suggesting environmental influence on dormancy expression. GWAS identified 56 quantitative trait loci (QTLs) associated with PHS resistance and germination index, including 33 detected in the southeastern region and 14 in the northern region.

Conclusion: The results highlight extensive diversity in PHS response and confirm the strong effect of environmental conditions on trait expression. Stable resistant genotypes identified in this study represent valuable resources for breeding programs, while susceptible lines warrant further genetic and physiological investigation.

Funding: This research was supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP22785823**).**

Keywords: bread wheat, genome-wide association study, pre-harvest sprouting.

Features of sugar accumulation in the stalk juice of sweet sorghum hybrids

Ekaterina Cherkasova*, Oksana Kibalnik

Russian Research and Design-Technological Institute of Sorghum and Corn, Saratov, 410050, Russia

*Corresponding author: 22cherkasova@gmail.com

Background: One of the strategies in sorghum breeding is the creation of heterotic hybrids based on cytoplasmic male sterility (CMS). CMS can significantly influence the expression of various breeding traits [1]. The aim of this research was to study the influence of genotype and panicle grain content on the sugar content in the stalk juice of hybrids based on A3 cytoplasm.

Materials and methods: F1 sweet sorghum hybrids derived from the A3 CMS line and their parental forms were sown in duplicate in the experimental field of the "Rossorgo" in 2025. Sugar content in stalk juice was determined using a refractometer RL-2.

Results: A two-factor analysis of variance (factor A = genotype, factor B = panicle grain content) revealed significant differences between hybrids and seedless plants and plants with grained panicle. Factor B had the greatest impact on sugar content (73.5%), factor A − 10.1%. F1 hybrids that did not produce seeds synthesized 6.63% more total sugar in stalk juice than the corresponding hybrids with grained panicles. Sugar content also depended on the genotype of the paternal form: the amplitude of variability of the trait between seedless and seeded plants A3 Zheltozernoe 10/k-50 and A3 Zheltozernoe 10/k-1371 reached 11.0-11.7%, while for A3 Zheltozernoe 10/k-166 and A3 Zheltozernoe 10/L-31 the difference was only 1.0-2.8%.

Conclusion: Seedless sweet sorghum hybrids based on A3 cytoplasm enable the accumulation of high sugar content in the stalk. Stem assimilates are not expended on seed formation, which affects sugar accumulation [2]. Studies on sorghum [3, 4] and other crops have shown similar results [5, 6]. The low frequency of A3 cytoplasm fertility restorers facilitates the successful use of this cytoplasm in the breeding of sweet sorghum to increase the sugar content in the stalk.

Acknowledgement: The work was carried out within the framework of State Assignment No. 124020300044-6 of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation.

Keywords*:* sweet sorghum, CMS type A3, sugar content

References:

1. Kibalnik, O.P., Elkonin, L.A. Influence of different types of sterile cytoplasms (A3, A4, 9E) on the combining ability of CMS lines of sorghum. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding* **24** (6), 549-556 (2020).

2. Pfeiffer, T.W. Bitzer, M.J., Toy, J.J., Pedersen, J.F. Heterosis in sweet sorghum and selection of a new sweet sorghum hybrid for use in syrup production in Appalachia. *Crop Science* **50**, 1788-1794 (2010).

3. Kering, M.K., Temu, V.W. & Rutto, L.K. Nitrogen fertilizer and panicle removal in sweet sorghum production: effect on biomass, juice yield and soluble sugar content. *Journal of Sustainable Bioenergy Systems* **7**, 14-26 (2017).

4. Phipps, R.H., McAllan A.B. & Weller R.F. The development of plant components in isogenic sterile and fertile forage maize and their effects on carbohydrate composition, nutritive value, in vivo digestibility values and animal performance with fresh and ensiled crops. *The Journal of Agricultural Science* **102**, 443-453 (1984).

5. Rajendran, C., Ramamoorthy, K. & Backiyarani, S. Effect of deheading on juice quality characteristics and sugar yield of sweet sorghum. *Journal of Agronomy and Crop Science* **185,** 23-26 (2000).

6. Jebril, J., Wang, D., Rozeboom, K., Tesse, T. The A3 cytoplasm mediated male sterility increased biomass, soluble solids, and total sugar in sweet sorghum hybrids. *Industrial Crops and Products* **171**, 113933 (2021).

Селекция зерновых культур на Карабалыкской СХОС

Владимир Чудинов

ТОО «Карабалыкская СХОС», с. Научное, Казахстан
ch.den@mail.ru

Селекция зерновых культур на Карабалыкской СХОС велется по яровой мягкой и твердой пшенице. озимой мягкой пшенице и яровому ячменю. В современный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию в Республике Казахстан входят 2 сорта озимой мягкой пшеницы, 10 сортов яровой мягкой, 7 сортов яровой твердой пшеницы и 13 сортов ярового ячменя селекции Карабалыкской СХОС. Общая занимаемая площадь под этими сортами по Казахстану составляет более 2,5 млн га, наиболее распространенным является сорт мягкой пшеницы «Айна» с посевной площадью под ним, равной 927 000 га. К последним разработкам относятся сорта яровой мягкой пшеницы «Кудесница» 2025 года, «Хазрет» и «Токаш» 2026 года районирования.

Основным методом создания селекционного материала является внутривидовая гибридизация. Благодаря благоприятному географическому расположению и климатическим условиям опытной станции, процент завязываемости гибридных зерен достигает 60% по ячменю и 50-55% по пшенице.

В создании сортов пшеницы устойчивых к экономически значимым болезням, таким как бурая и стеблевая ржавчины, используются синтетитческие линии полученные от скрещиваний пшеницы и ее дикими сородичами. Результатом использования в селекции синтетических линий может служить сорт «Кудесница» полученный из комбинации LUTESCENS 30-94/3/T.DICOCCON PI94625/AE.SQUARROSA (372)//3*PASTOR. Изучение 80 комбинаций скрещивания, полученных на Карабалыкской СХОС с участием синтетических линий, позволило нам сделать вывод, что простые парные скрещивания не дают высокой зерновой продуктивности полученных селекционных линий в сравнении со стандартными сортами. Для получения результата необходимо проводить сложные скрещивания на протяжении нескольких лет.

В основе челночной селекции пшеницы лежит всестороннее изучение селекционного материала, полученного из центра СИММИТ, проведение отбора внутри полученных гибридных популяций, испытание по полной схеме селекционного процесса. В настоящее время в работе находятся 300 сортообразцов яровой мягкой пшеницы полученные из СИММИТ. Методом челночной селекции созданы такие сорта как «Айна», «Кудесница», «Токаш», все перечисленные сорта пшеницы имеют высокую устойчивость к ржавчинным болезням.

Использование в селекции молекулярно-генетических методов начато нами совместно с Институтом биологии и биотехнологии растений (г. Алматы), а также в сотрудничестве с группой Д-ра Джесси Поланда в университете КАУСТ (Университет науки и технологий им. короля Абдуллы, г. Джедда, Саудовская Аравия). В результате проведенных исследований в Институте биологии и биотехнологии растений выделены перспективные линии ячменя и пшеницы на основе наличия аллелей ДНК-маркеров с положительным эффектом. Группой Д-ра Джесси Поланда было прогенотипировано 294 линии селекционного питомника 2-го года, рассчитана НЛНО – Наилучшая Линейная и Геномная расчётная Селекционная Ценность (ГРСЦ), что позволило улучшить качество отбора.

Unlocking Genetic Potential: Association Mapping for Improved Barley Breeding in Kazakhstan

Yuliya Genievskaya, Saule Abugalieva, Yerlan Turuspekov*

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan

*Corresponding author: yerlant@yahoo.com

Background: Barley (*Hordeum vulgare* L.) is the second most important cereal crop in Kazakhstan by production and a key component of food, feed, and malting industries. Its improvement requires integrative approaches to address complex traits shaped by genetic and environmental interactions.

Materials and methods: This study summarizes genome-wide association studies (GWAS) conducted on a diverse panel of two-row spring barley (273 accessions) originating from the USA, Kazakhstan, Europe, Africa, and the Middle East. High-density SNP genotyping (9K–50K arrays; up to 31,834 polymorphic markers), combined with multi-environment field trials and controlled phenotyping, enabled the dissection of key agronomic traits. All studies were performed in collaboration with barley breeders and phytopathologists from five institutions in Kazakhstan.

Results: For adaptability traits, 95 quantitative trait loci (QTLs) were identified, including 37 novel loci and three pleiotropic hotspots on chromosomes 1H, 3H, and 6H. For productivity traits, 93 stable QTLs were detected across three years, including 8 presumably novel loci with major effects on yield components. For grain quality traits, 56 QTLs were identified, including 14 novel loci associated with protein, starch, extractivity, and test weight. For biotic stress resistance, 85 QTLs were identified, including 43 novel loci: 59 for net form net blotch (25 novel), 19 for stem rust (including a major novel locus on 5H), and 7 for powdery mildew (5 novel). Integration of GWAS with haplotype and transcriptomic analyses enabled the identification of candidate genes involved in stress response, metabolism, and plant development. A total of 203 KASP/PACE markers were developed for key traits.

Conclusion: The identified QTLs and developed markers provide a robust toolkit for marker-assisted selection, facilitating the pyramiding of favorable alleles and accelerating the development of high-yielding, high-quality, and stress-resilient barley cultivars adapted to Kazakhstan.

Acknowledgement: This research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Project AP23485118 and Program BR24992903).

Keywords: GWAS, QTL, SNP genotyping, marker-assisted selection.

Повышение эффективности индукции эмбриоидов и регенерации в культуре пыльников пшеницы для получения гаплоидов

Алмагуль Какимжанова*, Айдана Нұртаза

ТОО «Национальный центр биотехнологии», Астана, 010000, Казахстан

*Автор-корреспондент: kakimzhanova@biocenter.kz

Культура пыльников является важным инструментом ускоренного получения удвоенных гаплоидов у пшеницы, однако её эффективность в значительной степени определяется генотипом, режимом предобработки и составом питательной среды. Целью исследования была оптимизация индукции эмбриоидов и последующей регенерации растений у яровой пшеницы.

В работе изучены три генотипа яровой пшеницы: отзывчивый контрольный сорт Pavon 76 и две гибридные линии казахстанской селекции – 34/32 и 58/56. Исследовано пять режимов предобработки: холодовая, тепловая, осмотическая, холодо-осмотическая и холодо-тепловая. Пыльники культивировали на средах N6, C17 и MS с 2,5 мг/л 2,4-D и 0,5 мг/л кинетина. Эмбриоиды переносили на регенерационные среды MS без гормонов, MS с 0,5 мг/л БАП и 0,5 мг/л ИУК, а также MS с 0,5 мг/л кинетина и 0,5 мг/л НУК.

Комбинированные предобработки у всех генотипов были эффективнее отдельных стрессовых воздействий. Наиболее перспективными комбинациями являются холодо-тепловая предобработка на среде N6 с 2,5 мг/л 2,4-Д и 0,5 мг/л кинетином для Pavon 76 (36 эмбриоидов) и 58/56 (25,33 эмбриоидов), а также холодо-тепловая предобработка на среде C17 с 2,5 мг/л 2,4-Д и 0,5 мг/л кинетином для линии 34/32 (30,67 эмбриоидов). Более того, комбинированные предобработки также повышали долю морфотипа III. На этапе регенерации наибольшая эффективность была достигнута на средах MS с добавлением регуляторов роста. У Pavon 76 максимальное число регенерантов получено на среде MS с 0,5 мг/л БАП и 0,5 мг/л ИУК – 31 растений. Высокий эффект также обеспечивала среда с 0,5 мг/л кинетина и 0,5 мг/л НУК, где у линий 34/32 получено 24 регенеранта, а у генотипа 58/56 получено 17 регенерантов.

Холодо-тепловая и холодо-осмотическая предобработки в сочетании с генотип-специфическим подбором среды повышают эффективность андрогенеза у пшеницы, однако регенерационная способность также остаётся выраженно генотип-зависимой.

Благодарности: Работа выполнена в рамках научно-технической программы BR24992903 «Практическое внедрение современных молекулярно-генетических, физиолого-биохимических, биотехнологических методов и цифрового фенотипирования в селекцию экономически значимых сельскохозяйственных культур» на 2024-2026 годы при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

Ключевые слова: яровая пшеница, культура пыльников, андрогенез, индукция эмбриоидов, стрессовая предобработка.

Список источников:

1. Dubas, E., Janowiak, F., Krzewska, M., Hura, K., Żur, I. Microtubule organization changes severely after mannitol and n-butanol treatments inducing microspore embryogenesis in bread wheat. *BMC Plant Biology* **21**, 586 (2021).

2. Lazaridou, T. B., Mavromatis, A. G., Xynias, I. N. Effect of culture medium and mannitol pre-treatment on durum wheat anther culture response. *Cytology and Genetics* **55**, 590–597 (2021).

3. Springer, A., Aydin, M., Schmücker, A. et al. Induction of microspore embryogenesis in bread wheat by mannitol pre-treatment is associated with the disruption of endogenous hormone balance and substantial accumulation of auxins. *BMC Plant Biology* **25**, 370 (2025).

4. Touraev, A., Pfosser, M., Heberle-Bors, E. The microspore: a haploid multipurpose cell. *Advances in Botanical Research* **35**, 53–109 (2001).

5. Zheng, M. Y. Microspore culture in wheat (*Triticum aestivum*) – doubled haploid production via induced embryogenesis. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* **73**, 213–230 (2003).

Создание интродукционного питомника левзеи сафлоровидной (*Rhaponticum carthamoides* (Willd.) Iljin) в Северном Казахстане

Д. Тагиманова[1, 2], О. Райзер[1], Н. Филиппова[3], О. Хапилина[1*]

[1]*ТОО "Национальный центр биотехнологии", Астана, 010000, Казахстан*
[2]*КазАТИУ им. С.Сейфуллина, Астана, 010000, Казахстан*
[3]*ТОО «НПЦ ЗХ им. А.И.Бараева, п. Научный, 021600, Казахстан*

*Автор-корреспондент: oksfur@mail.ru

Левзея сафлоровидная (*R. carthamoides*) является ценным лекарственным растением, продуцентом экдистероидов с гепатопротекторным, гипогликемическим и адаптогенным действием, применяемым при сердечно-сосудистых, нейродегенеративных и метаболических заболеваниях. Его экстракты содержат около 200 биологически активных соединений и отличаются низкой токсичностью. Однако из-за неконтролируемого сбора и антропогенного воздействия природные популяции деградируют, поэтому вид занесён в Красную книгу Казахстана. Для сохранения вида и обеспечения фармацевтической промышленности качественным сырьём левзеи сафлоровидной необходимо организовать плантационное выращивание, в основе которого лежит формирование интродукционного питомника с последующей селекцией ценных хемотипов, характеризующихся высокой продуктивностью и стабильным содержанием биологически активных веществ.

В местах естественного произрастания проведён сбор семян у растений *R. carthamoides*, отличающихся высокой мощностью развития, хорошей облиственностью и отсутствием признаков поражения фитопатогенными микроорганизмами. Семена использовали как для получения эксплантов и последующего микроклонального размножения, так и непосредственно в качестве посевного материала. Агротехника и уход за растениями осуществляли в соответствии с рекомендациями ВИЛАР (2021).

Оценка эффективности различных подходов к созданию питомника показала, что использование растений-регенерантов более эффективно в сравнении с семенным материалом, т.к. в условиях засушливого климата семена левзеи имели низкую всхожесть. Растения-регенеранты обеспечили 100% приживаемость в первый год, сформировали мощную прикорневую розетку листьев высотой 65–84 см, а на второй год достигли урожайности зелёной массы 9,8–11,0 ц/га, при этом цветение отмечено у 80% растений. Анализ с использованием высокоэффективной жидкостной хроматографии (ВЭЖХ) на системе Agilent 1200 Series показал стабильность спектров у различных линий регенерантов, при этом содержание 20-гидроксиэкдизона варьировало от 9,08 до 9,26 мг/мл.

Таким образом, использование различных подходов к созданию интродукционного питомника левзеи сафлоровидной позволяет сформировать искусственную популяцию с более стабильными биохимическими характеристиками, для последующей селекции ценных форм.

Благодарности: Работа выполнена при поддержке Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан (BR28713087).

Evaluation of drought resistance of F1 hybrids of grain and sweet sorghum based on A3, A4 and 9E cytoplasm

Oksana Kibalnik*, Ekaterina Cherkasova

Russian Research and Design-Technological Institute of Sorghum and Corn, Saratov, 410050, Russia

*Corresponding author: kibalnik79@yandex.ru

Background: Drought and high temperatures are abiotic stressors that impact crop productivity and lead to significant yield losses [1-4]. Changing climate conditions necessitate expanding the area sown with stress-resistant field crops, such as sorghum, which has tolerance to prolonged droughts with minimal yield losses compared to wheat and barley [5]. The development of hybrids with highly adaptive properties will help reduce the negative impacts of abiotic stressors.

Materials and methods: In this work, we investigated F1 hybrids based on CMS lines with the Zheltozernoye 10 genome on the A3, A4 and 9E cytoplasms. The pollinators were selection lines of grain (L-65/14, L-50/14) and sweet (L-67/13) sorghum. The parental forms and F1 hybrids were grown in the experimental field of the "Rossorgo" in 2023 and 2025. The parameters of the leaf water regime and the permeability of cell membranes were determined in the main stages of development according to generally accepted methods [6, 7].

Results: Determination of leaf tissue water content, leaf water deficit, and cell membrane permeability showed that CMS sorghum lines (A3, A4, and 9E Zheltozernoye 10) had average drought resistance, while pollinator lines (L-65/14, L-50/14) had high resistance. The most sensitive phases for grain sorghum hybrids are the "flowering" and "milky-wax ripeness" stages, and for sweet sorghum – "flowering". Water content decreased with plant development, and in the "flowering" and "milky-wax ripeness" stages it was 70.53-71.58%; water deficit indices had higher values in the "milky-wax ripeness" stage (10.08-16.44%), and the degree of cell membrane damage – in the "flowering" stage (23.74-36.75%). A4 cytoplasm in hybrids with the line L-50/14 during the flowering phase had a significant effect on water deficit (5.89%) compared to A3 cytoplasm (10.59%). These results are important for breeding to develop drought-resistant sorghum hybrids, and the parameters used can serve as diagnostic criteria for parental forms and hybrids with increased stress resistance.

Acknowledgement: The work was carried out within the framework of State Assignment No. 124020300044-6 of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation.

Keywords: drought, sorghum, CMS, hybrid, tissue hydration, water deficit, cell membrane permeability

References:

1. Amelework, B., Shimelis, H., Tongoona, P., Laing M. Physiological mechanisms of drought tolerance in sorghum, genetic basis and breeding methods: a review. *African Journal Agricultural Research*. **10** (31), 3029-3040 (2015).
2. Azarinasrabad, A., Mousavinik, S.M., Galavi, M., Beheshti, S.A., Sirousmehr A. Evalution of Water Stress on Yield, Its Components and Some Physiological Traits at Different Growth Stages in Grain Sorghum Genotypes. *Notulae Scientia Biologicae*. **8** (2), 204-210 (2016).
3. Galicia-Juárez, M., Zavala-García, F., Sinagawa-García, S.R., Gutiérrez-Diez, A., Williams-Alanis H., Cisneros-López, M.E. Valle-Gough Identification of Sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) Genotypes with Potential for Hydric and Heat Stress Tolerance in Northeastern Mexico. *Planta*. **10**, 2265 (2021).
4. Zargar, M., Bodner, G., Tumanyan, A., Plushikov, V., Pakina, E., Shcherbakova, N., Bayat M. Productivity of various barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars under semi-arid conditions in southern Russia. *Agronomy research*. **16**(5), 2242-2253 (2018).
5. Кибальник, О.П., Ларина, Т.В., Каменева, О.Б. Селекционная ценность засухоустойчивых стерильных линий сорго. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. **24**(2), 187-193 (2023).
6. Диагностика устойчивости растений к стрессовым воздействиям: (методические указания)/ под ред. Г.В. Удовенко. – Л.: ВИР, 1988.–227с.
7. Гришенкова, Н.Н., Лукаткин, А.С. Определение устойчивости растительных тканей к абиотическим стрессам с использованием кондуктометрического метода. *Поволжский экологический журнал*. **1,** 3-11 (2005).

Integrated genotyping and breeding assessment of wheat germplasm under contrasting environmental conditions in Kazakhstan

Alma Kokhmetova*, Zhenis Keishilov, Madina Kumarbaeva, Ardak Bolatbekova, Makpal Nurzhuma, Aidana Kharipzhanova, Kanat Bakhytuly, Assiya Kokhmetova, Kanat Mukhametzhanov

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan

*Corresponding author: gen_kalma@mail.ru

Background: Climate change necessitates the improvement of drought tolerance and yield stability in wheat through comprehensive evaluation of genetic resources across diverse agroecological environments. This study aimed to assess spring wheat germplasm from the international KASIB nursery under contrasting conditions of Kazakhstan (Almaty and Kostanay regions).

Materials and methods: A total of 124 wheat accessions were phenotyped for yield performance, drought tolerance index (DSI), normalized difference vegetation index (NDVI), morphological traits, and resistance to leaf rust. Field trials were conducted in contrasting environments. Additional analyses included morphological screening, phytopathological evaluation, correlation analysis, and molecular characterization using functional markers (Vrn, Ppd, Dreb1, Lr).

Results: In the Almaty region, 22 high-yielding accessions and 64 immune (IT-0) lines to leaf rust were identified. High NDVI values (0.50–0.83) were observed in 72 accessions, with 27 combining high biomass and drought tolerance. In Kostanay, 59 accessions showed combined resistance, drought tolerance, and productivity, including 37 with high NDVI (0.55–0.67). Morphological traits, particularly moderate peduncle length and high spike exertion, were associated with better adaptation. Screening revealed carriers of the dominant Hg gene linked to drought tolerance. A total of 45 lines were resistant to leaf rust. Strong positive correlations were found between grain number per spike and grain weight (R=0.812), and between thousand grain weight and grain weight per spike (R=0.511). Molecular analysis identified key adaptive genes: *Vrn1* (6 lines), *Ppd* (7), *Dreb1* (4), and *Lr* genes (*Lr10, Lr29, Lr68*). Several lines carried 1BL/1RS translocations and the *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* complex. Eight lines outperformed standard cultivars.

Conclusion: Significant genetic variability was identified, and promising genotypes combining high productivity, drought tolerance (DSI ≤ 0.50), and disease resistance were selected, providing valuable donors for wheat breeding. The integration of phenotypic, morphological, and molecular markers demonstrated in this study offers a robust framework for accelerating climate-resilient wheat breeding and enhancing yield stability under increasingly variable environmental conditions.

Acknowledgement: This study was supported by the Ministry of Education and Science of the Republic of Kazakhstan (Grant No. BR28712539).

CRISPR/Cas9-опосредованный мутагенез генома картофеля

Шуга Манабаева

Национальный центр биотехнологии, Астана, Казахстан
manabayeva@biocenter.kz

Технология CRISPR/Cas9 является современным и высокоэффективным инструментом направленного редактирования генома растений, позволяющим получать целевые мутации в заданных участках ДНК. В последние годы она активно применяется для улучшения хозяйственно ценных признаков сельскохозяйственных культур, включая картофель (*Solanum tuberosum* L.), который является одной из важнейших продовольственных культур в мире.

Целью настоящего исследования являлась оценка эффективности CRISPR/Cas9-опосредованного мутагенеза генома картофеля с использованием одиночных и множественных направляющих РНК (gRNA). В качестве модели был выбран ген gbss (granule-bound starch synthase), ответственный за синтез амилозы в клубнях.

Для проведения редактирования были сконструированы экспрессионные векторы, содержащие Cas9 и gRNA, нацеленные на три участка первого экзона гена gbss. Генетическая трансформация осуществлялась методом *Agrobacterium*-опосредованной трансформации с использованием различных эксплантов (междоузлия и листья) у сортов картофеля Астаналык, Аксор и Тохтар. Регенерированные растения анализировали с применением молекулярно-генетических методов, включая ПЦР, CAPS-анализ, секвенирование по Сэнгеру и RT-qPCR.

Полученные результаты показали, что применение множественных gRNA значительно повышает эффективность мутагенеза по сравнению с одиночными направляющими. В мутантных линиях были обнаружены различные типы мутаций, включая делеции, вставки и точечные замены нуклеотидов в целевых участках. Эти изменения часто приводили к сдвигу рамки считывания и формированию преждевременных стоп-кодонов, что обеспечивало нокаут гена gbss. В результате были получены три- и тетрааллельные мутанты, полностью утратившие функцию исследуемого гена. Анализ экспрессии показал отсутствие транскрипта gbss в мутантных линиях, что подтверждает успешность геномного редактирования. Изменение состава крахмала было подтверждено с помощью йодной реакции, продемонстрировавшей переход от амилозосодержащего к амилопектиновому типу крахмала.

Таким образом, CRISPR/Cas9-опосредованный мутагенез является эффективным инструментом для направленного изменения генома картофеля. Использование множественных направляющих РНК позволяет существенно повысить частоту мутаций и получать стабильные нокаут-линии, что открывает перспективы для создания сортов с улучшенными технологическими и промышленно значимыми свойствами.

Early-Generation Selection of Potato Breeding Lines for the Processing Industry

Zagipa Sapakhova[1,2*], Dmitriy Volkov[1], Ainash Daurova[1], Alexander Sidorik[3], Malika Shamekova[1], Kabyl Zhambakin[1]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*
[2]*Tanir Research Laboratory, Almaty, 050060, Kazakhstan*
[3]*Olzha Agro LLP, Qostanai, 110002, Kazakhstan*

*****Corresponding author: z.sapakhova@ipbb.kz

Background: Potato is the third most important food crop worldwide due to its wide adaptability, high yield potential, and significant nutritional value. The aim of this study was to conduct potato breeding for cultivation in Kazakhstan, focusing on varieties suitable for different processing purposes: chip production in the northern regions and frozen French fries' production in the southern and south-eastern regions.

Materials and methods: Reference potato varieties (Fontane, Santana, and Punchy) were used to validate molecular markers associated with maturity, tuber shape, and flesh color. A total of 42 breeding lines derived from a cross between Yagodnyi 19 and CIP clone 397079-6 were evaluated to identify promising genotypes. The research was conducted during 2023–2024 under greenhouse conditions.

Results: Based on molecular marker analysis and phenotypic evaluation, 21 breeding lines were identified as promising candidates for further breeding. Most of these lines exhibited round tuber shapes and were considered suitable for chip processing. Three breeding lines showed a long-oval tuber shape, indicating suitability for French fry production. Additionally, six breeding lines with short-oval and oval tuber shapes were identified as appropriate for table potato processing.

Conclusion: Molecular and phenotypic analyses identified 21 promising potato breeding lines with traits suitable for different processing purposes. Most lines showed round tubers appropriate for chip production, while several lines were suitable for French fries and table potato use. Further studies using additional molecular markers and backcrossing are recommended to stabilize desirable traits and improve the suitability of these lines for cultivation and processing in different regions of Kazakhstan.

Keywords: potato breeding, marker-assisted selection, maturity, tuber shape, flesh colour.

Acknowledgement: This research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. BR28712539).

Comprehensive assessment of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) collection material on productivity and adaptability under the Kyzylorda region

L. Tokhetova[1], S. Abugalieva[2], Y. Turuspekov[2], G. Baimbetova[1], N. Sultan[3]

[1]*Kazakh Research Institute of Rice Growing named after Ibrai Zhakhaev, Kyzylorda, 120008, Kazakhstan*
[2]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*
[3]*Korkyt Ata Kyzylorda University, Kyzylorda, 120014, Kazakhstan*

*Corresponding author: lauramarat_777@mail.ru

Background. Global warming is having a noticeable impact on the climate of the Kyzylorda region, accompanied by an increase in the frequency of droughts and a worsening water shortage. Therefore, in this region, where rice cultivation traditionally predominates, it is becoming necessary to diversify cropland by including grain and fodder crops that can adapt to saline soils and limited water resources [1].

Materials and methods. The following materials were used for the study: 273 samples of spring barley from the collection of the Institute of Plant Biology and Biotechnology and 25 hybrid populations. The formation of breeding nurseries for testing was carried out according to the "Arpa Comprehensive Program" methodology [2]. Phenological observations and biometric analysis were performed according to the VIR methodology [3]. Statistical processing of yield data was performed according to Dospekhov [4].

Results. As a result of a comprehensive assessment of 273 spring barley varieties from the collection of the Institute of Plant Biology and Biotechnology, 50 promising numbers were selected based on economically valuable traits and included in the working collection. In 2025, barley yield formation took place under conditions of severe moisture deficit and high temperatures, especially during the critical tillering-booting phase, which led to reduced tillering, limited development of generative organs, and a shorter growing season. The yield of the collection material varied widely, from 44 to 438 g/m², which indicates significant genetic and ecological differentiation of the samples in terms of their ability to produce a yield in arid conditions. Taking into account a set of economically valuable traits, the following samples were selected: QB146, QB246, QB247, QB057, QB252, QB262, QB051, QB046, QB044, QB069 — leaders in yield, as well as stable and adaptive forms: QB002, QB021, QB041, QB230, QB265, QB267, QB118, QB117, QB45. Of particular interest are the promising F8 spring barley populations: 13/06-205K2 (22.9 c/ha), 13/06-123K (22.8 cwt/ha) and 9/06-4K (22.4 c/ha), which exceeded the standard variety in yield by 5.0 c/ha and more. They demonstrated the ability to form a yield even in conditions of moisture deficiency and elevated temperatures, which makes them valuable sources of drought resistance and plasticity traits.

Conclusion: This research is focused on creating high-yielding barley varieties that are adapted to the conditions of increasing climate aridization and abiotic stresses, including moisture deficiency, high temperatures, and secondary soil salinization. As part of the research conducted in 2025, a new spring barley variety, Batyrkhan, was submitted for state variety testing in the Republic of Kazakhstan. This variety combines high productivity and adaptability, making it promising for introduction in the arid and saline conditions of the Kazakhstan Aral sea region.

Acknowledgement. The research was carried out within the framework of the program-targeted funding of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan BR24992903 "Practical implementation of modern molecular-genetic, physiological-biochemical, biotechnological methods and digital phenotyping in the selection of economically significant agricultural crops", 2024-2026.

Key words: barley, adaptability, drought tolerance, collection samples, hybrid populations

References:

1. Tokhetova, L., Toktamysov, A., Makhmadjanov, S., Baimbetova, G., Zhumadilova, Zh. Selection for barley seed quality increase in Kazakhstan environment. *Plant Breed. Biotech.* 11(3), 185–196 (2023). https://doi.org/10.9787/PBB.2023.11.3.185

2. Comprehensive program for barley breeding for the activity zone of the Eastern Breeding Center "Arpa". Almaty (1983).

3. Loskutov, I.G. (ed.). Guidelines for the study and conservation of the world collection of barley, oats and rye, 5th ed. VIR, Saint Petersburg (2024).

4. Dospekhov, B.A. Methods of field experiment. Kolos, Moscow (1973).

Phenotypic Trait–Based Classification of Salt and Drought Tolerance in the Kazakhstan Cotton Collection

Dilnur Tussipkan

National Center for Biotechnology, Astana, 010000, Kazakhstan
tussipkan@biocenter.kz

Cotton is an important industrial crop worldwide and upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) is most widely cultivated in the world. Cotton production faces a major threat from drought stress due to the ever-increasing water deficit. The Turkestan region is a cotton-growing zone in South Kazakhstan and the northernmost cotton-growing area in the world.

This study aimed to classify salt- and drought-tolerant groups within the Kazakhstan cotton collection based on key phenotypic traits. *G. hirsutum* genotypes were evaluated under controlled conditions using sodium chloride (NaCl) and polyethylene glycol (PEG-6000). The optimal morphophysiological traits were analyzed.

As a result of the study, increasing NaCl and PEG levels reduced vegetative growth, while germination remained relatively stable under moderate stress. Regression analysis identified 200 mM NaCl as the optimal salinity level, while 20–30% PEG was optimal for drought differentiation. Genotypes were grouped into five tolerance categories: highly tolerant, tolerant, moderately tolerant, susceptible, and highly susceptible and some showed high tolerance to both stresses, indicating strong breeding potential. Additional lines exhibited combined tolerance, Principal component analysis revealed an inverse relationship between salt and drought tolerance, suggesting stress-specific adaptation.

In summary, studying local varieties is essential for unlocking the genetic potential of these varieties, preserving genetic diversity, and developing crops that are well-adapted to local conditions. This approach contributes to the sustainable and resilient improvement of agricultural systems worldwide.

Genomic Approaches for Identifying Markers Associated with Agronomic and Quality Traits in Soybean

Alibek Zatybekov[1], Svetlana Didorenko[2], Saule Abugalieva[1], Yerlan Turuspekov[1]*

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*
[2]*Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing, Almalybak, 040909, Kazakhstan*

*Corresponding author: yerlant@yahoo.com

Recent advances in genomic technologies have significantly enhanced the understanding of the genetic architecture underlying agronomic performance and seed quality traits in soybean (*Glycine max*). The body of work by Zatybekov and co-authors integrates genome-wide association studies (GWAS), whole-genome resequencing, and molecular marker analyses to dissect complex traits relevant to breeding in Kazakhstan and beyond.

Across multiple studies, diverse soybean panels ranging from 108 to 694 accessions were evaluated using high-density SNP datasets (4,651 to 80,971 markers). GWAS analyses consistently identified significant marker–trait associations (MTAs) for key agronomic traits including flowering time, plant height, number of fertile nodes, seed number, thousand seed weight, and yield. In earlier work, 56 stable QTNs were detected, with 36 considered novel, highlighting the importance of population size and diversity in association mapping. Subsequent studies expanded these findings, identifying 42 MTAs linked to adaptation traits across multiple environments, with many loci co-localizing with previously reported QTLs.

More recent GWAS integrating multi-year phenotypic data and 44,385 SNPs identified 38 stable MTAs for seed protein content, oil content, and yield components, including 15 novel loci with potential pleiotropic effects. These results demonstrate strong genotype, environment, and genotype × environment interactions, with high heritability observed for seed quality traits.

Complementary diversity analyses using SSR markers and large-scale resequencing revealed a relatively narrow genetic base in Kazakhstani soybean germplasm, despite detectable population structure and clear differentiation between wild and cultivated accessions. This limited diversity underscores the need for introgression of novel alleles from exotic and wild germplasm to enhance breeding efficiency.

Collectively, these studies demonstrate that integrative genomic approaches are highly effective for identifying robust genetic loci controlling agronomic and quality traits in soybean. The identified MTAs and genomic insights provide a valuable foundation for marker-assisted selection and the development of high-yielding, high-quality cultivars adapted to diverse environments.

Acknowledgement: The research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Program No BR24992903).

k-mer-Based Analysis of Whole-Genome Sequencing Data in Polyploids

Kuanysh Zhapar*, Nazerke Satvaldina, Ulykbek Kairov, Ainur Akilzhanova, Dos Sarbassov

Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan

*Corresponding author: kuanysh.zhapar@nu.edu.kz

Background: Wheat (*Triticum* spp.) is one of the most important food crops in the world, and Kazakhstan is among the major producers and exporters of grain. The genetic resources of local cultivars are of considerable interest for breeding and biodiversity conservation. However, the wheat genome is characterized by a high proportion of repetitive sequences and polyploidy, including tetraploid and hexaploid forms, which complicates standard reference-based analyses [1, 2]. In recent years, alignment-free methods based on counting and analyzing k-mers, short sequence fragments of fixed length, have been increasingly used for the study of complex genomes [2]. Unlike traditional approaches, k-mer analysis enables direct work with raw sequencing data without the alignment step, which is particularly important for polyploid genomes with a high level of homoeology [1, 3].

Materials and methods: Three hexaploid wheat cultivars (*Triticum aestivum*) – Shortandinskaya 95 improved, Shortandinskaya 2012, and Taimas – and one tetraploid wheat cultivar (*Triticum durum*) – Damsinskaya 20-17 – were included in the study. All cultivars were developed at the A.I. Barayev Research and Production Center for Grain Farming (Kazakhstan). Whole-genome sequencing was performed on the Illumina NovaSeq 6000 platform [4]. Processing of raw FASTQ data includes k-mer counting using KMC3 [5], comparative analysis of genetic diversity between ploidy groups based on k-mer frequencies [1], and identification of species-specific k-mers [6].

Results and Conclusion: In this study, whole-genome sequencing was performed for four Kazakh wheat cultivars: three hexaploid cultivars and one tetraploid cultivar. Sequencing data in FASTQ format suitable for further analysis were obtained. At present, k-mer analysis of these whole-genome data is underway. This provides a foundation for identifying candidate genomic regions of interest for subsequent biological and applied evaluation. The obtained results will expand current knowledge of the genetic diversity of Kazakh wheat and provide practical tools for breeding programs. Recent studies in wheat have already demonstrated the effective applicability of k-mer analysis.

Acknowledgement: This research has been supported by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of Republic of Kazakhstan (BR24993023), (AP23490249), and Nazarbayev University CRP (211123CRP1608).

Key words: wheat, whole-genome sequencing, k-mer analysis, polyploidy, genetic diversity.

References:

1. VanWallendael, A., Alvarez, M. Alignment-free methods for polyploid genomes: Quick and reliable genetic distance estimation. *Molecular Ecology Resources* 22(2), 612–622 (2022).

2. Jaegle, B., Voichek, Y., Haupt, M. et al. k-mer-based GWAS in a wheat collection reveals novel and diverse sources of powdery mildew resistance. *Genome Biology* 26, 172 (2025).

3. Rahman, A., Hallgrímsdóttir, I., Eisen, M., Pachter, L. Association mapping from sequencing reads using k-mers. *eLife* 7, e32920 (2018).

4. Illumina Inc. NovaSeq 6000 Sequencing System specifications. *Illumina* (2024).

5. Kokot, M., Długosz, M., Deorowicz, S. KMC 3: counting and manipulating k-mer statistics. *Bioinformatics* 33(17), 2759–2761 (2017).

6. Zhang, Z., Liu, D., Li, B. et al. A k-mer-based pangenome approach for cataloging seed-storage-protein genes in wheat to facilitate genotype-to-phenotype prediction and improvement of end-use quality. *Molecular Plant* 17(7), 1038–1053 (2024).

Methylation patterns reflect the impact of heavy metal contamination of the soil metagenome

Milana Altynbayeva*, Yulia Tugunova, Iskander Isqandarov, Zhanar Abilda, Dias Daurov, Malika Shamekova

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan

*****Corresponding author: almimu333@gmail.com

Background: Industrial contamination imposes extreme selective pressure on soil microbiomes, yet the role of epigenetic mechanisms like DNA methylation in microbial survival remains unexplored. While restriction-modification (R-M) systems are traditionally viewed as bacterial immune defenses, their potential role in environmental stress adaptation and genomic stability is a critical factor in community resilience. This study investigates methylation patterns as both taxonomic signatures and functional indicators of heavy metal tolerance in industrial soils of East Kazakhstan.

Materials and methods: A hybrid metagenomic assembly approach was emplyed on soil samples collected from industrially influenced sites. High-quality metagenome-assembled genomes (MAGs) were recovered through an integrated binning pipeline. A hybrid binning strategy was used, utilizing traditional tools based on tetranucleotide frequencies and marker genes in conjunction with methylation-based binning. Methylation calling was conducted to link epigenetic signatures to taxonomic lineages and mobile genetic elements (MGEs).

Results: The analysis identified taxon-specific methylation motifs associated with diverse R-M systems across thousands of identified strains. The inclusion of methylation-based binning significantly refined chimeric assemblies by reassigning MGEs to their host genomes through unique "epigenetic fingerprints." Preliminary data indicate shifts in methylation frequency at specific motifs in high-contamination zones, potentially reflecting R-M system modulation under chronic metal stress and identifying methylation as a dynamic marker of the soil resistome.

Conclusion: This study establishes a genome-wide methylation atlas for metal-impacted soils, demonstrating that DNA methylation is a critical stress adaptation mechanism. Epigenetic profiling enhances binning accuracy and reveals ecological strategies invisible to sequence-based analyses.

Keywords: metagenomics, DNA methylation, R-M systems, heavy metal stress, East Kazakhstan.

Acknowledgement: This research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. BR24992837).

Phylogenetic structure and recombination signals in global populations of Tomato brown rugose fruit virus

Dilyara Gritsenko*, Bakyt Dulat

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan

*Corresponding author: d.kopytina@gmail.com

Background: Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) is an emerging tobamovirus causing severe economic losses in tomato production worldwide (1). To investigate the evolutionary relationships and genetic diversification of the virus, a comprehensive phylogenetic and recombination analysis was performed using complete genome sequences of global ToBRFV isolates.

Materials and methods: Complete genome sequences of ToBRFV isolates were retrieved from the NCBI GenBank database and aligned using the MAFFT algorithm (2). Phylogenetic relationships among isolates were reconstructed using the Maximum Likelihood method with 1000 bootstrap replicates. To detect recombination events, genome alignments were analyzed using recombination detection algorithms based on hyper-geometric random walk statistics and permutation tests (3).

Results: Phylogenetic reconstruction based on full-genome sequences revealed a structured global population, divided into several well-supported clades corresponding to geographic regions, including isolates from Israel, China, Uzbekistan, Europe, and Latin America. Bootstrap support values for major nodes ranged from 75% to 100%, indicating strong statistical confidence in the clustering patterns. The phylogenetic topology suggests the presence of several independent evolutionary lineages circulating globally.

Recombination analysis identified statistically supported recombination signals involving isolates ON528712.1, OM515264.1, and OP557566.1. Two recombination breakpoints were detected within the genome alignment (≈6302 nt), located approximately at 2800–3150 nt and 5850–6200 nt. Hyper-geometric random walk analysis and permutation tests confirmed the presence of a recombinant genomic fragment spanning these regions. Separate phylogenetic trees constructed for the major and minor parental regions revealed discordant clustering patterns, supporting the recombination hypothesis and indicating mosaic genome structure in the recombinant isolate.

Conclusion: Overall, the results demonstrate that although the ToBRFV genome remains relatively conserved, recombination together with point mutations contributes to the genetic diversification and global spread of this economically important plant virus.

Acknowledgement: This research was funded by the Ministry of Agriculture of Kazakhstan, grant number BR22887230.

Keywords: ToBRFV; phylogeny; recombination breakpoints; viral genetic diversity

References:

1) Zhang, S., Griffiths, J. S., Marchand, G., Bernards, M. A. & Wang, A. Tomato brown rugose fruit virus: An emerging and rapidly spreading plant RNA virus that threatens tomato production worldwide. Mol. Plant Pathol. 23, 1262–1277 (2022)

2) Katoh, K., Misawa, K., Kuma, K.-I. & Miyata, T. MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. Nucleic Acids Research 30, 3059–3066 (2002)

3) Martin, D. P., Williamson, C. & Posada, D. RDP2: recombination detection and analysis from sequence alignments. Bioinformatics 21, 260–262 (2005).

Long-Read Metagenomic Profiling Reveals Heavy Metal-Driven Co-Selection of Antibiotic Resistance in Industrial Soils of East Kazakhstan

Iskander Isgandarov[1*], Zhanar Abilda[1], Rakhim Kanat[1,2], Dias Daurov[1], Khanylbek Choi[1]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*
[2]*Tanir Research Laboratory, Almaty, 050060, Kazakhstan*

*****Corresponding author: i.isgandarov@ipbb.kz

Background: Chronic heavy metal contamination can restructure soil microbiomes and may co-select for antibiotic resistance, yet genome-resolved evidence from industrial soils remains limited. Understanding the dynamics between heavy metals and the environmental resistome is critical for anticipating the spread of antimicrobial resistance in ecologically sensitive areas.

Materials and methods: Oxford Nanopore long-read metagenomic sequencing was applied to soil samples collected across industrially influenced sites in East Kazakhstan. The study aimed to characterize strain-level community composition, profile antibiotic resistance genes (ARGs) and metal resistance genes (MRGs), and relate these patterns to soil physicochemical properties using multivariate, redundancy, and network analyses.

Results: Across all samples, 3,053 strains were identified, with Actinobacteria and Proteobacteria accounting for 94.1% of the total community. Heavy metal concentrations varied markedly among sites. The resistome comprised ARGs from several drug classes—dominated by aminoglycoside, glycopeptide, and multidrug resistance—and 238 distinct MRGs, with *czcA*, *ruvB*, *arsM*, and *arsT* being the most abundant. Multivariate and redundancy analyses identified Zn and soil pH as the principal environmental drivers shaping microbial community structure and ARG/MRG composition. Network analyses revealed that *Bradyrhizobium icense* and *Conexibacter woesei* acted as key super-hosts linking ARGs and MRGs.

Conclusion: Long-read genome-resolved metagenomics successfully uncovered how chronic industrial pollution maintains metal-adapted microbial communities while promoting the persistence and potential dissemination of antibiotic resistance in soil ecosystems. The identification of key super-hosts supports the presence of heavy metal-driven co-selection within the soil microbiome.

Keywords: metagenomics, long-read sequencing, soil microbiome, antibiotic resistance, heavy metal contamination.

Acknowledgement: This research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. BR24992837).

Genetic Diversity at the F gene Protein Cleavage Site of Avian orthoavulavirus 1 from chicken infected with wild type virus

Kobey Karamendin[1]*, Sardor Nuralibekov[2], Temirlan Sabyrzhan[2], Yermukhammet Kasymbekov[2], Klara Daulbayeva[2], Yelizaveta Khan[2], Aidyn Kydyrmanov[2]

[1] *Laboratory of Biochemistry of Viruses, Department of Virology, Research and Production Center for Microbiology and Virology, 050010, Almaty, Kazakhstan*
[2] *Laboratory of Viral Ecology, Department of Virology, Research and Production Center for Microbiology and Virology, 050010, Almaty, Kazakhstan*

*Corresponding author: kobey.karamendin@gmail.com

Background: Avian orthoavulavirus 1 or Newcastle disease virus (NDV) poses a major threat to poultry worldwide [1], with wild waterbirds like cormorants serving as reservoirs of virulent strains in Central Asia [2]. This study characterizes quasispecies diversity at the virulence-determining fusion (F) protein cleavage site (RRQRRF motif) [3] in seven egg-propagated isolates from diseased cormorants during the 2016 Lake Alakol outbreak in Kazakhstan. Deep sequencing reveals genetic changes in wild-type virus within susceptible chicken embryos.

Materials and methods: Tracheal/cloacal swabs underwent two passages in embryonated chicken eggs. RNA was extracted (QIAamp Viral RNA Mini Kit), amplified via one-step RT-PCR with primers targeting the cleavage site, and libraries prepared (NEBNext Ultra). Paired-end sequencing (Illumina MiSeq) generated ~13.7 million reads across samples. Data processed in Geneious Prime (quality >Q30, aligned to MK693033), translated, and analyzed via custom Python script (pandas, scipy, statsmodels) for chi-square tests (FDR-corrected), Shannon entropy, PCA (sklearn), and visualizations (seaborn).

Results: Fifty-four mutations passed filters (min count 20, freq 0.0005); all showed significant inter-sample heterogeneity (FDR $p<0.001$) [4]. Top variants: R1G (23-26%, 3.3M reads), F6L/V/C (6-9%), R4G (2.7-3.3%), position-2 subs (R2G/S/I/*, 0.5-2%). Entropy highest at positions 1 (1.07 bits) and 6 (1.34 bits), lowest at 3/5. PCA clustered samples non-randomly (PC1 87.4% variance), with core/shared and sample-specific variants per heatmap.

Conclusion: Wild birds-derived velogenic NDV maintains complex, position-specific quasispecies at the F cleavage site, with high-frequency variants (e.g., R1G, F6 subs) indicating evolutionary flexibility and potential for virulent emergence. Deep sequencing offers a framework for NDV surveillance at wildlife-poultry interfaces, highlighting wild reservoirs' role in diversity and risk.

Acknowledgement: Supported by Ministry of Science and Higher Education of Kazakhstan (AP23484684). Studies complied with ethics commission 02-09-191 (30.10.2023).

Keywords: Avian orthoavulavirus 1, Cleavage site, RNA, F gene.

References:

1. Alexander, DJ. Newcastle disease and other avian paramyxoviruses. *Rev Sci Tech*. **19**:443-62; (2000).

2. Karamendin, K., Kydyrmanov, A., Kasymbekov, Y., Daulbayeva, K. et. al. Cormorants as Potential Victims and Reservoirs of Velogenic Newcastle Disease Virus (Orthoavulavirus-1) in Central Asia. *Avian Dis.* **63**:599-605 (2019).

3. Diel, D.G., da Silva, L.H., Liu, H. et al. Genetic diversity of avian paramyxovirus type 1: proposal for a unified nomenclature and classification system of Newcastle disease virus genotypes. *Infect Genet Evol*. **12**:1770-9 (2012).

4. Benjamini, Y., Hochberg, Y. Controlling the False Discovery Rate - a Practical and Powerful Approach to Multiple Testing. Journal of the Royal Statistical Society Series B. *Statistical Methodology*. **57**:289-300 (1995).

Whole genome sequencing of the local isolates of *Pseudomonas syringae* species group

Alexandr Pozharskiy*, Valeriya Kostyukova, Marina Khusnidinova, Dilyara Gritsenko

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan

*Corresponding author: aspozharsky@gmail.com

Background: *Pseudomonas syringae* species group are a rod-shape Gammaproteobacteria infecting various plant hosts and causing multiple diseases including bacterial canker on fruit trees, blister spot on apple, etc. These bacteria are characterized by high variability and difficult to delimitate species and pathovars; genomic data provide better species definition than traditional methods. To date, no genomic studies of *P. syringae* and related species were conducted in Kazakhstan.

Materials and methods: We have obtained total 23 *P. syringae sensu lato* isolates from *Malus domestica* and *M. sieversii* trees displaying necrotic lesions on leafs. Bacteria were isolated on the NSA and King's B media and confirmed by 16S rRNA sequencing. The whole genome sequencing was performed using FastaSeq300 system (GeneMind, China) by paired reads of length 150 bp. After the quality control of reads, contigs were assembled using SPAdes1 and scaffolded using RagTag2 software. The assembly quality was assessed by BUSCO3 and species were identified using TYGS4 and FastANI5 software.

Results: All genomes were assembled successfully; the longest scaffolds for each isolate were of lengths between 5.6 and 6.1 Mbp and covered more than 90% of the genome, thus representing near complete chromosome. BUSCO successfully predicted 99-99.6% of the tested genes in all samples confirming the correctness of the assemblies. Of 23 genomes, 19 were confirmed as *P. syringae sensu strictu*, three as *P. fragariae*, and one as *P. tremae* (see figure). The former two were found for the first time in Kazakhstan.

Conclusion: The obtained genomic data provide a contribution to the knowledge about genetic variability of *P. syringae* and related species on both global and regional levels, will help understanding of the distribution of bacterial pathogens and plant protection in Kazakhstan.

Acknowledgement: This research was funded by the Ministry of Agriculture of Kazakhstan, grant number BR22887230.

Keywords: *Pseudomonas syringae*, *Pseudomonas fragariae*, *Pseudomonas tremae*, WGS, de novo sequencing.

References:

1. Bankevich, A. et al. SPAdes: A New Genome Assembly Algorithm and Its Applications to Single-Cell Sequencing. Journal of Computational Biology 19, 455–477 (2012).
2. Alonge, M. et al. Automated assembly scaffolding using RagTag elevates a new tomato system for high-throughput genome editing. Genome Biol 23, 258 (2022).
3. Manni, M., Berkeley, M. R., Seppey, M., Simão, F. A. & Zdobnov, E. M. BUSCO Update: Novel and Streamlined Workflows along with Broader and Deeper Phylogenetic Coverage for Scoring of Eukaryotic, Prokaryotic, and Viral Genomes. Mol Biol Evol 38, 4647–4654 (2021).
4. Meier-Kolthoff, J. P. & Göker, M. TYGS is an automated high-throughput platform for state-of-the-art genome-based taxonomy. Nat Commun 10, 2182 (2019).
5. Jain, C., Rodriguez-R, L. M., Phillippy, A. M., Konstantinidis, K. T. & Aluru, S. High throughput ANI analysis of 90K prokaryotic genomes reveals clear species boundaries. Nat Commun 9, 5114 (2018).

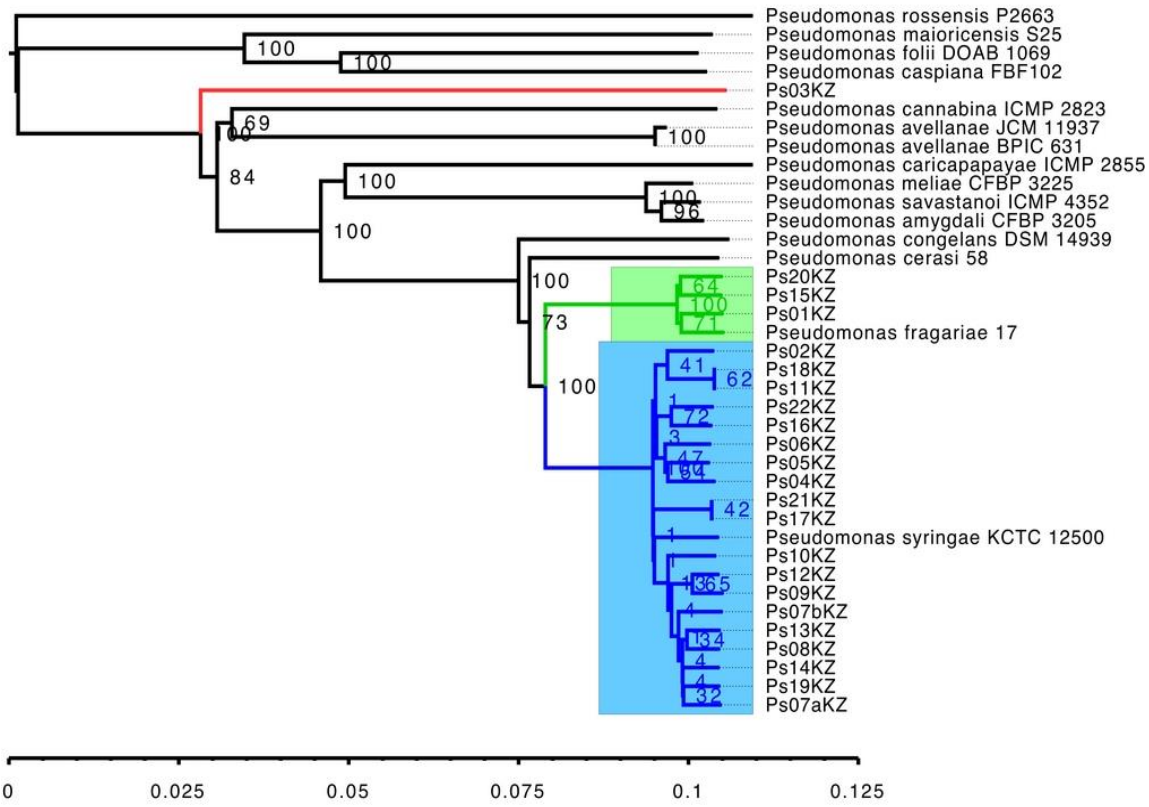


Figure. Phylogenetic tree of the obtained genomes against the type strains of *Pseudomonas* species. *Pseudomonas syringae* shown blue, *P. fragariae* shown green, *P. tremae* shown red.

Impact of Green Manure Crops and Grass Mixtures on Fungal Cenosis of Chernozem Soils of Northern Kazakhstan Steppe Zone

I. Rukavitsina*, I. Bulgakova, V. Vassilyeva, N. Filippova

LLP "A.I. Barayev Research and Production Centre for Grain Farming", Nauchny, 021601, Kazakhstan

*Corresponding author: irukavitsina@yandex.kz

Fungi play a key role in the soil by decomposing organic residues, providing nutrients for plants, and regulating the phytosanitary status of agroecosystems. Green manure crops and mixtures thereof are of interest due to their impact on the structure of fungal cenosis, including soil-borne phytopathogens.

The study was conducted in a long-term field experiment established at the Research and Production Center for Grain Farming named after A.I. Barayev (51°40′38″ N, 71°00′58″ E). Experimental treatments included: clean fallow (control); first-year yellow sweet clover (*Melilotus officinalis*) cv. Altynbas; mustard K-5517; two-component mixtures: barley Astana 2000 (100%) + pea Kasib (50%) and oat Duman (100%) + common vetch Obskaya 16 (50%); and a three-component mixture of Sudan grass Nika (20%) + common vetch (50%) + oat (30%).

Fungal population in first-year sweet clover and annual cereal–legume mixtures varied throughout the growing season. Maximum values were recorded at the seedling stage, ranging from 5.4–20.7 ×10³ CFU/g of soil (14.1 × 10³ CFU/g of soil in the control). The highest population was observed under first-year sweet clover and the three-component mixture (20.2–20.7 ×10³ CFU/g of soil). Prior to green manure incorporation, fungal population decreased to 2.3–10.0 ×10³ CFU/g of soil. After incorporation, the fungal pool increased again in the barley + pea, common vetch + oat, and three-component mixture treatments. A decrease in fungal abundance was observed 50 days after ploughing of sweet clover and mustard, as well as in clean fallow. Following green manure incorporation, the most actively isolated fungi included *Penicillium chrysogenum*, *Penicillium corylophilum*, *Trichoderma* sp., *Clonostachys rosea*, and *Aspergillus flavus*. Species of *Fusarium* spp., including *Fusarium venenatum*, were detected only sporadically across all treatments.

On average, over the growing season, the most abundant fungal communities were formed in treatments with the first-year sweet clover, the common vetch+oat mixture, and the three-component grass mixture. The occurrence of phytopathogenic species was insignificant, which may indicate a positive effect of green manure crops and mixtures thereof on the suppressive properties of the soil.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP23487280).

Keywords: soil fungi, southern calcareous chernozem, sweet clover, mustard, cereal and legume grass mixtures.

Microbial study of wastewater samples from Astana city

Z. Sarmurzina[1]*, B. Mussabayeva[1], D. Zhakenov[1], F. Aldyngurova[2], A. Shaidullayeva[3], G. Bissenova[1]

[1]Republican Collection of Microorganisms, Astana, 010000, Kazakhstan
[2]Astana SuArnasy, Astana, 010000, Kazakhstan
[3]L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, 010000, Kazakhstan

*Corresponding author: sarmurzinazs15@gmail.com

Background: At present, the removal of biogenic elements from wastewater that contribute to the eutrophication of natural water bodies represents a pressing issue. Control of the eutrophication process is of critical importance for aquatic ecosystems. However, priority should first be given to studying the composition of wastewater and its interactions with other components of the microbial community.The aim of this study is to investigate the microbial composition of wastewater samples using metagenomic shotgun sequencing, with subsequent taxonomic profiling.

Materials and methods: Water samples were collected in sterile containers from the municipal utility Astana SuArnasy (Astana, Republic of Kazakhstan). Total genomic DNA was extracted using the DNeasyPowerWater Kit (QIAGEN, Germany) in accordance with the manufacturer's protocol.Libraries for metagenomic sequencing were prepared using the Nextera DNA Flex Library Prep Kit (Illumina, USA). Sequencing was performed on the Illumina NovaSeq 6000 platform in paired-end mode (2×150 bp).

Results: The taxonomic analysis revealed a diverse microbial composition in the studied water samples. The dominant phylum across all samples was Pseudomonadota, with relative abundance ranging from 39.15% (S5) to 88.63% (S2), with a median of 73.08% (IQR: 61.57–78.54%).The second most abundant phylum was Bacteroidota (median: 17.8%, IQR: 14.16–25.05%), followed by Bacillota (median: 6.06%, IQR: 4.63–8.70%) and Actinomycetota (median: 1.75%, IQR: 1.35–2.03%). Minor phyla included *Mycoplasmatota, Thermodesulfobacteriota, Deferribacterota, and Fibrobacterota.*

Conclusion: The obtained results revealed significant variability in the taxonomic composition of the microbiome among the studied water samples. The dominance of the phylum *Pseudomonadota* (median: 73.08%) is consistent with literature data on the microbiome of aquatic ecosystems.

Acknowledgement: This study was supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (IRN AP26102175)

Keywords: microorganisms, wastewater, sequencing.

Taxonomic classification and profiling of soil metagenome obtained from the East Kazakhstan region using long-reads sequencing

Yulia Tugunova[1*], Milana Altynbayeva[1], Iskander Isgandarov[1], Zhanar Abilda[1], Dias Daurov[1], Malika Shamekova[1]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*
[2]*Tanir Research Laboratory, Almaty, 050060, Kazakhstan*

*****Corresponding author: y.tugunova@ipbb.kz

Background: The East Kazakhstan region is an ecologically problematic area of the country due to the presence of numerous non-ferrous and precious metal production facilities, as well as polymetallic ore deposits. These facilities are a constant source of anthropogenic pollution of local ecosystems with heavy metals, ore processing waste, and other pollutants.

Materials and methods: To assess the impact of anthropogenic factors, a metagenomic analysis of soil from this region was conducted. Eight soil samples from the East Kazakhstan region were selected and then sequenced using Oxford Nanopore long-read technology on a PrometION flow cell. All samples were assembled using Flye and Canu and binned using Metabat2, Maxbin, and CONCOCT. All bins were merged and dereplicated using Binette. Bins with acceptable quality (completeness greater than 50 and contamination less than 10) were selected for further taxonomic profiling and annotation.

Results: Sequencing and bioinformatics analysis yielded taxonomic profiles for each sample. The microbial diversity of the communities was determined. Using the GTDB-tk classify pipeline, taxonomy was determined from phylum to genus, and partially to species. The dominant bacterial phyla were Actinomycetota, Pseudomonadota, and Acidobacteriota. A large number of poorly characterized taxa were identified, potentially representing new genera and species. A correlation was established between the diversity of the microbial consortium and the impact of heavy metals on it.

Conclusion: This study, using long-read sequencing, identified the influence of anthropogenic factors, specifically heavy metals, on the taxonomic diversity of local microbial communities. New taxa were identified, along with a correlation between metagenome composition and the concentration of various pollutants.

Key words: heavy metal pollution, taxonomic profiling, metagenomics, soil microbiome, long-read sequencing.

Acknowledgement: This research was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. BR24992837).

Double-Strand DNA Damage as a Determinant of Therapeutic Efficacy in Boron Neutron Capture Therapy: A Preclinical Study

Kulzhan Berikkhanova[1,2,3*], Gulyash Tanysheva[2], Erlan Taigulov[3], Saken Kozhakhmetov[3], Nurzhan Bikhanov[4], Yernur Zakirov[1,5], Askhat Zhilkaidarov[1,6], Saniya Abdrakhmanova[7]

[1]*National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan.*
[2]*Semey State Medical University, Semey, 071400, Kazakhstan.*
[3]*Astana Medical University, Astana, 010000, Kazakhstan;*
[4]*University Medical Center, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan.*
[5]*City Hospital №2, Astana, 010000, Kazakhstan.*
[6]*City Hospital №1, Astana, 010000, Kazakhstan.*
[7]*Scientific and Production Center for Transfusiology of the Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan; Astana, 010000, Kazakhstan.*

*Corresponding author: kberikkhanova@nu.edu.kz

Background: Despite modern treatment methods used in world practice, effective cancer treatment still represents an unsolved problem. One of the innovative approaches is the use of boron-neutron capture therapy technology.
Purpose: To evaluate the effectiveness of selective tumor cell destruction using BNCT technology.

Materials and methods: Male Wistar rats were subcutaneously inoculated with Sarcoma 45 cells 20 days prior to experiments. Tumors in the study group received BNCT after 45 minutes following administration of 10BPA (boronophenylalanine) at 330 mg/kg body weight (+BPA), while the control group received saline (−BPA) prior to BNCT. Tumor tissues were resected at 6 and 20 hours post-irradiation for histological, immunohistochemical, and biochemical analyses. DNA damage was assessed using γ-H2A.X Phosphorylation Assay Kit and poly(ADP-ribose) markers.

Results: Pathomorphological studies demonstrated pronounced tumor tissue destruction in the +BPA group compared to controls. Immunostaining revealed increased γ-H2AX intensity 20 hours after BPA administration, indicating accumulation of DNA double-strand breaks (DSBs); no such increase was observed in the −BPA group. Histological analyses showed extensive tumor necrosis 20 hours post-treatment, with scattered cell clusters exhibiting dystrophic changes in tumor cells and stroma, reflecting selective tumor destruction. Persistent staining for γ-H2AX and poly(ADP-ribose) in the +BPA group confirms ongoing DNA damage induced by BNCT.

Conclusion: BNCT combined with boronophenylalanine effectively induces selective tumor destruction in rats, with γ-H2AX and poly(ADP-ribose) serving as reliable markers of DNA damage. These findings support the potential of BNCT as a targeted cancer therapy and provide a basis for further preclinical studies.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan Grant №AP19676272, №AP26102345 and by Nazarbayev University under Collaborative Research Program Grant № 211123CRP1614, A.G.

Keywords: boron-neutron capture therapy, borophenylalanine, malignant tumors

Targeted next-generation sequencing for differential diagnosis of long QT syndrome subtypes in patients with channelopathies

Ayaulym Chamoieva[1], Zhanel Mirmanova[1], Madina Zhalbinova[1], Saule Rakhimova[1], Ayan Abdrakhmanov[2], Ainur Akilzhanova[1,2*]

[1]*Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Astana, Kazakhstan*
[2]*Heart Rhythm Scientific Research Institute, Medical University Astana, Astana, Kazakhstan*

*Corresponding author: akilzhanova@nu.edu.kz

Background: Long QT syndrome (LQTS) is a hereditary cardiac channelopathy associated with delayed ventricular repolarization, syncope, malignant arrhythmias, and sudden cardiac death [1]. Conventional genetic testing often focuses on the major LQTS genes KCNQ1, KCNH2, and SCN5A, which may limit the detection of rare but clinically significant subtypes [2]. This study aimed to develop and apply a method for the differential diagnosis of LQTS subtypes in patients with channelopathies using an expanded 96-gene panel for targeted next-generation sequencing (NGS).

Materials and methods: A total of 167 patients with primary electrical disorders were genotyped using a custom 96-gene panel associated with arrhythmias and cardiomyopathies. Peripheral blood samples were collected, genomic DNA was extracted, and DNA libraries were prepared for high-throughput sequencing on the NovaSeq 6000 platform. Bioinformatic analysis included alignment to the GRCh37/hg19 reference genome, variant calling, annotation, and filtering. Clinical significance of identified variants was interpreted according to ACMG guidelines using InterVar, ClinVar, and other international databases.

Results: The proposed approach enabled the differential identification of 6 LQTS subtypes based on clinically relevant variants. Pathogenic or likely pathogenic variants were identified in SCN5A (LQT3), KCNH2 (LQT2), KCNQ1 (LQT1/Jervell and Lange-Nielsen syndrome), KCNJ2 (LQT7), CAV3 (LQT9), and AKAP9 (LQT11). The usage of expanded gene panel improved diagnostic coverage compared with limited-gene testing and demonstrated the identification of rare LQTS types.

Conclusion: Targeted NGS-based method with 96-gene panel improves the differential genetic diagnosis of LQTS subtypes, supports precise clinical classification, and may facilitate personalized management and family screening in patients with channelopathies.

Acknowledgement:
The study was supported by grants from the Committee of the Ministry of Science and Higher Education, Republic of Kazakhstan (BR24993023, AP23490249) and Nazarbayev University CRP (211123CRP1608).

Keywords: long QT syndrome, next-generation sequencing, channelopathy, arrhythmias

References:

1. Chamoieva, A. E., Zhalbinova, M. R., Mirmanova, Z. Z., Rakhimova, S. E., Abdrakhmanov, A. S., & Akilzhanova, A. R. MUTATIONS IN CARDIAC ION CHANNEL GENES IN KAZAKHSTANI PATIENTS WITH LONG QT SYNDROME. Наука и здравоохранение, 26(1), 7-14 (2024).

2. Garcia-Elias A., Benito B. Ion channel disorders and sudden cardiac death. International journal of molecular sciences, 19(3), 692 (2018).

annovar-nf: A Nextflow Pipeline for Scalable, Reproducible Multi-Sample ANNOVAR Variant Annotation

Asset Daniyarov[1,2*], Rakhmetkazhi Bersimbaev[2], Ulykbek Kairov[1]

[1]*Laboratory of Bioinformatics and Systems Biology, Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[2]*Faculty of Natural Sciences, L.N. Gumilyev Eurasian National University, Astana, 010008, Kazakhstan*

*Corresponding author: asset.daniyarov@nu.edu.kz

Background: Functional annotation of genomic variants from whole-genome sequencing (WGS) is essential for population genomics and clinical research. ANNOVAR1 is a widely adopted annotation framework, but its cohort-scale deployment is challenging: batch processing requires custom shell scripts with fragile loop logic, manual locking mechanisms, and an additional post-processing step to replace generic "Otherinfo" column labels with real VCF sample identifiers. No unified, portable and reproducible solution addressing all these issues in a single workflow is currently available.

Materials and methods: We developed annovar-nf, an open-source Nextflow DSL2 pipeline2 for multi-sample ANNOVAR annotation. The workflow consists of three main processes: (1) ANNOVAR_TABLE - parallel table_annovar.pl execution with pre-configured database sets (19 databases for hg38: gnomAD 4.1, ClinVar 20250721, InterVar 20250721, dbNSFP 4.7a, REVEL, ExAC, COSMIC70, 1000G, avsnp151, regsnpintron; 40 databases for hg19); (2) FIX_HEADER - automated replacement of Otherinfo labels with real VCF column names; (3) ANNOTATION_SUMMARY - cross-sample functional variant matrix (TSV + interactive HTML). The pipeline accepts VCF directories or samplesheet CSV, supports multi-threading, and runs on local workstations, SLURM/LSF clusters, or Docker/Singularity. The pipeline was evaluated on 233 WGS samples from Kazakhstan.

Results: All 233 samples were successfully annotated without errors, producing standardized 28-column tabular outputs with corrected headers. The average runtime per sample was 3 h 21 min using 50 threads (~4.8 million variants per sample). Based on Func.refGene classification, the summary module identified a mean of 24,837 ± 227 exonic variants and 238 ± 9 splicing variants per sample. Nextflow automatically generated full provenance reports, including timeline, trace, and DAG, for each run.

Conclusion: annovar-nf provides a portable, scalable, and reproducible ANNOVAR annotation solution for cohort-scale WGS studies. The pipeline is freely available under the MIT licence at https://github.com/assetdaniyarov/annovar-nf.

Acknowledgement: The authors thank the staff of the Laboratory of Bioinformatics and Systems Biology, National Laboratory Astana, for computational support.

Keywords: whole-genome sequencing, variant annotation, ANNOVAR, Nextflow

References:

1. Wang, K., Li, M., Hakonarson, H. ANNOVAR: functional annotation of genetic variants from high-throughput sequencing data. Nucleic Acids Research 38, e164 (2010).

2. Di Tommaso, P., Chatzou, M., Floden, E.W., Barja, P.P., Palumbo, E., Notredame, C. Nextflow enables reproducible computational workflows. Nature Biotechnology 35, 316–319 (2017).

Automated Multiplex PCR Panel Designer for Targeted Amplicon Sequencing in Human Whole-Genomes

Ruslan Kalendar

National Laboratory Astana, Astana, 010000, Kazakhstan
ruslan.kalendar@nu.edu.kz

Ultra-multiplex PCR has emerged as a cornerstone genetic technology for targeted amplicon sequencing in molecular biology and clinical diagnostics. We present PCRpanel, an open-source command-line Java application for the automated, thermodynamically optimised design of primer panels supporting both short- and long-read sequencing platforms for whole-genomes investigations.

PCRpanel addresses a critical bottleneck in panel-based sequencing workflows by simultaneously optimising multiple parameters including genetic sequence complexity, thermodynamic stability, primer-dimer formation, and off-target amplification enabling robust primer selection even across repetitive or highly homologous genomic regions. The tool supports a broad spectrum of applications, from simple two-primer assays to ultra-high-plex designs encompassing hundreds of amplicons, and is applicable to whole-genome sequencing, eukaryotic gene family analysis, structural variant breakpoint detection, and environmental genomics.

The efficiency of the underlying algorithms allows generation of large-scale genetic panels within seconds on standard hardware, without the need for specialised computational infrastructure. PCRpanel supports both gene-specific and universal primer strategies for homologous gene families, making it adaptable to diverse research.

To demonstrate its utility, we designed a panel of 474 primer pairs targeting all human exonic regions of genes associated with Alport syndrome. Experimental validation across 22 human samples confirmed successful amplification for all primer pairs, with read alignment rates of 97.5-99.3% and complete in silico exonic target coverage, underscoring the reliability and precision of the automated design approach.

PCRpanel offers a scalable, platform-agnostic solution for ultra-multiplex PCR panel construction, advancing accurate and reproducible targeted sequencing for human whole-genome investigations and molecular diagnostics.

Source code: https://github.com/rkalendar/PCRpanel

Identification of Recurrent Fusion Genes in Cancer Patients from Kazakhstan

Aibek Karimov, Rakhimbek Bektayev, Ruslan Kalendar, Aigul Sharip, Saule Rakhimova, Nazerke Satvaldina, Ainur Seisenova, Ainur Akilzhanova, Ulykbek Kairov*

Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Kazakhstan

*Corresponding author: ulykbek.kairov@nu.edu.kz

Esophageal squamous cell carcinoma (ESCC) ranks among the most prevalent cancers in Kazakhstan, yet its molecular drivers remain poorly characterized in this population. Fusion genes - chimeric transcripts arising from chromosomal rearrangements - are recognized oncogenic drivers that have not been systematically studied in Kazakhstani ESCC patients. Using RNA sequencing data from 23 ESCC patients recruited at the Multidisciplinary Medical Center in Astana, we performed fusion gene detection on both tumor and paired peri-tumoral tissue samples using two independent algorithms, Arriba (v2.4.0) and STAR-Fusion (v1.13.0). Only fusions identified by both tools within the same patient sample were retained, and recurrent events were prioritized for experimental validation by RT-PCR and Sanger sequencing. Five fusion genes were confirmed at the nucleotide level: MAP4K5--L2HGDH, ADAMTS2--ENSG00000253652, BAZ2B--WDSUB1, HUWE1--SUPT3H, and PLEKHA5--KRAS. Several fusions were detected in both tumor and peri-tumoral samples, suggesting field cancerization extending beyond the histological tumor margin. The confirmed fusions implicate genes involved in kinase signaling, extracellular matrix remodeling, ubiquitin-mediated protein degradation, chromatin remodeling, and RAS oncogenic pathways. To our knowledge, this is the first study to characterize fusion genes in ESCC patients from Kazakhstan, contributing to the understanding of population-specific oncogenic mechanisms in Central Asia.

Keywords: ESCC, fusion genes, RNA sequencing, cancer genomics, Kazakhstan, Central Asia, precision medicine.

WGS uncovers rare genetic variants contributing to atherosclerosis in patients with very high cardiovascular risk

Zhanel Mirmanova[1], Madina Zhalbinova[1], Ayaulym Chamoieva[1], Tomiris Shakhmarova[1], Nazerke Satvaldina[1], Saule Rakhimova[1], Ulykbek Kairov[1], Asset Daniyarov[1], Makhabbat Bekbossynova[2], Ainur Akilzhanova[1]

[1]*Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan*
[2]*Heart Center, University Medical Center, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan*

*Corresponding author: akilzhanova@nu.edu.kz

Background: Atherosclerosis (AS) is a multifactorial disease caused by genetic and metabolic factors with key involvement of lipid metabolism disorders, endothelial function and inflammation. In addition to common variants, rare functionally significant genetic changes can significantly increase cardiovascular risk. Of particular interest are the LDLR, MAPK7, and SLC22A5 genes involved in the regulation of lipid metabolism and vascular function. Our data obtained by whole genome sequencing (WGS) confirms the importance of analyzing rare variants of these genes and their usefulness for inclusion in risk assessment panels for AS and cardiovascular complications.

Material and methods: We performed WGS in patients with a very high risk of AS (n = 192) suffering from coronary heart disease and hypertension. The distribution of phenotypes was grouped by 2019 ESC/EAS Guidelines. In very high-risk patients, genetic variants in 4 genes related to lipid metabolism, fatty acid metabolism, and endothelial function/inflammation (LDLR, SLC22A5, and MAPK7) were analyzed.

Results: Rare heterozygous genetic variants in MAPK7 (rs147296805), LDLR (rs557344672) and SLC22A5 (rs202088921, rs60376624) genes were identified by WGS in 192 patients with very high cardiovascular risk. These variants occurred with a frequency of 1.04% for MAPK7 and LDLR, and 0.52% for each of the SLC22A5 variants. In total, rare genetic changes were detected in 3.13% of the patients examined, while each variant was found in different patients, which emphasizes the genetic heterogeneity of the group. Considering their role in lipid metabolism, fatty acid metabolism and endothelial function, the data obtained indicate the contribution of rare genetic factors to the formation of a very high cardiovascular risk and AS.

Conclusion: Rare heterozygous variants in the MAPK7, LDLR, and SLC22A5 genes with a carrier frequency of 3.13% were identified in the group of patients with very high cardiovascular risk. Despite the low prevalence, these variants may contribute to the development of AS. Their potential impact is related to key pathogenetic mechanisms, including lipid metabolism, fatty acid transport, and endothelial dysfunction. The revealed genetic heterogeneity confirms the multifactorial nature of the disease. To clarify the contribution of these variants to the progression of AS and their clinical significance in patients with AS.

Acknowledgements: This research has been supported by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of Republic of Kazakhstan (BR24993023), (AP23490249), and Nazarbayev University CRP (211123CRP1608).

Keywords: atherosclerosis, cardiovascular diseases, hyperlipidemia, whole genome sequencing

References:

1. Mach, F., et al. (2020). 2019 ESC/EAS Guidelines for the management of dyslipidaemias: lipid modification to reduce cardiovascular risk: the Task Force for the management of dyslipidaemias of the European Society of Cardiology (ESC) and European Atherosclerosis Society (EAS). *European heart journal*, *41*(1), 111-188.

2. Bekbossynova M.S., Mirmanova Zh.Zh., Shakhmarova T.K., Chamoieva A.E., Zhalbinova M.R., Satvaldina N.N., Yerezhepov D.A., Rakhimova S.E., Kairov U.E., Daniyarov A.Zh., Ivanova-Razumova T.V., Andossova S.A., Sailybayeva A.I., Khamitov S.R., Akilzhanova A.R. (2025). Genetic variants in lipid-associated genes in the Kazakhstani cohort with atherosclerosis and hypertriglyceridemia. *Nauka i Zdravookhranenie*, *27*(5), 7-15.

Integrative analysis of lncRNA-miRNA-mRNA expression profiles in Esophageal Squamous Cell Carcinoma Tissues

Anel Ordabayeva[1], Kuanysh Sarkytbayev[1], Asset Daniyarov[1], Askhat Molkenov[1], Aigul Sharip[1], Saule Rakhimova[1*], Ainur Ashenova[1], Aibek Karimov[1], Rakhimbek Bektayev[1], Ulan Kozhamkulov[1], Yuri Zhukov[2], Mukhtar Tuleutaev[2], Dos Sarbassov[1], Ainur Akilzhanova[1], Ulykbek Kairov[1*]

[1]*Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[2]*Multidisciplinary Medical Center, Astana, Kazakhstan*

*Corresponding authors: ulykbek.kairov@nu.edu.kz, saule.rakhimova@nu.edu.kz

Background: Esophageal squamous cell carcinoma (ESCC) is the predominant histological subtype of esophageal cancer, accounting for approximately 90% of cases worldwide, with particularly high incidence in Central Asia including Kazakhstan. Despite its clinical importance, the molecular mechanisms driving ESCC development remain poorly understood, and no miRNA-based diagnostic or therapeutic tools have achieved clinical approval.

Materials and Methods: RNA-seq and miRNA-seq data were generated from tumor tissues of 16 treatment-naive ESCC patients recruited from the Multidisciplinary Medical Center in Astana, Kazakhstan. Small RNAs were isolated using mirVana miRNA Isolation Kit and sequenced on the Illumina NovaSeq platform. Control small RNA-seq data were obtained from publicly available healthy esophageal squamous epithelium samples (NCBI SRA: PRJNA307091). Differential expression analysis was performed using DESeq2 with per-sample comparisons against controls (adjusted p-value < 0.05, $|\log_2 FC| \geq 1$). Only molecules dysregulated consistently across all 16 patients were retained. Integrative network analysis used miRTarBase for validated miRNA-mRNA interactions and StarBase for lncRNA-miRNA interactions to construct competing endogenous RNA (ceRNA) networks. Survival validation was performed using the TCGA-ESCA cohort (n=83 ESCC patients).

Results: Transcriptomic profiling identified 175 common differentially expressed miRNAs (cDEMs; 117 upregulated, 58 downregulated), 541 common DEGs (cDEGs; 118 upregulated, 423 downregulated), and 173 common DELs (cDELs; 4 upregulated, 169 downregulated) across all patients. After stringent filtering ($|\log_2 FC| > 4$), 37 strongly dysregulated miRNAs were identified, of which 8 represent novel ESCC-associated candidates. The miRNA-mRNA network revealed that upregulated miRNAs predominantly targeted tumor suppressor genes including KMT2D, KMT2C, KMT2A, MAP3K1, TET2, and BCOR, while downregulated miRNAs permitted upregulation of ribosomal and metastasis-promoting genes such as MMP1. The ceRNA network comprised 15 hub lncRNAs (including NEAT1 and KCNQ1OT1) sponging 67 upregulated miRNAs that regulate 142 downregulated mRNAs. Survival analysis identified 6 miRNAs, 5 mRNAs, and 2 lncRNAs significantly associated with ESCC patient outcomes in the TCGA-ESCA cohort, including DDX6 and HOOK3 as novel prognostically relevant targets.

Conclusion: This integrative multi-omics analysis reveals conserved lncRNA-miRNA-mRNA regulatory axes in ESCC, characterized by bidirectional dysregulation that simultaneously disables tumor suppression while enabling oncogenic programs. The identified novel miRNA candidates and NEAT1/KCNQ1OT1 hub architecture provide promising biomarker candidates and potential therapeutic targets for ESCC in high-incidence Central Asian populations.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Program targeted funding #BR24992841, BR18574184 and grant #AP09058660), and Nazarbayev University CRP grant 021220CRP2222.

Keywords: Esophageal squamous cell carcinoma, miRNA, lncRNA, ceRNA network, transcriptomics

References:

1. Bray, F. et al. Global cancer statistics 2022: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. CA. Cancer J. Clin. 74, 229–263 (2024).

2. Bartel, D.P. MicroRNAs: target recognition and regulatory functions. Cell 136, 215–233 (2009).

3. Salmena, L., Poliseno, L., Tay, Y., Kats, L. & Pandolfi, P.P. A ceRNA hypothesis: the Rosetta Stone of a hidden RNA language? Cell 146, 353–358 (2011).

4. Sharip, A. et al. Transcriptome profiling and analysis of patients with esophageal squamous cell carcinoma from Kazakhstan. Front. Genet. 15, (2024).

5. Cui, S. et al. miRTarBase 2025: updates to the collection of experimentally validated microRNA–target interactions. Nucleic Acids Res. 53, D147–D156 (2025).

iPSC-derived cardiomyocytes for investigating the underlying mechanisms of mutation-associated arrhythmias

Saule Rakhimova*, Nazerke Satvaldina, Ainur Akilzhanova

Laboratory of genomic and personalized medicine, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan

*Corresponding author: saule.rakhimova@nu.edu.kz

Background: Primary cardiac electrical disorders (PEDs), also known as channelopathies, are inherited conditions that increase the risk of sudden cardiac death due to ventricular tachyarrhythmias (VT). Advances in panel genetic testing have enabled analysis of a broader patient population. However, the clinical interpretation of variants of undetermined significance (VUS) remains challenging. The aim of this study was to develop an induced pluripotent stem cell (iPSC) model using monocytes derived from a patient with a mutation in the RYR2 gene.

Materials and methods: Target panel sequencing was performed following by enrichment custom system on Illumina platform. Mononuclear cells from whole blood were isolated using the Histopaque®-1077 protocol. For iPSC we used CytoTune™-iPS 2.0 Sendai Reprogramming Kit.

Results: The patient, a 23-year-old woman from Kazakhstan, was initially diagnosed with an idiopathic cardiac arrhythmia—polymorphic catecholaminergic ventricular tachycardia. Echocardiography revealed no structural cardiac abnormalities. Genetic testing revealed a novel heterozygous missense variant (c.A13886T; p.D4629V) in the RYR2 gene with unknown functional significance. Induced pluripotent stem cells (iPSCs) were successfully derived from the patient's monocytes using the Sendai virus system. Pluripotency markers were confirmed, and chromosome integrity was assessed using G-banding. The next step in the study is to differentiate these iPSCs into cardiomyocytes.

Conclusion: For variants of uncertain significance, functional studies using cellular models can provide important insights into their role in disease phenotypes.

Acknowledgement: Study was supported by grants from the Ministry of Science and Higher Education, Republic of Kazakhstan (BR24993023, AP23490249) and Nazarbayev University funding grant 211123CRP1608.

Chromosome-scale genome assembly of Kazakh individuals using modern genomics approaches

Kuanysh Sarkytbayev[2], Asset Daniyarov[2], Aiziya Paizulla[1], Anel Ordabayeva[2], Askhat Molkenov[2], Diana Samatkyzy[3], Saule Rakhimova[3], Ainur Akilzhanova[3] and Ulykbek Kairov [1,2]

[1]*School of Sciences and Humanities, Nazarbayev University, Kazakhstan*
[2]*Laboratory of Bioinformatics and Systems Biology, Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Kazakhstan*
[3]*Laboratory of Genomic and Personalized Medicine, Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Kazakhstan*

*Corresponding author (s): ulykbek.kairov@nu.edu.kz

Background: Advances in long-read sequencing have transformed genome assembly by enabling resolution of previously inaccessible genomic regions, including centromeres, telomeres, segmental duplications, and complex structural variants. These developments have led to complete human genome assemblies and large-scale initiatives such as the Human Pangenome Reference Consortium. However, populations from Central Asia, including the Kazakh population, remain substantially underrepresented in major genomic reference projects. This underrepresentation limits the accuracy of genomic analyses and reduces the applicability of precision medicine for these populations. To address this gap, this project aims to construct a chromosome-scale Kazakh genome assembly using an integrated sequencing strategy combining short- and long-read sequencing, optical genome mapping, and Hi-C chromatin capture.

Materials and methods: Chromosome-scale genome assemblies were generated using an integrated multi-platform pipeline. Oxford Nanopore long reads were assembled de novo with Flye and polished using Racon, Medaka, and Illumina-based NextPolish. Redundant haplotypic contigs were removed with purge_dups. Chromosome-scale scaffolding was achieved through integration of Bionano optical maps and Hi-C chromatin interaction data using Bionano Solve, YaHS, and Juicebox with manual curation. Assembly quality was assessed using standard metrics for contiguity, completeness, and base-level accuracy.

Results: This work produced two draft chromosome-scale genome assemblies from male and female Kazakh individuals. Chromosomal scaffolding achieved a scaffold N50 of approximately 150 Mbp and a total assembly size of ~2.8 Gbp, consistent with a highly contiguous human genome assembly. Final validation and quality assessment are ongoing, after which the assemblies will be released as a public genomic resource.

Acknowledgement: This study is supported by a grant AP23490594 from the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan.

Keywords: Chromosome-scale genome assembly; Kazakh genome; long-read sequencing; Bionano optical genome mapping; Hi-C; de novo assembly; population genomics.

Genomic Landscape of the Great Steppe: Genetic Variants in Healthy Kazakh Individuals

Aygerim Serikzhan[1], Asset Daniyarov[1], Ainur Akhmetova[1], Zhannur Abilova[1], Askhat Molkenov[1], Dauren Yerezhepov[1], Saule Rakhimova[1], Ulan Kozhamkulov[1], Almagul Kushugulova[1], Sholpan Askarova[1], Dos Sarbassov[1,2], Ainur Akilzhanova[1], Ulykbek Kairov[1*]

[1]*Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[2]*School of Sciences and Humanities, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*

*Corresponding author: ulykbek.kairov@nu.edu.kz

Background: Recent advancements in SNP genotyping have made it a cost-effective method for population genetics studies (Wasik et al., 2021). Despite this, the Kazakh population remains underrepresented in genomic studies. Earlier research, including the first whole-genome sequencing (WGS) of Kazakhs and admixture analysis of Kazakhs from Xinjiang, China, focused on smaller cohorts (Kairov et al., 2021, Kairov et al., 2022, Lei et al., 2024). As descendants of Silk Road travellers, Kazakhs present a unique opportunity to study genetic influences from both East and West. Thus, we present a comprehensive dataset of 224 healthy Kazakh individuals.

Materials and methods: Using global reference populations, we conducted analyses such as PCA and FST that highlight the distinctive genetic position of Kazakhs between East and West Eurasia, consistent with their location along the historic Silk Road. We further examined population structure by analyzing ROH segments, providing insights into demographic features such as the inbreeding coefficient. In addition, we identified SNPs with Minor Allele Frequencies (MAFs) that differ from those in other populations, enabling us to characterize genetic variants that set Kazakhs apart. These variants were annotated using multiple medical databases to explore their potential biological and health-related relevance.

Results: We present the largest genotyping study of the Kazakh population to date, comprising 224 healthy ethnically Kazakh individuals. This study advances genomic research on Central Asian populations, exploring the genetic position of Kazakhs within Eurasia and identifying specific genetic variants that distinguish the Kazakh population in a biomedical context. This study offers valuable implications for population-specific health, disease susceptibility, and the development of precision medicine tailored to this group.

Conclusion: Our study creates a genomic reference database for the Kazakh population for various applications, including investigating the evolutionary history of Central Asian populations, and advancing biomedical research.

Acknowledgement: We thank all the participants in this study. This research has been funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grants No. AP23490594, BR18574184, BR24993023, BR24992841, BR27199879), Nazarbayev University funding CRP grants 021220CRP2222, 211123CRP1608.

Keywords: population genetics, GWAS, genomics, genetics, pharmacogenomics.

References:

1. Kairov, U., Molkenov, A., Rakhimova, S., Kozhamkulov, U., Sharip, A., Karabayev, D., Daniyarov, A., H.Lee, J., D.Terwilliger, J., Akilzhanova, A., Zhumadilov, Zh.. Whole-genome sequencing data of Kazakh individuals. BMC Research Notes 14, (2021).

2. Kairov, U., Molkenov, A., Sharip, A., Rakhimova, S., Seidualy, M., Rhie, A., Kozhamkulov, U., Zhabagin, M., Kim, J.-I., Lee, J. H., Terwilliger, J. D., Seo, J.-S., Zhumadilov, Zh., Akilzhanova, A.. Whole-Genome Sequencing and Genomic Variant Analysis of Kazakh Individuals. Frontiers in Genetics 13, (2022).

3. Lei, C., Liu, J., Zhang, R., Pan, Y., Lu, Y., Gao, Y., Ma, X., Yang, Y., Guan, Y., Dolikun Mamatyusupu & Xu, S. Ancestral origins and admixture history of Kazakhs. Molecular Biology and Evolution 41, (2024).

4. Wasik, K., Berisa, T., Pickrell, J. K., Li, J. H., Fraser, D. J., King, K. & Cox, C. Comparing low-pass sequencing and genotyping for trait mapping in pharmacogenetics. BMC Genomics 22, (2021).

Identification of Clonal Hematopoiesis of Indeterminate Potential-Associated Variants in a Kazakhstani Population Using Next-Generation Sequencing

Tomiris Shakhmarova[1], Zhanel Mirmanova[1], Madina Zhalbinova[1], Ayaulym Chamoieva[1], Nazerke Satvaldina[1], Saule Rakhimova[1], Ulykbek Kairov[1], Asset Daniyarov[1], Makhabbat Bekbossynova[2], Ainur Akilzhanova[1*]

[1]*Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan, 010000*
[2]*Heart Center, University Medical Center, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan, 010000*

*Corresponding author: akilzhanova@nu.edu.kz

Background: Clonal hematopoiesis of indeterminate potential (CHIP) is an age-related condition associated with an increased risk of cardiovascular diseases, including atherosclerosis. Despite extensive research, data from Central Asian populations remain limited. The application of next-generation sequencing (NGS) enables the identification of genetic variants associated with clonal hematopoiesis.

Materials and methods: This study aimed to investigate genetic variants associated with CHIP in a cohort of patients with atherosclerotic cardiovascular disease. A total of patients were stratified into cardiovascular risk groups according to the ESC/EAS (2019) guidelines. NGS data were analyzed using a stepwise pipeline, including variant annotation with databases (CLINSIG, gnomAD, COSMIC), and filtering based on clinical significance, population frequency, sequencing quality, and variant allele fraction (VAF). VAF was used as a key parameter to estimate clonal expansion.

Results: A subset of variants potentially associated with CHIP was identified. These variants were observed in genes involved in epigenetic regulation and cellular signalling, including well-known CHIP-associated genes such as KMT2D, RUNX1, and MPL. The proportion of individuals carrying such variants was consistent with previously reported ranges.

Conclusion: The proposed approach demonstrates the applicability of combined filtering strategies for identifying CHIP-associated variants in NGS data. The findings provide initial insights into the genetic landscape of CHIP in a Central Asian population and highlight the importance of studying underrepresented populations.

Acknowledgement: This research has been supported by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (BR24993023), (AP23490249), and Nazarbayev University CRP (211123CRP1608).

Keywords: clonal hematopoiesis of indeterminate potential, cardiovascular disease, atherosclerosis, coronary heart disease.

Next Generation Sequencing: a key tool in the diagnosis of MODY

Aiganym Toleuzhanova*, Aliya Romanova, Elena Zholdybayeva

National Center for Biotechnology, 010000, Astana, Kazakhstan

*Corresponding author: aiga1999nym@gmail.com

Background: Maturity-onset diabetes of the young (MODY) is a monogenic form of diabetes mellitus with an autosomal dominant pattern of inheritance, usually occurring before the age of 25 and caused by primary defects in insulin secretion. NGS allows for the simultaneous analysis of all genes contributing to the development of the disease. Symptoms of MODY are often masked as type 1 or type 2 diabetes. NGS helps to avoid misdiagnosis by identifying the specific mutation, which is critical for selecting treatment. NGS results directly influence treatment strategies: for example, patients with MODY 2 (GCK gene) often do not require treatment, whilst patients with MODY 1 and 3 may switch from insulin injections to oral medications.

Materials and methods: Eleven probands were included in the study on the basis of a clinical suspicion of MODY. Therefore, genomic DNA was extracted from peripheral blood samples using a commercial kit. NGS was performed on all probands. Prioritisation of the identified variants involved an assessment of population frequency, predicted functional effect, mode of inheritance. Variants were interpreted based on ACMG guidelines.

Results: Two of the eleven probands were identified as clinically significant variants. In one patient, a novel heterozygous missense variant was identified in the GCK gene, which is likely pathogenic and consistent with the GCK-MODY phenotype. In another patient, a heterozygous missense variant was detected in the HNF1A gene, associated with the HNF1A-MODY phenotype.

Conclusion: The use of NGS technology enabled the identification of both known MODY-associated genes and potentially novel variants in paediatric patients. Overall, the use of NGS improves the accuracy of genetic diagnosis and plays a key role in personalized medicine, enabling the selection of the most effective treatment for patients.

Keywords: NGS, Variants, MODY, Pathogenic.

Pharmacogenetic and clinical determinants of anticoagulant response in Kazakhstani patients with Non-Valvular Atrial Fibrillation

Diana Valishayeva[1], Madina Zhalbinova[1], Assel Chinybayeva[2], Ayan Abdrakhmanov[2], Saule Rakhimova[1], Ainur Akilzhanova[1,2*]

[1]*Laboratory of genomic and personalized medicine, Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan*
[2]*Heart Rhythm Research Institute, Medical University Astana, Astana, Kazakhstan*

*Corresponding author: akilzhanova@nu.edu.kz

Background. Direct oral anticoagulants (DOACs) such as dabigatran and apixaban are the first-line therapy for non-valvular atrial fibrillation (NVAF) due to predictable pharmacokinetics and minimal monitoring. Yet, inter-individual variability in plasma DOAC concentrations may influence efficacy and bleeding risk. Genetic polymorphisms in drug transporters and metabolizing enzymes, particularly ABCB1 and CES1, are potential determinants of this variability.

Methods. In a prospective study, 150 Kazakhstani NVAF patients treated with dabigatran (150 mg twice daily) or apixaban (5 mg twice daily) were genotyped for seven single nucleotide polymorphisms (SNPs) in ABCB1 (rs1045642, rs4148738, rs1128503, rs2032582) and CES1 (rs2244613, rs8192935, rs71647871). Peak and trough plasma concentrations of DOACs were measured, and clinical variables including age, BMI, renal function, and APTT levels were analyzed.

Results. CES1 rs8192935, BMI, and APTT were significant independent predictors of trough dabigatran concentration ($p < 0.05$). Patients carrying the GG genotype of rs8192935 showed higher peak plasma dabigatran levels (138.8 ± 100.1 ng/ml) compared with AG (98.7 ± 72.3 ng/ml) and AA (100.9 ± 59.6 ng/ml) genotypes, suggesting faster biotransformation in GG carriers. In contrast, ABCB1 polymorphisms and other CES1 variants showed no significant effect on plasma concentrations ($p > 0.05$).

Conclusions. These results highlight the pharmacogenetic influence of CES1 rs8192935 on dabigatran metabolism in Kazakhstani NVAF patients. Integrating genetic profiling with clinical factors may enable personalized DOAC dosing strategies, optimizing anticoagulation efficacy and safety. This study underscores the importance of pharmacogenomics in guiding anticoagulant therapy.

Keywords: Dabigatran, Apixaban, ABCB1, CES1, Pharmacogenetics, NVAF

Acknowledgement: The study was supported by grants from the Ministry of Science and Higher Education, Republic of Kazakhstan (BR24993023, AP23490249) and Nazarbayev University CRP (211123CRP1608).

IPCAPS-Based Assessment of Population Structure in the Kazakh Population for Ancestry-Informative Marker Discovery

Zhassulan Zhaniyazov[1,2], Elmira Khussainova[1], Nazym Altynova[1], Lyazzat Musralina[1], Nurzhibek Kakhbatkyzy[1], Olzhas Iksan[1], Akmaral Kulatayeva[1], Aikorkem Mustafayeva[1], Saida Tokmurzina[1], Ainash Childebayeva[1,3,4], Johannes Krause[4], Leyla Djansugurova[1*]

[1]*Institute of Genetics and Physiology, Almaty, 050060, Kazakhstan*
[2]*Satbayev University, Almaty, 050013, Kazakhstan*
[3]*University of Texas at Austin, TX, Austin, 78712, USA*
[4]*Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology, Leipzig, 04103, Germany*

*Corresponding author: zhas0203@mail.ru

Background: Ancestry-informative markers (AIMs) are polymorphic loci, most commonly single nucleotide polymorphisms (SNPs), that display substantial allele-frequency differences among populations. These markers enable the inference of individual ancestry and population affiliation. AIMs are widely applied in forensic genetics for biogeographical ancestry estimation of unknown DNA samples, in genome-wide association studies to address population stratification, and in population genetics to examine admixture patterns and historical population structure. The development of a population-specific AIM panel for Kazakh individuals holds considerable practical value, particularly given the lack of representation of Central Asian populations in existing ancestry marker panels.

Materials and methods: To assess population structure in the Kazakh population as a basis for the discovery of ancestry-informative markers (AIMs), a merged genome-wide genotype dataset was compiled from multiple sources. The dataset included 624 self-identified Kazakhs and individuals from other ethnic groups residing in Kazakhstan, genotyped on the Illumina GSA v3 microarray chips, neighboring and linguistically related populations from the Estonian Biocentre dataset, and selected global reference populations from the 1000 Genomes Project. All datasets were standardized to the GRCh38/hg38 reference genome and harmonized with respect to SNP identifiers, genomic coordinates, and allele strand orientation prior to merging. The final merged dataset comprised 1,829 individuals and 80,766 shared SNPs. Population structure was evaluated using IPCAPS on an LD-pruned dataset of 52,061 variants, applying an EigenFit threshold of 0.18 and a minimum pairwise F_ST of 0.0008, to identify a genetically coherent Kazakh subset for downstream AIM discovery.

Results: IPCAPS analysis found that most Kazakh individuals grouped within a main Central Asian-related branch. Of 624 Kazakh samples, 612 were placed in a major cluster that also included a few neighboring populations that were genetically similar. The other 12 Kazakh samples were distributed across smaller clusters alongside other nearby groups, indicating some internal diversity within the Kazakh dataset. These results suggest that most Kazakh samples form a genetically consistent core within the wider Central Asian genetic landscape. However, since some Kazakh samples cluster with related regional groups, future AIM discovery should look for markers that identify both Kazakh ancestry and differences from other Central Asian populations.

Conclusion: The IPCAPS results indicate that the Kazakh population occupies a distinct yet closely connected position within the broader Central Asian genetic landscape. This supports the feasibility of identifying ancestry-informative markers for the Kazakh population and highlights the importance of developing both Kazakh-informative AIMs and broader Central Asian–informative AIMs for future population-genetic, forensic, and biomedical applications.

Keywords: Ancestry-informative markers (AIMs), microarray genotyping, single nucleotide polymorphism (SNP), population structure.

Whole-genome sequencing of *Cervus elaphus sibiricus* using Oxford Nanopore Technologies

Rakhimbek Bektayev[1,2*], Asset Daniyarov[1,4], Dinara Askar[5], Diana Samatkyzy[3], Aidana Gabdulkayum[3], Nursulu Altaeva[2], Ferdinand Molnar[5], Ainur Akilzhanova[3], Ulykbek Kairov[1]

[1]*Laboratory of Bioinformatics and Systems Biology, Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[2]*Astana Medical University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[3]*Laboratory of Genomic and Personalized Medicine, Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[4]*Faculty of Natural Sciences, L. N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[5]*Department of Biology, School of Sciences and Humanities, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*

*Corresponding author: rakhimbek.bektayev@nu.edu.kz

The red deer (*Cervus elaphus*) plays an important role in ecosystems and the culture of various peoples. Historically, it has been hunted for meat, hides, and antlers, while in modern times deer farming has become a commercial industry producing dietary supplements, including velvet antler-derived products used in traditional Eastern medicine. The maral (*Cervus elaphus sibiricus*), one of the easternmost subspecies of red deer, is notable for its exceptionally rapid antler growth, which makes its velvet antlers highly valuable. This subspecies inhabits Kazakhstan, China, Mongolia, and Russia. It is well adapted to harsh climates and limited nutritional resources and ranks among the largest members of the species. Taking this into account, we report a *de novo* genome assembly of maral, generated using Oxford Nanopore Technologies.

A blood sample was collected from a single maral individual, and DNA was sequenced using Oxford Nanopore Technologies[1] (PromethION) with 25× coverage. Genome assembly were produced with Flye[2], followed by two polishing rounds with ONT reads via Racon[3], and two rounds of scaffolding using ntLink[4]. Assembly quality was assessed using BUSCO[5] which compared the genome against the *cetartiodactyla_odb10* database containing 13,335 orthologous genes.

The consensus genome assembly achieved a BUSCO completeness score of 98.5%, indicating a high level of completeness based on universal single-copy orthologs.

The obtained genome assembly serves as a valuable genomic resource to support breeding programs and conservation of maral populations.

Assembly metric	Value
Contigs	2,725
Scaffolds	2,061
Scaffold N50 (bp)	35,715,801
Largest scaffold (bp)	92,905,721
Total length (bp)	2,575,197,249
GC content (%)	41.64
Complete BUSCOs	98.5

Figure. QUAST metrics and BUSCO assessment results of the sequencing data

Keywords: Maral, Oxford Nanopore Technologies (ONT), *de novo* assembly, Kazakhstan, whole genome sequencing (WGS)

References:

1. Brown, C.G. & Clarke, J. Nanopore development at Oxford Nanopore. Nat. Biotechnol. 34, 810–811 (2016).

2. Kolmogorov, M., Yuan, J., Lin, Y. & Pevzner, P.A. Assembly of long, error-prone reads using repeat graphs. Nat. Biotechnol. 37, 540–546 (2019).

3. Fang, L. & Wang, K. Polishing high-quality genome assemblies. Nat. Methods 19, 649–650 (2022).

4. Coombe, L., Warren, R.L., Wong, J., Nikolic, V. & Birol, I. ntLink: a toolkit for de novo genome assembly scaffolding and mapping using long reads. Curr. Protoc. 3, e733 (2023).

5. Simão, F.A., Waterhouse, R.M., Ioannidis, P., Kriventseva, E.V. & Zdobnov, E.M. BUSCO: assessing genome assembly and annotation completeness with single-copy orthologs. Bioinformatics 31, 3210–3212 (2015).

Молекулярно-биохимическая оценка качества зерна яровой мягкой пшеницы

Фируз Абдуллоев[1], Людмила Зотова[1], Элмира Дюсибаева[1], Тимур Савин[2]

[1]*Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина, Астана, 010000, Казахстан*
[2]*ТОО «НПЦЗХ им.А.И.Бараева», п. Шортанды, 021601, Казахстан*

*Автор-корреспондент: firuztj09@inbox.ru

Актуальность: В условиях изменения климата и поддержания продовольственной безопасности страны, повышение качества зерна мягкой пшеницы должно повышаться наряду с сохранением адаптивности и стабильности продуктивности, что требует применения молекулярно-генетических подходов для выявления аллельного разнообразия генов качества [1].

Материалы и методы: В рамках работы исследованы 18 образцов яровой мягкой пшеницы: отечественные сорта (Акмола 2, Акмола, Айна, Таймас) и селекционные линии (ПГ-1, ПГ-2 – ПГ-12, ПГ-14, ПГ-15) методами биохимического анализа (белок, клейковина, масса 1000 зерен, натура, стекловидность), SDS-PAGE электрофореза белков [2] и ПЦР-анализа локусов Glu-A1, Glu-B1, Glu-D1, Wx-A1 и Wx-D1 [3]. Статистическая обработка выполнена с использованием корреляционного анализа и ANOVA.

Результаты: Установлена высокая вариабельность признаков: содержание белка 11,0-16,3%, клейковины 15,0-43,6%, масса 1000 зерен 14,6-32,9 г, натура 536-744 г/л, стекловидность 39-60%. SDS-PAGE выявил полиморфизм белкового спектра, особенно в зоне 80-120 кДа (HMW-GS); генотипы с ≥3 интенсивными HMW-бэндами характеризовались более высоким качеством клейковины. Установлены достоверные ассоциации GluD1y10 и GluD1y12 с содержанием клейковины и GluBx7 с натурой и массой 1000 зерен ($p < 0,05$). Корреляции носили преимущественно слабый характер ($r \leq 0,29$), что подтверждает полигенный характер признаков.

Заключение: Комплексный анализ подтвердил эффективность интеграции биохимических, протеиновых и молекулярных методов для оценки селекционного материала. Выделены перспективные генотипы (Айна, Акмола 2 , ПГ-2, ПГ-7, ПГ-10, ПГ-12), которые могут быть использованы в селекции на улучшение качественных показателей зерна пшеницы. Необходимы дальнейшие исследования с расширением выборки и углубленным молекулярным анализом.

Благодарности: Данное исследование проведено в рамках научно-технической программы ПЦФ на 2024-2026 гг. (МСХ РК) ИРН: BR24892821 "Селекция и первичное семеноводство зерновых культур для повышения потенциала продуктивности, качества и стрессоустойчивости в различных почвенно-климатических зонах Казахстана".

Ключевые слова: пшеница, запасные белки, локусы Glu, локусы Wx, SDS-PAGE

Список литературы:

1. Zhang, Y., Li, X., Wang, J., Yan, Y., He, Z., Xia, X. Genetic variation of gluten proteins and its relationship with wheat processing quality. Food Chemistry 344, 128623 (2021).

2. Bouabdellah, N., Chacón, E., Benavente, E., Ruiz, M., Giraldo, P., Pascual, L. Image assisted quantification of high and low molecular weight glutenin fractions in wheat by SDS-PAGE. Journal of Cereal Science (2024).

3. Liu, S.X., Chao, S.M., Anderson, J.A. New DNA markers for high molecular weight glutenin subunits in wheat. Theoretical and Applied Genetics 118, 177–183 (2008).

Application of KASP markers for marker-assisted breeding of spring bread wheat in Kazakhstan

Saule Abugalieva[1], Akerke Amalova[1], Timur Savin[2], Yerlan Turuspekov[1*]

[1]*Laboratory of Molecular Genetics, Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan*
[2]*A.I. Barayev Research and Production Center for Grain Farming, Akmola region, Kazakhstan*

*Corresponding author: yerlant@yahoo.com

Background: Spring bread wheat is a key cereal in Kazakhstan, playing a crucial role in ensuring food security and agricultural sustainability. However, improving its adaptability and resistance to abiotic and biotic stresses remains a major challenge. The application of modern genomic tools, including SNP-based markers and genome-wide association studies (GWAS), enables the identification of genetic factors controlling important agronomic traits. The development and implementation of DNA markers are essential for increasing the efficiency of breeding programs aimed at improving productivity, stress tolerance, and disease resistance.

Materials and Methods: A collection of 87 spring soft wheat accessions, including 85 breeding lines and two standard cultivars (Taimas and Aina), was analyzed using 20 polymorphic KASP (Kompetitive Allele Specific PCR) markers associated with traits of adaptation and disease resistance. DNA extraction, PCR amplification, and electrophoresis were performed according to standard protocols. The selected markers were previously developed based on GWAS and QTL mapping and are linked to traits such as heading time, maturity, plant height, and resistance to rust diseases and powdery mildew. Statistical analyses, including genetic diversity indices (Na, Ne, Shannon index), principal coordinate analysis (PCoA), and cluster analysis, were conducted using GenAlex and PAST software.

Results: Genotyping of 87 spring soft wheat samples revealed clear genetic differentiation based on allelic variation across the 20 KASP markers. Cluster analysis divided the collection into four groups, reflecting genetic relatedness among the lines. Several genotypes (PG-27, PG-37, PG-46, PG-51, and PG-59) demonstrated high adaptive potential and disease resistance, while others (PG-22, PG-33, PG-44, PG-61, and PG-72) showed early maturity traits favorable for short growing seasons.

Conclusion: The study confirms the effectiveness of KASP marker technology for evaluating genetic diversity and identifying promising spring soft wheat genotypes. The selected lines represent valuable genetic resources for marker-assisted breeding aimed at improving adaptability, stress tolerance, and disease resistance. The integration of molecular markers into breeding programs provides a solid basis for developing high-yielding and resilient wheat varieties adapted to Kazakhstan's environmental conditions.

Acknowledgement: This research was funded by the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan (Program No. BR24892821).

Keywords: bread wheat, genotyping, KASP marker, marker assisted selection.

Population Genetics and Species Distribution Modeling of the Rare Species *Iris kuschakewiczii* B.Fedtsch.

Aruzhan Alikhanova[1,2], Shyryn Almerekova[1], Yerlan Turuspekov[1*]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*
[2]*Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, 050040, Kazakhstan*

*Corresponding author: yerlant@yahoo.com

Iris kuschakewiczii is a rare perennial bulbous plant that is endemic to the Western Tien-Shan and listed in The Red Book of Kazakhstan. It grows in the foothills and low mountains, on rubbly slopes, and on red, clayey mounds in Kazakhstan and Kyrgyzstan. The representatives of the genus are highly ornamental and are known for various medicinal properties.

Plant material from eight populations was analyzed using six simple sequence repeat (SSR) markers to assess genetic diversity parameters. The average PIC value was 0.4368, with the marker IM196 showing the highest value (0.731). Nei's genetic diversity index averaged 0.272. The AMOVA revealed that 64% of the total genetic variation was among populations, indicating a high level of differentiation among populations. Gene flow, including alleles from all populations, was estimated at 0.636. The results showed clear separation among populations, confirming limited gene flow and emphasizing the need to conserve each population as a distinct genetic unit.

This study employed MaxEnt to project the distribution of *I. kuschakewiczii* under current and three future climate change scenarios (SSP126, SSP245, SSP585) for two time periods (2050s and 2090s). Prediction models showed high validity (AUC=0.997) and strong accuracy. The analysis showed that only 26.7% of the total highly suitable area is protected by reserves and nature parks, underlying the need for conservation. The recently founded Kurty Valley Important Plant Area in Kazakhstan provides a strong foundation for the scientific conservation of I. kuschakewiczii.

This study presents a primary analysis of the genetic diversity of I. kuschakewiczii using SSRs, and insights into the potential habitat distribution dynamics of the endangered *I. kuschakewiczii*, and offers a basis for strengthening international conservation and sustainable management strategies in the face of climate change.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP23483825).

Keywords: Population genetics, Species Distribution Modeling, MaxEnt, conservation strategies

References:

1. Crișan, I. The Genus Iris Tourn. ex L.: Updates on Botany, Cultivation, Novel Niches and Impactful Applications. Plants 14, 2870 (2025).

2. Phillips, S. J., Dudík, M., Schapire, R. E. Maxent software for modeling species niches and distributions. Version 3.4.1.

3. Calvin, K. et al. IPCC, 2023: Climate Change 2023: Synthesis Report. Contribution of Working Groups I, II and III to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change [Core Writing Team, H. Lee and J. Romero (Eds.)]. IPCC, Geneva, Switzerland. https://www.ipcc.ch/report/ar6/syr/ (2023) doi:10.59327/IPCC/AR6-9789291691647.

4. Dubynin A.V. Petrophytic shrub communities with the participation of Tulipa regelii Krasn. and their protection. Bot. Bot. Changing World: Proc. Int. Conf. 71–76. 10.17223/978-5-7511-2661-2/16. (2023).

Assessment of genetic diversity in *Zea mays* L. accessions revealed by simple sequence repeat markers

Alan Ibraimov[1], Moldir Yermagambetova[1], Shyryn Almerekova[1], Sabir Makhmadzhanov[2], Anarbai Ortaev[3], Yerlan Turuspekov[1*]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan*
[2]*Agricultural Experimental Station for Cotton and Melon Growing, Turkestan region, Kazakhstan*
[3]*Krasnovodopad Agricultural Experimental Station, Turkestan region, Kazakhstan*

*Corresponding author: yerlant@yahoo.com

Maize (*Zea mays* L.) is a major cereal crop worldwide, valued for its genetic diversity and adaptability. Despite the widespread use of molecular markers worldwide, studies on simple sequence repeat (SSR) - based genetic diversity in Kazakhstan remain limited. Comprehensive characterization of local and introduced germplasm is crucial for breeding and conservation.

A total of 51 maize accessions, including Kazakhstan, European, and Chinese materials, were analyzed using 21 SSR markers. Genomic DNA was extracted and amplified; PCR products were separated by electrophoresis. Genetic diversity parameters, number of alleles per locus (Na), effective number of alleles (Ne), polymorphism information content (PIC), Shannon's information index (I), Nei's diversity index (uh), and expected heterozygosity (uHe) were calculated using GenAlEx version 6.5. Population structure and genetic relationships were evaluated with STRUCTURE analysis, classical dendrogram construction, and analysis of molecular variance (AMOVA).

Overall, 132 alleles were detected. *Na* ranged from 4.3 to 5.9 (mean 4.95±0.20), and *Ne* from 2.848 to 3.804 (mean 3.42±0.15). Shannon's index (*I*) varied from 1.121 to 1.430, and Nei's index (*uh*) from 0.611 to 0.710. Expected heterozygosity (*uHe*) ranged from 0.607 to 0.708, and all loci showed 100% polymorphism. The mean PIC value was 0.712±0.1, indicating high informativeness of SSR markers. AMOVA revealed that most genetic variation (70%) occurred among accessions, while 30% was observed within, reflecting admixture alongside distinct origins. Cluster and structure analyses confirmed the coexistence of several distinct groups alongside admixture among accessions.

These results indicate a moderate level of genetic diversity among maize accessions. SSR markers were effective for detecting polymorphism and assessing population structure. The study provides valuable insights into genetic variation, supporting maize breeding, germplasm conservation, and the development of new cultivars in Kazakhstan.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Program No. BR24992903).

Keywords: *Zea mays*, maize, Kazakhstan, SSR, genetic diversity, polymorphism.

Молекулярно-генетическое исследование клонов межвидовых гибридов и сортов картофеля в коллекции ВИР

Екатерина Иванова*, Алёна Гурина, Наталья Алпатьева, Надежда Чалая, Елена Рогозина

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, 190031, Россия

*Автор-корреспондент: ekaterinazavarikhina@yandex.ru

Введение: Выяснение генетических особенностей межвидовых гибридов картофеля, возникших в результате интрогрессии генетического материала диких клубнеобразующих видов рода *Solanum* L. в геном культурного картофеля, актуально для совершенствования технологии селекции при создании сортов картофеля устойчивых к вредным организмам.

Материалы и методы: Сложные, многородительские и межвидовые гибридные клоны из коллекции ВИР, полученные путем отдаленных скрещиваний диких и культурных видов Solanum с последующим отбором по комплексу селекционно- и хозяйственно-ценных признаков, оценены по устойчивости к фитофторозу листьев и клубней (*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary). Молекулярно-генетический скрининг клонов межвидовых гибридов, отечественных и зарубежных сортов картофеля проведен с помощью праймеров, разработанных для выявления генов *Rpi* (устойчивости к фитофторозу): *R1, R3b, R8, Rpi-blb1 = Rpi-sto1* и *Rpi-blb2*. Фрагменты кодирующих последовательностей генов секвенированы по методу Сэнгера.

Результаты: Выявлены клоны межвидовых гибридов и сорта картофеля с высокой устойчивостью к фитофторозу листьев и клубней и с разными комбинациями и числом Rpi-генов. Секвенирование фрагментов кодирующих последовательностей Rpi-генов позволило идентифицировать новые аллельные варианты генов *R1, R3b, R8, Rpi-blb1 = Rpi-sto1, Rpi-blb2*, сходство которых с референсными последовательностями составляет 86,7-99,7%. Вариант *Rpi-blb1* у гибридного клона 16/27-09 имеет несколько SNP в последовательности нуклеотид-связывающего (NB-ARC) домена, но является консервативным в области, кодирующей Ser347, ключевую аминокислоту для функционирования белка *Rpi-blb1/RB* (Li et al. 2025). Мы полагаем, что данный вариант гена *Rpi-blb1* является функциональным. Напротив, в нуклеотидной последовательности третьего LLR повтора белка *Rpi-blb2* у исследованных клонов был обнаружен преждевременный стоп-кодон, что позволяет предположить, что данный вариант кодирует нефункциональный гомолог гена *Rpi-blb2*.

Выводы: Изучение обширного пула клонов межвидовых гибридов картофеля из коллекции ВИР расширяет представления о генетической основе устойчивости *Solanum* L. к фитофторозу, способствует углублению знаний о разнообразии R-генов, участвующих в защите картофеля от вредных организмов.

Благодарность: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект №25-46-02027).

Ключевые слова: фитофтороз, гены *Rpi*, SCAR маркер, SNP.

Литература:

1. Li, J., Mantelin, S., Armstrong, M. et al. Solanum bulbocastanum nucleotide-binding leucine-rich repeat receptor evolution reveals functional variants and critical residues in Rpi-blb1/RB. J. Integr. Plant Biol. 00: 1–19 (2025). https://doi.org/10.1111/jipb.13950

Коллекция межвидовых гибридов картофеля ВИР, как источник ценных признаков для селекции на пригодность к переработке.

Григорий Писаренко*, Алла Соловьёва, Надежда Чалая

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, 190031, Россия

*Автор-корреспондент: cheiser@list.ru

Введение: В настоящее время, в индустрии картофеля всё большее значение приобретает целевое выращивание сортов. В условиях меняющегося рынка одним из востребованных направлений в селекции картофеля становятся сорта для переработки на картофелепродукты. Перерабатывающей промышленности требуются сорта, обладающие нужными биохимическими показателями и хозяйственно-ценными признаками.

Цель работы - изучить селекционную ценность образцов межвидовых гибридов картофеля из коллекции ВИР для технологической переработки на картофелепродукты.

Материал и методы: Проведена оценка биохимического состава, скорости и интенсивности потемнения сырой мякоти клубней, а также пригодности к переработке на хрустящий картофель (чипсы) 37 межвидовых гибридов картофеля различных групп спелости и 6 сортов отечественной и зарубежной селекции, которые использованы как сорта-стандарты. Образцы выращивали в 2023-2025 гг. на опытных участках Научно-производственной базы «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» в г. Пушкин (СПб). Биохимический анализ проводили в отделе биохимии и молекулярной биологии ВИР после уборки и после пяти месяцев хранения при t + 3-5˚С.

Результаты: Выделены образцы со стабильно высокими показателями по содержанию сухого вещества до и после хранения: сорта Накра (29,00-28,96%), VR 808 (26,68-26,40%); гибриды 4225 BAZ (26,76-26,28%) 144-3-2013 (27,2-26,84%) и с наименьшим содержанием сухого вещества: сорт Red Scarlett (17,2-17,8%) и гибрид 912-1-2018 (18,80-21,96%). Содержание редуцирующих сахаров после уборки клубней у 30 гибридов и 6 сортов не превышало допустимое значение (0,4%) и составило 0,07-0,4%, у 7 образцов был выше 0,4%. Однако, после пяти месяцев хранения у всех изучаемых образцов этот показатель превышал допустимое значение (1,00-2,56 %), Выделены два межвидовых гибрида с наиболее низким содержанием редуцирующих сахаров после хранения: 4225 BAZ (0,67%) и 144-3-2013 (0,87%). Анализ результатов оценки клубней на скорость и интенсивность потемнения сырой мякоти по результатам трех лет изучения подтвердил стабильность признака «не темнеющая мякоть» по прошествии времени (2 часа) у образцов 16/27-09 (9 баллов), 4225 BAZ (9), 97-159-3 (9), 912-1-2018 (9) и сорта стандарта Варяг (8). По результатам оценки на хрустящий картофель выделены пять образцов с оценкой 9 баллов, которые обладают соломенно-желтой окраской после жарки без темных пятен: 4225 BAZ, 99-6-5, 144-3-2013, 999-4-2020, VR- 808.

Заключение: В коллекции межвидовых гибридов картофеля ВИР выделены образцы, перспективные к переработке на хрустящий картофель, картофель «фри», крахмал, вакуумированный очищенный картофель и др. сочетающие в себе комплекс полезных для селекции признаков. Эти образцы могут быть рекомендованы, как исходный материал для создания сортов пригодных к переработке различного пищевого направления.

Благодарность: исследование выполнено в рамках темы НИР FGEM-2025-0005 «Совершенствование подходов и методов *ex situ* сохранения идентифицированного генофонда клубнеплодных культур (картофель, топинамбур) и их диких родичей, разработка технологий их эффективного использования в селекции».

Ключевые слова: картофель, пригодность к переработке, потемнение сырой мякоти клубней, редуцирующие сахара.

Қазақстанда салат (*Lactuca sativa L.*) өндірудің жағдайы мен селекциялық дамуының болашақтары

К.Т. Мендигалиева*, К.Б. Батырбаева, Н.Ж. Жанбыршина, Д.Б.Рахманов

С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Астана, 010011, Қазақстан

*Байланыс автор: Pshenbai.kerimgul@mail.ru

Кіріспе: Қазақстанда салат (*Lactuca sativa* L.) селекциясын дамытудың басымдықтары мен инновациялық әдістеріКөкөніс шаруашылығы – азық-түлік қауіпсіздігінің стратегиялық саласы. Соның ішінде салат (*Lactuca sativa* L.) биоактивті қосылыстардың негізгі көзі болып табылады [1]. Қазақстанда бұл дақылдың импорты маусымаралық кезеңде 60-70%-ды құрап, отандық сұраныс толық қанағаттандырылмай отыр [2,3]. Осыған байланысты, еліміздің агроэкологиялық аймақтарына, соның ішінде гидропоникаға бейімделген отандық сорттарды шығару өзекті мәселе.Зерттеу мақсаты: Отандық және шетелдік селекцияның жай-күйін талдап, заманауи әдістердің тиімділігін негіздеу.

Материалдар мен әдістер:

1. Дәстүрлі технологиялар: Гибридизацияда жоғары тиімділікті (98-100%) қамтамасыз ететін «Clip-and-wash» кастрациялау әдісі зерделенді [4].
2. Молекулалық инновациялар: Селекциялық процесті жеделдетудегі MAS технологиясы мен SSR/SNP маркерлерінің, сондай-ақ геномды редакциялаудың (CRISPR/CAS) рөлі талданды [5,6,7].

Нәтижелер: 2026 жылғы мәлімет бойынша, Қазақстанда жылыжайлар саны 10%-ға артып, 2319-ға жеткенімен, олар негізінен шетелдік сорттарға тәуелді [8]. Зерттеу барысында «Clip-and-wash» әдісінің өздігінен тозаңдану қаупін жойып, сапалы тұқым алудағы артықшылығы дәлелденді [4]. Сонымен қатар, SSR маркерлерін қолдану молекулалық деңгейде «генетикалық паспорт» жасауға және селекциялық циклді 15 жылдан 5-7 жылға дейін қысқартуға мүмкіндік береді [7,9]. Айтбаевтың (2025) зерттеулері инновациялық гибридизация мен органикалық селекцияны ұштастырудың нутрицевтикалық құндылықты арттыратынын көрсетті [2].

Қорытынды: Классикалық селекция мен заманауи биотехнологиялық құралдардың (MAS, SNR) синергиясы – импортты алмастырудың және халықты функционалды тағаммен қамтамасыз етудің негізгі тетігі. Бұл тәсіл Қазақстанның қорғалған топырақ жағдайына бейімделген, бәсекеге қабілетті отандық сорттарды алуға жол ашады.

Пайдаланылған әдебиеттер тізімі:

1. Kim, M. J. Nutritional value, bioactive compounds and health benefits of lettuce (Lactuca sativa L.) / M. J. Kim, Y. Moon, J. C. Tou // Journal of Food Composition and Analysis. – 2016. – Vol. 49. – P. 19-34.
2. Aitbayev, T., Nusupova, A., Ibragimova, G., & Manabaeva, U. (2025). Role of breeding in the development of organic vegetable production in Kazakhstan. Bulletin of the Kyrgyz National Agrarian University. https://doi.org/10.63621/bknau./2.2025.21.
3. Арнатович, М. Современные тенденции развития рынка плодоовощной продукции в зарубежных странах и Республике Беларусь / М. Арнатович // Аграрная экономика.– 2020. – № 5. – С. 37-42.
4. Kovalchuk, M. (2024). Comparison of the effectiveness of various lettuce (Lactuca sativa L.) hybridization methods. Vegetable crops of Russia. https://doi.org/10.18619/2072-9146-2024-5-5-11.
5. Hassan, M., Mekkawy, S., Mahdy, M., Salem, K., & Tawfik, E. (2021). Recent molecular and breeding strategies in lettuce (Lactuca spp.). Genetic Resources and Crop Evolution, 68, 3055 - 3079. https://doi.org/10.1007/s10722-021-01246-w.
6. Загнухина Н.А., Курина А.Б. Межвидовая гибридизация и клеточная инженерия салата (Lactuca L.). Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2024;185(3):256-264. DOI: 10.30901/2227-8834-2024-3-256-264
7. Kumawat, G., Kanta Kumawat, C., Chandra, K., Pandey, S., Chand, S., Nandan Mishra, U., Lenka, D., & Sharma, R. (2021). Insights into Marker Assisted Selection and Its Applications in Plant Breeding. In Plant Breeding - Current and Future Views. IntechOpen. https://doi.org/10.5772/intechopen.95004
8. https://stat.gov.kz/ru/news/kolichestvo-teplits-vyroslo-na-10/?sphrase_id=2021735
Patella A, Palumbo F, Galla G, Barcaccia G. The Molecular Determination of Hybridity and Homozygosity Estimates in Breeding Populations of Lettuce (Lactuca sativa L.). Genes (Basel). 2019 Nov 9;10(11):916. doi: 10.3390/genes10110916. PMID: 31717592; PMCID: PMC6895879

Мониторинг развития вредной черепашки на современных сортах озимой пшеницы в Казахстане и Узбекистане

Шынболат Рсалиев[1*], Арман Баймагамбетов[1*], Айдархан Есеркенов[1], Нурбахыт Оразалиев[2], Саидмурат Бабоев[3]

[1]*Казахский НИИ земледелия и растениеводства, Алмалыбак, 040909, Казахстан*
[2]*Красноводопадская сельскохозяйственная опытная станция, Саркырама, 160914, Казахстан*
[3]*Институт генетики и экспериментальной биологии растений, Ташкент, 111226, Узбекистан*

*Авторы-корреспонденты: shynbolat63@mail.ru, tatoochy@bk.ru

В последние годы в Центральной Азии в связи с засушливостью климата на посевах озимой пшеницы встречается комплекс сосущих вредителей, среди которых наиболее вредоносным является клоп вредная черепашка (*Eurygaster integriceps* Puton). В статье показано развитие клопа вредной черепашки на посевах озимой пшеницы в Казахстане и Узбекистане с учетом погодно-климатических условий в 2023-2025 годы. Определены основные показатели – температурный режим в регионах, фазы развития вредителя и растений, признаки пассивной защиты и адаптивность современных сортов пшеницы к условиям возделывания.

Ключевые слова: озимая пшеница, клоп вредная черепашка, мониторинг развития вредителя, устойчивость.

Введение: Клоп вредная черепашка является экономически опасным вредителем, который представляет значительную угрозу для производства пшеницы во многих странах [1,2]. Использование инсектицидов остается основной стратегией борьбы с вредителем [3,4]. Однако интенсивное применение инсектицидов приводит к загрязнению окружающей среды, гибели естественных врагов и возникновению различных экологических рисков [5]. Глобальное изменение климата лишь усугубляют проблемы защиты растений от вредителя и приводит к потерям урожая [6,7]. В Казахстане и Узбекистане в отдельные годы увеличиваются популяции вредной черепашки в районах выращивания озимой пшеницы [8,9]. В данной работе показаны результаты мониторинга клопа вредной черепашки на современных сортах озимой пшеницы для совершенствования селекции на устойчивость.

Материалы и методы: Исследования проведены в 2023–2025 годы в опытных участках Казахского НИИ земледелия и растениеводства (N43°23’77” E76°69’68”), Алматинская область (N43°49’49” E76°66’21”), Красноводопадской сельскохозяйственной опытной станции, Туркестанская область (N41°46’40” E69°43’66”), а также в Институте генетики и экспериментальной биологии растений, Ташкентская область (N41°36’71” E69°40’21”). В Алматинской, Туркестанской и Ташкентской областях определено развитие вредителя на сортах озимой пшеницы Алмалы, Аманат, Богарная 56, Дулати, Жетысу, Стекловидная 24 (Алматинские сорта), Красноводопадская 210, Память 47, Шөл, Южная 12 (Красноводопадские сорта), Bardosh, Ezoz, Ilgor (Ташкентские сорта). При мониторинге изучили фазы развития вредителя и растений, морфологические признаки сортов пшеницы. В каждом регионе определили гидротермический коэффициент (ГТК) и сумму эффективных температур (СЭТ) [10,11].

Результаты: В южном регионе Казахстана и в Узбекистане в 2023–2025 годы вегетационный период был разнообразным. В 2023 и 2025 годы в мае и июне месяцы отмечена высокая температура воздуха при минимальном количестве осадков (ГТК <0,3), которые привели к снижению численности вредителя. В 2024 году при температуре 20–25 °C

и ГТК 0,5–0,7 созданы оптимальные условия для развития вредителя. Показаны фазы развития клопа вредной черепашки и виды повреждения пшеницы вредителем (рисунок).

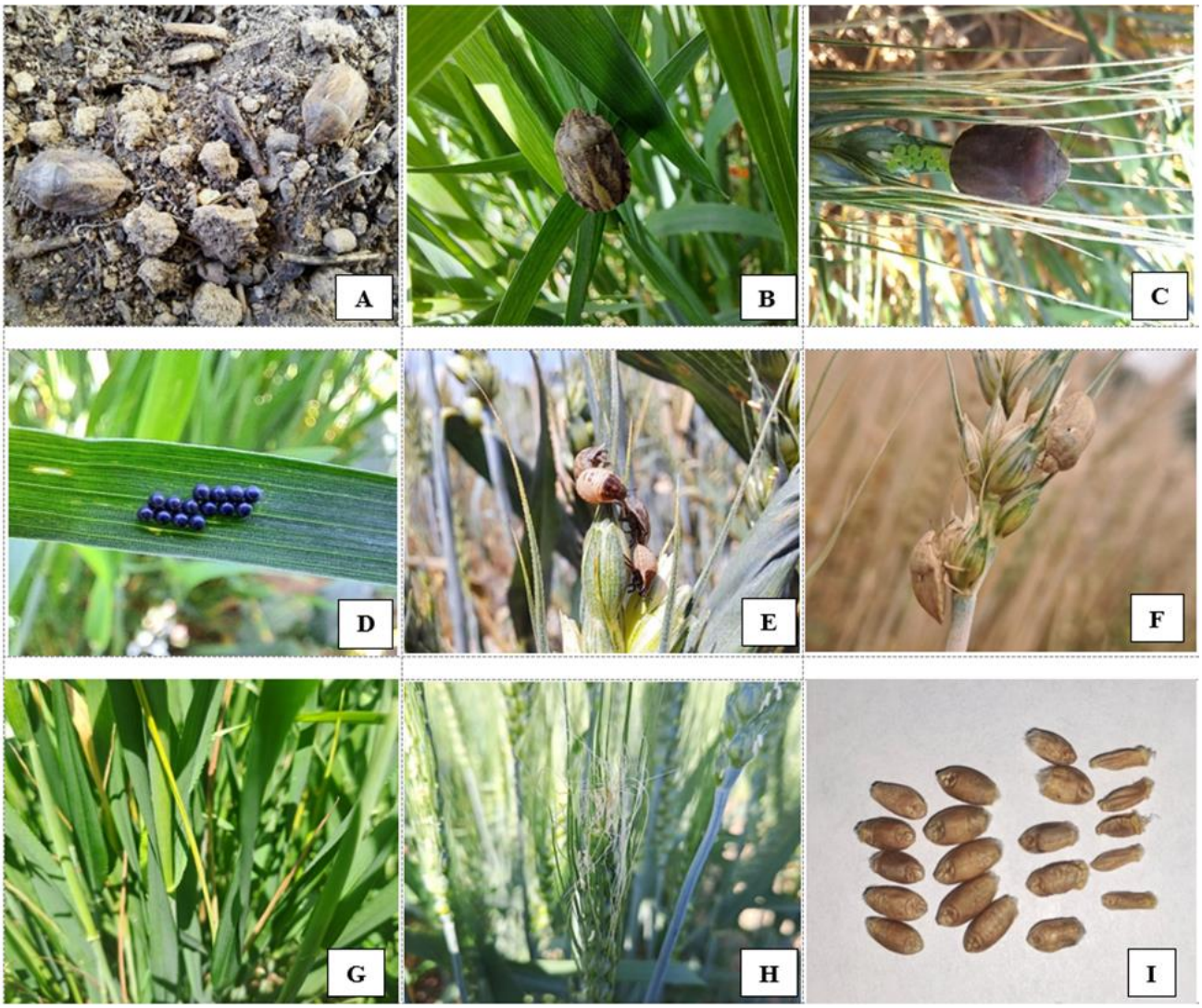


Рисунок 1. Фазы развития клопа вредной черепашки и виды повреждения вредителем: A – Зимовка клопов под деревьями, B – Весенний прилет клопа на посевы пшеницы, C – Откладка яиц на колосе пшеницы, D – Развитие яиц на листе, E – Развитие личинок, F – Питание взрослых клопов на колосе пшеницы, G – Повреждение стеблей пшеницы вредителем, H – Повреждение колоса пшеницы, I – Поврежденные зерна пшеницы.

Важным направлением изучения клопа вредной черепашки является отбор сортов пшеницы, обладающих устойчивостью к повреждению вредителем. В опыте отобраны сорта и линии, обладающие признаками пассивной защиты (листья с восковым налетом, опущенные колосья) и адаптивностью к местным условиям возделывания. Включение аналогичных сортов в программы селекции способствует созданию новых генотипов, устойчивых к вредителю.

Выводы: При изучении клопа вредной черепашки (*Eurygaster integriceps* Puton) на современных сортах озимой пшеницы Казахстана и Узбекистана основными показателями являются температурный режим региона, фазы развития вредителя, а также признаки пассивной защиты и адаптивность сортов пшеницы к условиям возделывания.

Благодарность: Исследование финансируется КН МНВО РК, грант ИРН AP23489491.

Список литературы:

1. Davari, A., Parker, B. A review of research on Sunn Pest {*Eurygaster integriceps* Puton (Hemiptera: *Scutelleridae*)} management published 2004–2016. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, **21(1)**, 352–360 (2018). https://doi.org/10.1016/j.aspen.2018.01.016

2. Рсалиев, Ш., Сарбаев, А., Есеркенов, А. Развитие вредной черепашки на озимой пшенице в зерносеющих регионах Казахстана. *Исследования, результаты,* **2–1**, 359–367 (2024). https://doi.org/10.37884/2-1-2024/573

3. Маркарова, Ж. Эффективность инсектицидов против вредной черепашки в зависимости от сроков их применения. *International Journal of Humanities and Natural Sciences*, **9**, 99–103 (2018). https://doi.org/10.24411/2500-1000-2018-10023

4. Шорохов, М., Долженко, В., Силаев, А. Совершенствование ассортимента средств химической защиты озимой пшеницы от клопа вредной черепашки (*Eurygaster integriceps* Put.). *Агрохимия*, **11**, 38–47 (2019).

5. Сухорученко, Г. Резистентность вредных организмов к пестицидам – проблема защиты растений второй половины XX-столетия в странах СНГ. *Вестник защиты растений*, **1**, 18–37 (2001).

6. Bajwa, A., Farooq, M., Al-Sadi, A., Nawaz, A., Jabran, K., Siddique, K. Impact of climate change on biology and management of wheat pests. *Crop Protection*, **137**, 105304 (2020). https://doi.org/10.1016/j.cropro.2020.105304

7. Akbar, M., Aleem, K., Sandhu, K., Shamoon, F., Fatima, T., Ehsan, M., Shaukat, F. A Mini Review on Insect Pests of Wheat and Their Management Strategies. *International Journal of Agriculture and Biosciences*, **12(2)**, 110–115 (2023). https://doi.org/10.47278/journal.ijab/2023.052

8. Zharmukhamedova, G., Sarbaev, A. Sunn Pest in Central Asia: An Historical Perspective. *In: Sunn Pest Management: A Decade of Progress 1994–2004*. Beirut, Lebanon 61–66 (2007).

9. Rsaliyev, S., Yeserkenov, A. Устойчивость озимой пшеницы к повреждению вредной черепашкой на юго-востоке Казахстана. *Scientific-practical symposium on theme "The role of plant genetic resources in global climate change and food security"*. Tashkent, November 7–9, 94–99 (2024). https://doi.org/10.5281/zenodo.14017036

10. Алехин, В. Вредная черепашка. *Защита и карантин растений*, **4**, 32 с. (2002).

11. Артохин, К. Вредители зерновых культур. Москва: Печатный город, 185–204 (2013).

Association of allelic variants of the TaGS5 gene with yield components in spring bread wheat

Dauren Serikbay[1*], Lyudmila Zotova[1], Liang Chen[2]

[1]*GEP "Crop Production", Institute of Agriculture and Forestry, NCJS S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Astana, Kazakhstan;*
[2]*College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling, China*

*Corresponding author: serikbaidauren@gmail.com

Background: The *TaGS5* gene is considered one of the key regulators of grain size and weight in wheat and is regarded as a promising target for yield improvement. Previous studies have shown that allelic variation in *TaGS5* is associated with increased grain size and thousand kernel weight (TKW), as well as overall yield [1]. Favorable alleles of this gene have been reported to correlate with higher grain weight and improved agronomic performance [2]. The *TaGS5-3A* locus is involved in the regulation of yield components, including grain number and grain weight, and participates in complex mechanisms underlying yield formation [3]. At the same time, it is well established that the effect of grain weight-related genes may vary depending on environmental conditions and genetic background [4].

Materials and methods: A total of 112 spring bread wheat accessions of diverse origin were used in this study. Field trials were conducted over four growing seasons under the conditions of the dry steppe zone of Northern Kazakhstan. Genotyping was performed using the Amplifluor-like method [5]. Statistical analysis was carried out using analysis of variance (ANOVA) to evaluate the effect of *TaGS5-3A* allelic variants on yield-related traits separately for each year.

Results: The association between allelic variants of the *TaGS5-3A* gene (*GS5-3A-C* and *GS5-3A-T*) and yield components was analyzed over four years. The results demonstrated that the effect of the gene is mainly expressed through traits related to grain formation and grain weight. The most pronounced effect was observed for grain yield in 2024, where the *GS5-3A-C* allele provided a significant increase (+47.0 g/m²; $p = 0.014$). For thousand kernel weight (TKW), grain weight per spike, and grain number, a general tendency toward higher values was observed in genotypes carrying the *GS5-3A-C* allele; however, these differences were not consistently statistically significant.

Conclusion: The obtained results confirm the association of the *TaGS5-3A* gene with individual yield components, including grain yield and its structural elements. Despite the absence of stable effects across all years, the identified associations indicate a potential role of this gene in regulating grain yield. These findings support the relevance of further investigation and the potential use of *TaGS5-3A* in wheat breeding programs.

Acknowledgement: This study was conducted within the framework of the project "AP23490403 – Molecular genetic evaluation and identification of effective genes and quantitative trait loci (QTLs) associated with productivity in spring soft wheat" (2024–2026).

Keywords: spring wheat, yield, thousand kernel weight, *TaGS5-3A* gene, allelic variation.

References:

1. Ma, L., Li, T., Hao, C., Wang, Y., Chen, X. et al. TaGS5-3A, a grain size gene selected during wheat improvement for larger kernel and yield. Plant Biotechnology Journal 14, 1269–1280 (2016). https://doi.org/10.1111/pbi.12492

2. Zotova, L., Zhumalin, A., Gajimuradova, A., Zhirnova, I., Nuralov, A. et al. Studying the influence of TaGW8 and TaGS5-3A genes on the yield of soft spring wheat in arid climate conditions of the Republic of Kazakhstan. Brazilian Journal of Biology 84, e286189 (2024). https://doi.org/10.1590/1519-6984.286189

3. Tillett, B.J., Hale, C.O., Martin, J.M., Giroux, M.J. Genes impacting grain weight and number in wheat (Triticum aestivum L. ssp. aestivum). Plants 11, 1772 (2022). https://doi.org/10.3390/plants11131772

4. Gao, Y., Li, Y., Xia, W., Dai, M., Dai, Y. et al. The regulation of grain weight in wheat. Seed Biology 2, 17 (2023). https://doi.org/10.48130/SeedBio-2023-0017

5. Khassanova, G., Khalbayeva, S., Serikbay, D., Mazkirat, S., Bulatova, K. et al. SNP genotyping with Amplifluor-like method. Methods in Molecular Biology 2638, 201–219 (2023). https://doi.org/10.1007/978-1-0716-3024-2_14

Genetic polymorphism and adaptations of *Rhodiola* species and ecopopulations

Nina Terletskaya[1], Oxana Khapilina[2], Nazym Korbozova[1], Malika Yerbay[1], Ainur Turzhanova[2], Saule Magzumova[2]

[1]*Institute of Genetic and Physiology, Almaty, Kazakhstan*
[2]*National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan*

*Corresponding author: teni02@mail.ru

Background: *Rhodiola* species has long been used in folk medicine; however, research on thay resources is limited due to the species inaccessibility for collection, and its genetic polymorphysm and methabolom potential has not been previously explored.

Materials and methods: IPBS profiling of the specimens for *R. rosea* L. (populations from Kazakhstan (KZ) and Russia (RU)), *R. semenovii* (Regel and Herder) Boriss., R. linearifolia Boriss., *R. algida* (Ledeb.) Fisch. and C.A. Mey., and *R. quadrifida* (Pallas) Fischer and Meyer. was performed to analyze the hidden genetic variation in the noncoding part of the genomes. The analysis of metabolom of *R. linearifolia* was carried out using gas chromatography–mass spectrometry (GC-MS).

Results: Shoved the high diversity in iPBS genome profiling, what may be associated with the hidden genetic variation in the studied samples for *Rhodiola* species and their high adaptive ability in response to adverse environmental factors, as well as with different adaptation strategies of studied species, evolutionarily determined by the diversity of reproductive systems. The metabolome of various ecopopulations of *R. linearifolia* was analyzed, and the relationship between metabolomic variations and genetic polymorphism was investigated using inter-primer binding site (iPBS) markers. Significant genetic and metabolomic differences were identified among ecopopulations. Notably, experimental confirmation was obtained showing that ecopopulations with higher genetic polymorphism exhibited a more diverse metabolomic profile. Several significant positive correlations ($r = 0.50–0.89$) were observed.

Conclusion: These findings contribute to a deeper understanding of the adaptation mechanisms and provide a foundation both for developing approaches to species' in situ conservation in natural habitats, and optimizing introduction strategies for cultivation outside its natural range.

Rapid speciation and gene flow in genus *Allium* (Amaryllidaceae)

Daniyar Yerbolatov, Shyryn Almerekova, Moldir Yermagambetova, Saule Abugalieva, Yerlan Turuspekov*****

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan

*Corresponding author: yerlant@yahoo.com

The genus *Allium* L. comprises more than 1,000 species and represents one of the most diverse monocot lineages in the Northern Hemisphere. Its morphological and geographical diversity has long complicated taxonomic and evolutionary studies using nuclear and plastid markers. The lack of phylogenetic resolution reflects the complex evolutionary history of the group. Recent advances in next-generation sequencing technologies now provide new opportunities to uncover this complexity and resolve relationships within the genus.

We applied a target enrichment approach using the Angiosperms353 probe set to analyze 47 accessions representing 46 *Allium* species. Phylogenetic trees were reconstructed using concatenation and coalescent methods. The level of gene tree heterogeneity was assessed using Phyparts and multidimensional scaling. The contribution of incomplete lineage sorting (ILS) and hybridization was evaluated with simulations, phylogenetic networks, and D-statistics. Divergence-times were estimated using MCMCtree with fossil calibrations incorporated.

Several subgenera, including *Allium*, *Cepa*, and *Polyprason*, were recovered as non-monophyletic. ILS was identified as the primary driver of phylogenetic discordance, as supported by coalescent simulations and the presence of short internal branches. In addition, phylogenetic network analyses and D-statistics provided evidence that the evolutionary history of Allium has been shaped by reticulate evolution. The origin of *Allium* likely dates to the Early Eocene (~52 Ma), followed by rapid diversification during the Miocene.

This study sheds light on relationships within *Allium*, while also opening new questions about the genus's evolutionary history. The evolution of *Allium* appears to have been shaped by the combined effects of ILS, gene flow, and paleoclimatic change during the Miocene. Further studies with broader taxon sampling and genome data will be essential to better understand the diversification of this complex genus.

Acknowledgement: This research has been funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (AP23490860).

Keywords: *Allium*, phylogenomics, rapid radiation

Comparative Characterization of Chloroplast Genomes in Twelve *Allium* Species from Kazakhstan

Moldir Yermagambetova, Shyryn Almerekova, Alan Ibraimov, Yerlan Turuspekov, Saule Abugalieva*

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050000, Kazakhstan

*Corresponding author: absaule17@gmail.com

The genus *Allium* L. represents one of the largest monocotyledonous groups, with more than 1,000 species mainly distributed in Northern Hemisphere. Despite the high species richness in Kazakhstan, genomic data for many native taxa remain limited, restricting robust phylogenetic inference and evolutionary interpretation.

In this study, complete chloroplast genomes of 12 *Allium* species from Kazakhstan were sequenced using Illumina technology. Genome assembly and annotation were performed using NOVOPlasty and GeSeq, consequently. Comparative analyses included genome structure characterization, nucleotide diversity assessment, SSR identification, and codon usage analysis. Phylogenetic relationships were reconstructed using Maximum Likelihood and Bayesian inference based on concatenated protein-coding genes, and divergence times were estimated using a Bayesian relaxed molecular clock.

All plastomes exhibited a conserved quadripartite structure, with genome sizes ranging from 152,029 to 153,521 bp and identical gene content (137 genes). Sequence divergence was primarily observed in intergenic regions, while coding regions remained highly conserved. Several highly variable regions, including *ycf1*, *matK*, *rpoC2*, and *ycf2* were identified as potential molecular markers. Phylogenetic analyses resolved three major evolutionary lineages within *Allium* with strong statistical support for most nodes. Divergence time analysis indicated that Allium stem lineage originated approximately 47.97 Mya, corresponding to the early Eocene.

This study expands plastome data for *Allium* species and enhances understanding of their phylogenetic relationships and evolutionary history. The identified variable regions provide valuable resources for future phylogenetic and DNA barcoding studies.

Acknowledgement: This research was supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP23490860).

Keywords: *Allium*, Kazakhstan, chloroplast genome, phylogeny.

Genetic Diversity Assessment of Cucumber (*Cucumis sativus* L.) Collection Using SSR Markers

Moldir Yermagambetova[1*], Aigul Nusupova[2], Viktoriya Kruglikova[1,3], Aruzhan Alikhanova[1], Shyryn Almerekova[1]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan*
[2]*Kazakh Scientific Research Institute of Fruit Growing and Viticulture, Almaty, Kazakhstan*
[3]*Kazakh National Agrarian University, Almaty, Kazakhstan*

*Corresponding author: ermaganbetova.moldir@bk.ru

The assessment of genetic diversity in cucumber (*Cucumis sativus* L.) is essential for effective breeding and conservation strategies. In this study, 60 cucumber varieties and lines were analyzed using 15 simple sequence repeat (SSR) markers, of which 10 were polymorphic. These markers covered four chromosomes and exhibited varying levels of informativeness, with polymorphism information content (PIC) values ranging from 0.346 to 0.682. The most informative markers were CS-SSR05723, CS-SSR16056, and CS-SSR23370.

Genetic diversity parameters revealed moderate variability within the collection. The number of alleles per locus ranged from 1.0 to 1.7, while the Shannon index (I) varied from 0 to 0.446 and Nei's genetic diversity index (h) from 0 to 0.467. The percentage of polymorphic loci (%P) ranged from 0% to 70%, with an average of 26%. The highest levels of polymorphism were observed in accessions Cuc 43 (70%), Cuc 37 (60%), and Cuc 9, Cuc 20, and Cuc 49 (50%), indicating their high genetic variability and potential value for breeding programs.

Principal Coordinate Analysis (PCoA) showed that the first three coordinates explained 58.64% of the total genetic variation, confirming substantial genetic heterogeneity among the samples. Analysis of Molecular Variance (AMOVA) revealed that 73% of the total genetic variation occurred among accessions, while 27% was attributed to within-accession variation, indicating significant genetic differentiation. Overall, SSR marker analysis proved to be an effective tool for evaluating genetic diversity and structure in cucumber, providing valuable insights for future breeding and germplasm management.

Acknowledgement: This research was supported by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Program No. BR28712539).

Keywords: *Cucumis sativus*, genetic diversity, SSR markers, polymorphism, molecular markers, plant breeding

Genome-wide variant analysis of Tomato brown rugose fruit virus

Kamila Adilbayeva, Aruzhan Mendybayeva, Valeriya Kostyukova, Dilyara Gritsenko*

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan

*Corresponding author: d.kopytina@gmail.com

Background: Tomato brown rugose fruit virus (ToBRFV) is a tobamovirus that causes significant economic losses in tomato production worldwide (1).

Materials and methods: Complete genome sequences of ToBRFV were retrieved from the NCBI GenBank database. A total of 360 full-length viral genomes were included in the analysis. The reference genome NC_028478.1 was used as the baseline sequence for variant detection. Genome sequences were aligned using the MAFFT multiple sequence alignment algorithm (2). Statistical summaries of SNP distribution and variant frequency per isolate were calculated using custom Python and R scripts (3,4).

Results: To investigate genomic variability within global populations of ToBRFV, a genome-wide variant analysis was performed using 360 complete viral genome sequences. Variants were identified relative to the reference genome NC_028478.1 across a genome length of approximately 6,393 bp, using sliding windows of 50 bp. In total, 5,452 SNP events were detected across the dataset. The distribution of SNPs per isolate showed moderate variability, with most genomes containing 10–20 SNPs relative to the reference sequence, and a maximum of 32 SNPs per isolate. Variant density analysis revealed that the majority of polymorphisms were concentrated within the replicase coding regions (126 kDa and 183 kDa proteins), while the coat protein (CP) region exhibited comparatively low genetic variability. Insertions and deletions were rare across the dataset, indicating strong viral genome conservation. Analysis of terminal sequence variation showed that 3′ overhangs were present in 211 genomes, while 12 genomes contained only 5′ overhangs, 83 genomes contained both terminal overhangs, and 54 genomes showed no detectable overhangs. Overhang lengths were generally short, with most fragments ranging between 5–30 bp.

Conclusion: The results indicate that global ToBRFV populations exhibit moderate nucleotide diversity but strong structural conservation.

Acknowledgement: This research was funded by the Ministry of Agriculture of Kazakhstan, grant number BR22887230.

Keywords: ToBRFV; phylogeny; recombination breakpoints; viral genetic diversity.

References:

1. Zhang, S., Griffiths, J. S., Marchand, G., Bernards, M. A. & Wang, A. Tomato brown rugose fruit virus: An emerging and rapidly spreading plant RNA virus that threatens tomato production worldwide. Mol. Plant Pathol. 23, 1262–1277 (2022)

2. Katoh, K., Misawa, K., Kuma, K.-I. & Miyata, T. MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. Nucleic Acids Research 30, 3059–3066 (2002)

3. Van Rossum, G. & Drake, F. L. Python 3 Reference Manual. CreateSpace (2009).

4. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria (2023).

Production of recombinant bacterial β-galactosidases for lactose hydrolysis and assessing the processes of transglycosylation in the synthesis of prebiotic galacto-oligosaccharides

Zhiger Akishev*, Yuliya Shamsiyeva, Annelya Tursunbekova

National Center for Biotechnology, Astana, 010000, Kazakhstan

*Corresponding author: akishev@biocenter.kz

Background: Whey is a byproduct generated during the production of coagulated dairy products, such as cheese and cottage cheese. It accounts for 85–95% of the volume of milk and retains approximately 55% of milk's nutrients, with high-water content (~93%); it is typically considered as waste product. Consequently, there is growing interest in processing whey into value-added products such as beverages, protein powders, infant formulas, hydrolysates, and dietary supplements. One of the major components of whey is lactose, which can be hydrolyzed by β-galactosidases.

Materials and methods: Methods of microbiology, molecular biology, genetic engineering, biochemistry, and biotechnology were used.

Results: In this study, strains of lactic acid bacteria with high β-galactosidase activity were isolated from natural food sources. As a result of a multi-stage selection process, five candidate strains (*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*, *L. helveticus*, *L. brevis*, *L. fermentum*, *Streptococcus thermophilus*), and corresponding genes were cloned and expressed in *E. coli*, the biochemical properties of the recombinant enzymes were studied. Enzymes cleave lactose into glucose and galactose. In the presence of sugar acceptors, it can catalyze transgalactosylation to form galactooligosaccharides (GOS). The degree of polymerization (DP) of galacto-oligosaccharides in the studied samples reached 7 sugar residues. The majority of the products consisted of oligosaccharides with DP 3, 4, and 5.

Conclusion: GOSs are prebiotic and comparable to human milk oligosaccharides, making them interesting. *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* β-galactosidase showed the highest conversion of lactose to galactooligosaccharides, converting up to 35% of the substrate into transglycosylation products. This enzyme's strong conversion rate verifies its synthetic orientation and makes it a good option for biotechnological GOS-based functional ingredient manufacture.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, grant number AP23489692.

Keywords: milk, lactic acid bacteria, beta-galactosidase, galacto-oligosaccharides

Трудности генетической интерпретации при подозрении на синдром Альпорта: скрининг мутаций у казахстанских пациентов

D. Basharova[1], Ayazhan Bekbaeva[1*], G. Svyatova[2], A. Darmeshova[3], E. Zholdybaeva[1]

[1]*National Center for Biotechnology, 010000, Astana, Kazakhstan*
[2]*LLP Center for Molecular Medicine, 050000, Almaty, Kazakhstan*
[3]*LLP Algamed, 050000, Almaty, Kazakhstan*

*Corresponding author: bekbayeva@biocenter.kz

Синдром Альпорта (СА) - генетически гетерогенное заболевание, характеризующееся прогрессирующей нефропатией, развитием почечной недостаточности, а также патологией органов зрения и нейросенсорной тугоухостью. Ранняя диагностика СА критически важна, так как заболевание часто маскируется под неспецифическую хроническую болезнь почек (ХБП).

Материалы и методы. В исследование включено 5 пациентов с подозрением на СА. Выделение геномной ДНК из цельной крови проводилось набором GeneJET (Thermo Fisher Scientific). Полноэкзомное секвенирование (WES) выполнено с использованием панели Agilent SureSelect V6-Post на платформе Illumina NovaSeq 6000. Поиск вариантов (SNV и indel) осуществлялся с помощью GATK, аннотация - с использованием ANNOVAR.

Результаты. Дебют заболевания зафиксирован в возрасте от 1,5 до 7 лет, что согласуется с данными о более тяжелом течении у мальчиков при Х-сцепленной форме. У всех пациентов отмечался отягощенный семейный анамнез. Первичными симптомами были микрогематурия (10–20 в п/з), быстро прогрессирующая до макрогематурии (40–50 в п/з), и протеинурия (от 0,3 до 2,3 г/л). Внепочечные проявления (тугоухость, изменения зрения) отсутствовали, за исключением неспецифической ангиопатии сетчатки у одного пациента. До проведения WES диагноз СА не был верифицирован; пациенты наблюдались с диагнозом ХБП G1A2. В ходе анализа данных WES патогенных и вероятно патогенных вариантов в экзонных областях генов *COL4A3, COL4A4, COL4A5* и *COL4A6* (согласно классификации ClinVar/ACMG) обнаружено не было. Выявленные ранее описанные варианты классифицированы как доброкачественные. У двух пациентов обнаружены редкие интронные варианты, потенциально влияющие на сплайсинг и структуру белка, которые не были описаны ранее в литературе.

Заключение. Отсутствие верифицированных мутаций при классической клинической картине может быть обусловлено несовершенством баз данных, наличием «мягких» мутаций, мозаицизмом или локализацией повреждений в глубоких интронных («скрытых») зонах, требующих расширенного анализа.

Ключевые слова: синдром Альпорта, мутации, полеоэкзомное секвенирование, фенотип.

High-throughput sequencing-based detection of Tomato ringspot virus

Bakyt Dulat, Alibek Makhambetov, Zarina Dairbekova, Dilyara Gritsenko*

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan

*Corresponding author: d.kopytina@gmail.com

Background: Tomato ringspot virus (ToRSV) is a nepovirus capable of infecting a wide range of plant hosts, including fruit trees, where it can cause significant yield losses and decline symptoms (1). In this study, high-throughput sequencing (HTS) was applied to detect viral pathogens in apple orchards using the Oxford Nanopore MinION platform. A viral survey was conducted in an orchard consisting of 100 apple trees located in two commercial farms.

Materials and methods: Total RNA was extracted from plant tissues and subjected to direct RNA sequencing using the Oxford Nanopore MinION platform (2). Library preparation was performed using the Direct RNA Sequencing Kit (SQK-RNA002) according to the manufacturer's instructions. Basecalling of raw signals was performed using Guppy and read quality statistics were assessed with NanoPlot (3).

Results: Nanopore sequencing generated approximately 250,000 reads from pooled RNA samples. Quality filtering retained reads with Phred quality scores ≥ Q15, while only alignments with mapping quality ≥20 were used for downstream analyses. After quality control, reads were mapped to the reference genome of ToRSV available in GenBank (NC_003840.1 and NC_003839.1). A total of 2,500 reads were assigned to ToRSV. Mapping analysis revealed ~85% genome coverage of the ToRSV reference genome, with viral reads distributed across multiple genomic regions. The average sequencing depth across mapped regions was estimated to be approximately 35–40×, supporting reliable virus identification.

Conclusion: The presence of ToRSV reads across a substantial portion of the viral genome indicates that the virus occurs within the surveyed apple population. Importantly, ToRSV-associated reads were detected in samples originating from two independent orchards, suggesting that the virus is circulating within local apple production systems. The results demonstrate that nanopore-based HTS enables effective detection of plant viruses directly from orchard samples and provides a powerful tool for population-level virome surveillance in perennial fruit crops.

Acknowledgement: This research was funded by the Ministry of Agriculture of Kazakhstan, grant number BR22887230.

Keywords: ToRSV; apple virome; RNA sequencing; high-throughput sequencing.

References:

1. Manzoor, S. et al. Unveiling viral threats to temperate pome fruits. Front. Microbiol. 16, 1560720 (2025).

2. Villamor, D. E. V., Ho, T., Al Rwahnih, M., Martin, R. R. & Tzanetakis, I. E. High throughput sequencing for plant virus detection and discovery. Phytopathology 109, 716–725 (2019).

3. De Coster, W., D'Hert, S., Schultz, D. T., Cruts, M. & Van Broeckhoven, C. NanoPack: visualizing and processing long-read sequencing data. Bioinformatics 34, 2666–2669 (2018).

Cloning of the bacillary myo-inositol phosphohydrolase gene, production and characterization of a recombinant enzyme

Viktoriya Popova, Zhiger Akishev, Kairat Baltin, Bekbolat Khassenov*

«National Center for Biotechnology» LLP, Astana, 010000, Kazakhstan.

*Corresponding author: khassenov@biocenter.kz

Background: Bacillary myo-inositol phosphohydrolases are enzymes that catalyze the hydrolysis of phytic acid and its salts (phytates), which represent the primary storage form of phosphorus in plants. In animal feed, phytic acid forms stable complexes with metal ions, reducing nutrient bioavailability. In animal husbandry, these enzymes are used as feed additives to degrade phytates and release phosphorus, reducing the cost for inorganic phosphorus supplementation. The aim of this study was to obtain a recombinant bacillary myo-inositol phosphohydrolase from a strain of *Bacillus paralicheniformis* isolated in Kazakhstan and to investigate its biochemical properties.

Materials and methods: The gene encoding bacillary myo-inositol phosphohydrolase is located at positions 3667913–3669058 in the genome of *Bacillus paralicheniformis* T7 (GenBank accession no. CP124861). Using genetic engineering approaches, the gene was cloned into the pET-28c(+) vector with removal of the signal peptide sequence. *Escherichia coli* BL21(DE3) cells were transformed to obtain a strain capable of intracellular accumulation of the recombinant enzyme. The recombinant enzyme was purified using immobilized metal affinity chromatography and subsequently characterized biochemically.

Results: The yield of purified recombinant bacillary myo-inositol phosphohydrolase was 260 mg/L. The enzyme exhibited maximal activity at 60°C and pH 8.0 and was found to be calcium-dependent. The specific activity of the recombinant enzyme was 8.32 U/mg. The enzyme retained stability after incubation for 5 hours at 50°C over a pH range of 4.0–10.0.

Conclusion: The recombinant bacillary myo-inositol phosphohydrolase from *Bacillus paralicheniformis* T7 is a thermostable enzyme active under alkaline conditions and represents a promising candidate for application as a feed enzyme in poultry production.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, grant number AP23488823.

Keywords: Bacillary myo-inositol phosphohydrolase, *Bacillus paralicheniformis*, recombinant enzyme.

From Genome to Function: WGS-Based Identification and Characterization of a Novel GDSL-Esterases from Sporogenic *Bacillus paralicheniformis* T7

Arman Mussakhmetov[1,2], Magzhan Astrakhanov[1], Bekbolat Khassenov[1*]

[1]*«National Center for Biotechnology» LLP, Astana, 010000, Kazakhstan.*
[2]*«L.N. Gumilyov Eurasian National University » NJSC, Astana 010000, Kazakhstan.*

*Corresponding author: khassenov@biocenter.kz

Background: Esterases participate in signaling, phosphorus metabolism, detoxification, and the metabolic cycling of biomolecules and polymers [1-3]. Modern biotechnology increasingly relies on the "genome-to-function" approach to discover novel biocatalysts. In this study, we performed Whole-Genome Sequencing (WGS) of the sporogenic strain *Bacillus paralicheniformis* T7, isolated in Kazakhstan, to identify its biotechnological potential. The genomic analysis revealed a rich repertoire of hydrolase genes, particularly those with esterase activity. Based on the WGS data, a specific gene encoding a GDSL-family esterase (*rEST-28*) was identified and prioritized for further study.

Materials and methods: Based on the WGS data, a specific gene encoding a GDSL-family esterase was identified and prioritized for further study. The *rEST-28* gene was cloned and heterologously expressed in *Escherichia coli* BL21(DE3). Structural bioinformatic analysis confirmed its belonging to the SGNH-hydrolase superfamily, featuring a conserved Ser26-Asp210-His215 catalytic triad. Biochemical characterization of the purified recombinant protein showed that rEST-28 is a true esterase with a strong preference for short-chain fatty acid esters.

Results: Maximum activity of rEST-28 was observed toward p-nitrophenyl acetate (250.0 ± 0.1 U/mg) at 40°C and pH 7.0. Kinetic analysis revealed a K_m of 26.18 mM and a V_{max} of 52.37 U/mg. The enzyme demonstrated remarkable stability, retaining 89% activity in the presence of SDS and showing resistance to non-ionic detergents. However, it was completely inactivated by reducing agents (DTT, β-mercaptoethanol), indicating the critical role of disulfide bonds in its structural integrity.

Conclusion: In conclusion, the integration of genomic mining and biochemical validation allowed us to identify rEST-28 as a promising biocatalyst. Its specificity for short-chain esters and surfactant stability make it a viable candidate for the industrial synthesis of flavor compounds and detergent formulations.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (No. AP23488270).

Keywords: *Bacillus paralicheniformis*, Whole-Genome Sequencing, Genome Mining, GDSL-esterase, Biocatalysis.

References:

1. Castro F. F., Pinheiro A. B. P., Gerhardt E. C. M., Oliveira M. A. S., Barbosa-Tessmann I. P. Production, purification, and characterization of a novel serine-esterase from Aspergillus westerdijkiae. *Journal of Basic Microbiology*. **58**, 131-143 (2018).

2. Mussakhmetov A S. D. Esterases: mechanisms of action, biological functions, and application prospects. *Journal of Applied Microbiology*. **5**, 139 (2025).

3. W. Seok-Jae, J. Han Byeol, K. Hyung Kwoun et al. Characterization of Novel Salt-Tolerant Esterase Isolated from the Marine Bacterium Alteromonas sp. 39-G1. *Journal of Microbiology and Biotechnology*. **30**, 216-225 (2020).

Распространённость аскаридоза в Казахстане

Бармақ С.М.*, Орынбаев М.Б., Намет А.М., Хайруллин Б.М., Султанкулова К.Т., Мырзахмет А.А., Түсіпова А.А., Давлятшин Т.И.

ТОО «Научно-исследовательский производственный центр MVA GROUP», с. Коксай, 040921, Казахстан

*Автор-корреспондент: sabyr2103@gmail.com

Введение: Аскаридоз, вызываемый *Ascaris lumbricoides*, является одним из наиболее распространённых геогельминтозов в мире. Целью данного исследования являлась оценка истинной распространённости аскаридоза среди взрослого населения в пяти регионах Казахстана с использованием комплекса лабораторных методов (ИФА, ПЦР, копрология).

Материалы и методы: В 2025 году проведён первый этап эпидемиологического мониторинга в пяти регионах Казахстана. Обследовано 2501 добровольцев в возрасте от 18 лет и старше (1820 женщин, 681 мужчина). Серологические исследования сывороток крови на наличие антител IgG к Ascaris проводили с использованием отечественной тест-системы «Аскарида-IgG-Human-ELISA-MVA GROUP». Обнаружение ДНК *A. lumbricoides* в образцах кала выполняли методом ПЦР. Копрологическое исследование проведено методами флотации и нативного мазка. Статистический анализ выполнен с использованием X^2 (Pearson) и точного критерия Фишера.

Результаты: По данным ПЦР распространённость аскаридоза составила: центральный регион - 25,9% (130 из 501), южный - 18,4% (92 из 500), восточный -19,0% (95 из 500), западный - 20,6% (103 из 500), северный - 27,4% (137 из 500). Общая распространённость по ПЦР - 22,3% (557 из 2501). Серопревалентность аскаридоза по данным ИФА составила: центральный регион - 33,3% (167 из 501), южный - 38,5% (194 из 500), восточный - 23,6% (118 из 500), западный - 28,4% (142 из 500), северный - 33,8% (169 из 500). Общая серопревалентность по пяти регионам - 31,6% (790 из 2501). Статистически значимых различий по полу не выявлено ($p>0,05$ во всех регионах). По данным копрологии общая распространённость составила 23,5% (587 из 2501). Наиболее высокие показатели зарегистрированы в центральном (25,9%) и северном (27,4%) регионах, наиболее низкие - в южном (18,4%) и восточном (19,0%) ($p = 0,0006$).

Заключение: Полученные данные свидетельствуют о необходимости совершенствования системы эпидемиологического надзора и внедрения высокочувствительных методов диагностики. Результаты эпидемиологического мониторинга аскаридоза являются основой для разработки научно-обоснованных рекомендаций по борьбе с аскаридозом в Республике Казахстан.

Ключевые слова: *Ascaris lumbricoides*, эпидемиологический мониторинг, распространённость, серопревалентность, ПЦР

Список литературы:

1. Bethony, J., Brooker, S., Albonico, M. et al. Soil-transmitted helminth infections: ascariasis, trichuriasis, and hookworm. Lancet 367, 1521–1532 (2006).

2. Jourdan, P.M., Lamberton, P.H.L., Fenwick, A., Addiss, D.G. Soil-transmitted helminth infections. Lancet 391, 252–265 (2018).

Моногендік эпилепсия кезіндегі BDNF, NF-κB және Nrf2 жолдарының модуляторлары ретіндегі өсімдік текті нейропротекторлар

Жапар Қ.*, Габдулкаюм А., Мирманова Ж., Акильжанова А., Ережепов Д.

Center for Life Sciences, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, Kazakhstan 010000

*Corresponding author: kuanysh.zhapar@nu.edu.kz

Өзектілігі. Моногендік эпилепсия емдеуде неғұрлым дәл және молекулалық тұрғыдан негізделген тәсілдерді қажет ететін аурулар тобы ретінде барған сайын жиі қарастырылуда [1, 2]. Сонымен қатар, эпилепсия кезіндегі фитотерапияға арналған еңбектерде қабынуға қарсы, антиоксиданттық және нейропротекторлық әсері бар өсімдік текті қосылыстар жөнінде едәуір көлемде деректер жинақталған. Алайда бұл деректердің басым бөлігі жалпы эксперименттік модельдерде алынған және нақты генетикалық синдромдармен сирек байланыстырылады [2, 3]. Осы тұрғыда көбіне куркумин, ресвератрол және эпигаллокатехин галлат қарастырылады [3–6]. Дегенмен, дәл осы қосылыстардың моногендік эпилепсиялар кезіндегі ықтимал рөлі туралы мәліметтер әлі де бытыраңқы және жүйелі түрде қорытылмаған.

Мақсаты. Өсімдік текті нейропротекторларды моногендік эпилепсия кезінде BDNF, NF-κB және Nrf2 жолдарының ықтимал модуляторлары ретінде қарастыруға бола ма, соны бағалау және болашақ зерттеулер үшін неғұрлым перспективалы бағыттарды айқындау [1–8].

Нәтижелері. Жүргізілген талдау моногендік эпилепсияға арналған зерттеулер мен өсімдік текті нейропротекторларға қатысты жұмыстардың әзірге көбіне бір-бірінен тәуелсіз дамып келе жатқанын көрсетті [1–3]. Куркумин бойынша деректер неғұрлым сенімді болып шықты: шолу мақалаларында оның құрысуға қарсы, антиоксиданттық және қабынуға қарсы әсері көрсетілген, ал фармакорезистентті эпилепсиясы бар балаларда наномицеллярлық куркумин қолданылған клиникалық зерттеуде ұстамалар жиілігінің статистикалық тұрғыдан мәнді төмендеуі байқалған [4, 5]. Ресвератрол үшін қабынудың, нейрондардың зақымдануының және эпилептогенезбен байланысты үдерістердің айқындылығының төмендеуі, әсіресе эпилептикалық статустан кейін, көрсетілген [6]. Эпигаллокатехин галлат үшін GPx1, NF-κB фосфорлануы және митохондриялық динамиканың реттелуімен байланысты нейропротекторлық әсер анықталған [7]. Деректерді салыстыру NF-κB және Nrf2 жолдары қазіргі уақытта әрі қарай зерттеу үшін неғұрлым негізделген молекулалық бағыттар болып көрінетінін көрсетті, ал BDNF жолының рөлі анағұрлым сақ түсіндіруді талап етеді, себебі бұл жол нейрондарды қорғаумен де, эпилептогенез механизмдерімен де байланысты [7, 8]. Жалпы алғанда, куркумин, ресвератрол және эпигаллокатехин галлатты моногендік эпилепсияны емдеуге дайын құралдар ретінде емес, аурудың молекулалық механизмдерін ескере отырып, болашақ бағытталған зерттеулер үшін перспективалы қосылыстар ретінде қарастырған жөн [1–8].

Түйінді сөздер: моногендік эпилепсия, өсімдік текті нейропротекторлар, куркумин, ресвератрол, эпигаллокатехин галлат, BDNF, NF-κB, Nrf2.

Қаржыландыру: Бұл зерттеу Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым комитетінің қаржыландыруымен, №BR27199879 гранты аясында орындалды.

Әдебиеттер тізімі

[1] Wang, S., Perucca, E., Berkovic, S.F. and Perucca, P. Precision therapies for genetic epilepsies in 2025: Promises and pitfalls. Epilepsia Open (2025). doi:10.1002/epi4.70065.

[2] Zimmern, V.Z., Minassian, B.M. and Korff, C.M. A review of targeted therapies for monogenic epilepsy syndromes. Frontiers in Neurology 13, 829116 (2022).

[3] Waris, A., Ullah, A., Asim, M., Ullah, R., Rajdoula, M.R., Bello, S.T. and Alhumaydhi, F.A. Phytotherapeutic options for the treatment of epilepsy: pharmacology, targets, and mechanism of action. Frontiers in Pharmacology 15, 1403232 (2024).

[4] Forouzanfar, F., Majeed, M., Jamialahmadi, T., Sahebkar, A. and Hosseinzadeh, H. Curcumin: A review of its effects on epilepsy. Advances in Experimental Medicine and Biology 1291, 363–373 (2021).

[5] Erfani, M., Ashrafzadeh, F., Rahimi, H.R., et al. Effect of curcumin on pediatric intractable epilepsy. Iranian Journal of Child Neurology 16(3), 35–45 (2022).

[6] Castro, O.W., Upadhya, D., Kodali, M. and Shetty, A.K. Resveratrol for easing status epilepticus induced brain injury, inflammation, epileptogenesis, and cognitive and memory dysfunction—Are we there yet? Frontiers in Neurology 8, 603 (2017).

[7] Kim, J.-E., Kim, T.-H. and Kang, T.-C. EGCG attenuates CA1 neuronal death by regulating GPx1, NF-κB S536 phosphorylation and mitochondrial dynamics in the rat hippocampus following status epilepticus. Antioxidants 12(4), 966 (2023).

[8] Harward, S.C., Huang, Y.Z. and McNamara, J.O. BDNF/TrkB signaling and epileptogenesis. In: Noebels, J.L., Avoli, M., Rogawski, M.A. et al., eds. Jasper's Basic Mechanisms of the Epilepsies. 5th ed. New York: Oxford University Press (2024).

A nucleic acid universal purification, isolation method and device

Ruslan Kalendar

National Laboratory Astana, Astana, 010000, Kazakhstan
ruslan.kalendar@nu.edu.kz

Abstract: We present an enhanced electroelution method and a versatile instrument for purifying nucleic acids and proteins. Using short-gel agarose electrophoresis within a buffer-filled column, DNA, RNA, oligonucleotides, plasmids, and proteins are efficiently separated. Upon applying an electric field, target molecules migrate from the gel into a high-salt buffer block, where they are captured and concentrated. The system supports both horizontal and vertical configurations, including flexible formats (8-, 16-, or 96-column arrays) with repositionable salt blocks for selective isolation. Compatible with laboratory automation, this method offers high purity, adaptability, and efficiency across diverse sample types.

Background: DNA isolation is the first step for many molecular workflows, and success depends on removing contaminants such as polysaccharides, polyphenols, lipids, pigments, humic substances, and other inhibitors. Sequencing is especially sensitive to DNA purity. With third-generation long-read platforms, purity alone is not enough high molecular weight and intact DNA are essential to realize reads spanning tens to hundreds of kilobases.

Materials and methods: We present a DNA purification method combining agarose gel electrophoresis with electroelution. It exploits the reduced electrophoretic mobility of DNA in high-salt conditions. After DNA separation in a standard gel, a high-salt gel block is placed ahead of the DNA path, leaving a gap (sample collection reservoir). Reapplying current causes DNA to migrate into the gap, where it slows and accumulates. DNA is then easily collected by pipetting and used directly or after desalting. This cost-effective method requires no specialized equipment and is ideal for challenging samples with complex biomolecular mixtures.

Results: Isolating high molecular weight (HMW) DNA from complex samples like plants and soil is typically difficult, yielding low purity and quantity. Plant cells contain polysaccharides and polyphenols that interfere with extraction, while soil samples pose greater challenges due to fragmented DNA and humic substances. Despite these obstacles, our method consistently produced HMW DNA with high yield and purity. Conventional methods often recover less than 10% of starting DNA due to poor retention or partitioning losses. In contrast, our approach based on a distinct principle achieved yields up to 50% for plant samples and 30% for soil.

Conclusion: This on-gel electroelution method yields HMW DNA for long-read sequencing and other demanding applications from eukaryotes, prokaryotes, organelles (mitochondria, chloroplasts), large DNA viruses, and more. It is particularly useful when other approaches are impractical enabling single step recovery from complex, inhibitor-rich samples with low target abundance. The workflow is low-cost, scalable, and readily automatable.

Acknowledgement: This study was funded by the Committee of Science of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (grant AP23483529).

Keywords: nucleic acid, DNA purification and extraction, electroelution, DNA sequencing, long-read sequencing

References:

1. Kalendar, R., Ivanov, K.I., Akhmetollayev, I., Kairov, U., Samuilova, O., Burster, T., Zamyatnin, A. An improved method and device for nucleic acid isolation using a high-salt gel electroelution trap. Analytical Chemistry 96(39), 15526-15530 (2024).

2. Kalendar, R., Ivanov, K.I., Samuilova, O., Kairov, U., Zamyatnin, A. Isolation of high-molecular-weight DNA for long-read sequencing using a high-salt gel electroelution trap. Analytical Chemistry 95(48), 17818-17825 (2023).

Association of Selected Genetic Polymorphisms with Arterial Hypertension in the Kazakh Population

Gaukhar Bismildina, Zulfiya Kachiyeva*, Almas Kauysbekov

S.D. Asfendiyarov Kazakh National Medical University, Almaty, 050000, Kazakhstan

*Corresponding author: kachieva@gmail.com

Background: Arterial hypertension (AH) is a multifactorial disorder, that results from complex interactions between environmental and genetic factors. It remains one of the leading causes of cardiovascular morbidity and mortality worldwide. The contribution of genetic predisposition to hypertension is supported by significant evidence, but population-specific data for Central Asian populations, including Kazakhs, are still limited. This study aimed to investigate the association between selected genetic polymorphisms and arterial hypertension in the Kazakh population.

Materials and methods: A case-control study included 880 individuals of Kazakh ethnicity, contained 400 patients diagnosed with arterial hypertension and 480 controls. Participants were recruited from multidisciplinary hospitals across 17 regions within the Republic of Kazakhstan. Genomic DNA was extracted from 200 μL of whole blood using KingFisher Flex-Ready DNA Ultra 2.0 Prefilled Plates (USA). DNA concentration and purity were evaluated using NanoDrop One/OneC and Qubit systems. Genotypic analysis of 93 selected single nucleotide polymorphisms (SNPs) was conducted using the QuantStudio 12K Flex Real-Time PCR System. Descriptive statistical analysis was performed and significant associations were identified after false discovery rate (FDR) correction.

Results: Between the 93 analyzed SNPs, six polymorphisms demonstrated significant associations with arterial hypertension after FDR adjustment: rs10067451 (LINC00461), rs10828266 (DNAJC1), rs11191548 (CNNM2), rs1421085 (FTO), rs1799998 (CYP11B2 and LY6E-DT) and rs2856830 (HLA-DPA1). The strong associations were viewed for rs11191548 ($p = 4 \times 10^{-57}$), rs10067451 ($p = 5 \times 10^{-35}$) and rs1799998 ($p = 1 \times 10^{-16}$). These findings indicate a significant input of selected genetic variants to arterial hypertension predisposition in the Kazakh population.

Conclusion: This study broadens current knowledge regarding the genetics of arterial hypertension in the Kazakh population and agrees that population-specific polymorphic markers play a role in disease susceptibility. The identified SNPs may serve as promising candidates for future studies on genetic risk analysis and personalized prevention strategies for arterial hypertension.

Acknowledgement: The authors acknowledge all study participants and the clinical laboratory teams involved in sample collection, DNA extraction, genotyping and data analysis.

Keywords: arterial hypertension, SNP, polymorphism, Kazakh population, genotyping

References:

1. Mills, K.T., Stefanescu, A. & He, J. The global epidemiology of hypertension. Nat Rev Nephrol 16, 223–237 (2020).

2. Wain, L.V., Vaez, A., Jansen, R. et al. Novel blood pressure locus and gene discovery using genome-wide association study and expression data sets from blood and the kidney. Hypertension 70, e4–e19 (2017).

3. Ehret, G.B. & Caulfield, M.J. Genes for blood pressure: an opportunity to understand hypertension. Eur Heart J 34, 951–961 (2013).

MicroRNA–gene interaction networks in Esophageal Squamous Cell Carcinoma

Saule Rakhimova[1]*, Nazerke Satvaldina[1], Aigul Sharip[2], Mukhtar Tuleutaev[3], Askhat Molkenov[2], Yuri Zhukov[3], Marat Omarov[3], Ulykbek Kairov[2], Ainur Akilzhanova[1]

[1]*Laboratory of genomic and personalized medicine, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[2]*Laboratory of bioinformatics and systems biology, National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Astana, 010000, Kazakhstan*
[3]*Multidisciplinary Medical Center of the Astana City Akimat, Astana, 010000, Kazakhstan*

*Corresponding author: saule.rakhimova@nu.edu.kz

Background: Esophageal squamous cell carcinoma (ESCC) is the prevalent histological subtype in middle Asian region, including Kazakhstan. ESCC is characterized by poor prognosis worldwide with a 5-year survival rate of less than 25%. According to the accumulating evidence RNA/microRNAs can potentially be used in the clinics as a biomarker in diagnostic and therapy ESCC.

Materials and methods: The transcriptome sequencing was performed following the Illumina Protocol on NovaSeq6000 platform. STAR software and DESeq2 package have been used for mapping and defining differentially expressed genes. Functional analysis of DEGs was performed using various R packages.

Results: The results showed that the number of downregulated genes in cancer samples was higher than the number of upregulated genes, especially in stages III and IV. In contrast, most differentially expressed miRNAs were upregulated across all stages. Overlap analysis between DEGs and validated miRNA targets revealed multiple miRNA–mRNA regulatory pairs. Network analysis demonstrated interactions between miRNAs and genes involved in key cancer signaling pathways, including PI3K/Akt, Wnt, and Notch pathways, suggesting a regulatory roles of miRNAs in the progression of esophageal squamous cell carcinoma.

Conclusion: Our analysis demonstrate that miRNA–mRNA regulatory interactions play a significant role in ESCC progression. The identified regulatory networks and pathways may contribute to the discovery of potential biomarkers and therapeutic targets for ESCC.

Acknowledgement: Study was supported by grants from the Ministry of Science and Higher Education, Republic of Kazakhstan AP23489913, BR24992841.

Association between Genetic Variants and Knee Osteoarthritis Risk: Insights from the Kazakh Population

Zhanerke Tileules**,** Aiganym Tolegenkyzy, Zulfiya Kachiyeva*

S.D. Asfendiyarov Kazakh National Medical University, Almaty, Kazakhstan

*Corresponding author: kachieva@gmail.com

Background: Osteoarthritis (OA) is a prevalent musculoskeletal disorder characterized by joint pain, stiffness, and reduced mobility. Genetic factors are known to play a significant role in OA susceptibility, yet data on the Kazakh population remain limited.

Materials and methods: A total of 478 participants were recruited, including 292 OA patients and 186 controls. Genomic DNA was extracted from peripheral blood samples and genotyped using real-time PCR. A panel of 120 single nucleotide polymorphisms (SNPs), selected from GWAS databases, was analyzed. Statistical analysis was performed using R software, including chi-square tests, odds ratios (OR), and false discovery rate (FDR) correction.

Results: Eight SNPs were identified as relevant, among which five showed significant associations with OA. The rs3753841 A/A genotype was strongly associated with increased OA risk (OR=2.46, $p<0.001$). In contrast, rs4144782 A/A (OR=0.51, $p<0.001$) and rs6516886 A/A (OR=0.45, $p<0.05$) demonstrated protective effects. Additionally, rs2061026 and rs2820436 were associated with increased susceptibility. No significant associations were observed for rs1078301, rs143384, and rs1060105. A family history of OA was frequently reported among patients, suggesting a hereditary component.

Conclusion: This study identified several genetic polymorphisms associated with OA in the Kazakh population, highlighting both risk and protective variants. These findings contribute to understanding the genetic architecture of OA and may support the development of personalized diagnostic and therapeutic strategies.

Acknowledgement: The authors express their sincere gratitude to the National Scientific Center of Traumatology and Orthopedics named after Academician N.D. Batpenov and Astana Medical University for providing biological materials and supporting this research.

Keywords: Osteoarthritis; SNP; Kazakh population; GWAS; genotyping; personalized medicine.

Role of Interleukins IL-17 and IL-38 in Thyroid-Associated Ophthalmopathy

Ainura Mussakulova, Gulnur Zhunussova*

Institute of Genetics and Physiology, Almaty, 050060, Kazakhstan

*Corresponding author: gulnur_j@mail.ru

Background: Thyroid-associated ophthalmopathy (TAO), the most common extrathyroidal manifestation of Graves' disease, is an immune-inflammatory disorder with a variable clinical course. Pro- and anti-inflammatory cytokines are thought to contribute to its pathogenesis. IL-17 is a key pro-inflammatory mediator, whereas IL-38 has anti-inflammatory properties; however, their roles in TAO remain unclear. This study aimed to assess IL-17 and IL-38 in TAO pathogenesis and clinical course.

Materials and Methods: The study included patients with Graves' disease: 132 patients with TAO and 153 patients without signs of TAO. All patients underwent a comprehensive ophthalmological examination with assessment of clinical activity using the CAS scale and disease severity according to EUGOGO criteria. Levels of IL-17 and IL-38 were measured in serum, tear fluid, and orbital adipose tissue. In addition, polymorphisms of the *IL-17* gene (rs9463772/IL17F) and *IL-38* gene (rs3811058/IL1F10; rs7570267/IL1F10) were analyzed for their association with disease activity and severity.

Results: Active TAO was associated with higher IL-17 and lower IL-38 levels compared to inactive disease ($p = 0.01$). IL-17 levels increased with worsening clinical course of TAO, while IL-38 levels decreased during disease progression. Correlation analysis showed a positive relationship between IL-17 levels and TAO clinical activity and a negative relationship between IL-38 levels and disease activity. The rs7570267 polymorphism of the *IL-38* gene was significantly associated with a protective effect against TAO activity (OR = 0.47; 95% CI 0.2–0.8; $p = 0.002$) and with disease severity according to EUGOGO classification ($\chi^2 = 13.9$; $p = 0.008$).

Conclusion: The results confirm the important role of IL-17 and IL-38 in the pathogenesis of TAO. Increased IL-17 levels and decreased IL-38 levels are associated with more active and severe clinical disease. The identified immunological and genetic features may be considered potential markers of TAO activity and progression.

Keywords: thyroid-associated ophthalmopathy, interleukin, disease activity, polymorphism

Funding: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP25795047)».

О полиэстричности и пожизненном многоплодии у казахских овец

Токтар Бексеитов[1], Балнур Ахметова[2]

[1]*НАО «Торайгыров университет», Павлодар, 140008, Казахстан*
[2]*НАО «Шакарим университет», Семей, 071410, Казахстан*

*Автор-корреспондент: bexeitov.t@tou.edu.kz

Овцеводство Казахстана располагает значительным потенциалом роста, однако для повышения рентабельности требуется круглогодичное производство ягнятины. В работе обоснована целесообразность селекционно-технологического получения полиэстричности и пожизненного многоплодия у казахских овец. Представлены данные промышленного скрещивания казахской курдючной грубошёрстной породы с романовской (выход ягнят на 100 маток 171 % против 103 % у чистопородных) и с дорпером (повышение предубойной массы, выход туши 49-50 %, выраженный эффект гетерозиса). Обсуждены генетические основы признаков (BMP-15 и др.), их паротипическая обусловленность, а также управленческие приёмы: фотопериод, гормональная синхронизация, «эффект самца», флашинг. Отмечены технологические риски многоплодных и несезонных окотов и направления дальнейших исследований по интенсификации овцеводства в северных и центральных регионах страны.

Ключевые слова: полиэстричность; многоплодие; романовская порода; дорпер; казахская курдючная грубошёрстная; скрещивание; интенсивное овцеводство.

Введение

Овцеводство является важнейшей отраслью животноводства, к тому же оно было основным занятием наших предков. Обширные территории пастбищных угодий создают большой потенциал для его развития. В 80-е годы прошлого столетия был пик его развития в Казахстане. Рекордная численность овец поголовья достигла 36 млн. голов. Но в эпоху переходного периода из-за падения спроса на овечью шерсть, отсутствия переработка кожи и шерсти поголовье овец в Казахстане резко сократилось. И в последние годы постепенно стало повышаться.

Так, на июль 2025 года поголовье овец и коз в Казахстане составило 22 993,8 тысяч голов. Причем основное их поголовье сосредоточено в южных, западных и восточных регионах Казахстана (рис. 1) [1].

Рисунок 1. Географическое распределение численности овец и коз по регионам

Это в основном зона полупустынных и пустынных пастбищ. В северных и центральных районах Казахстана большая распаханность земель, поэтому овец мало. В основном овцеводство в Казахстане развивается по экстенсивным технологиям. Преобладает круглогодовое пастбищное и пастбищно-стойловое содержание овец. Так как овцеводство представляет собой один из отраслей агробизнеса из-за большого рынка потребления баранины и молодой ягнятины во многих страна мира, необходимо и в Казахстане, особенно в северных и центральных регионах развивать интенсивное овцеводство. Необходимо увеличить выход ягнят для того, чтобы повысить производство молодой ягнятины. К тому же оно в 1,5-2 раза стоит дороже, чем в целом баранина.

В этом смысле решение задачи достижения полиэстричности и пожизненного многоплодия у казахских овец очень актуально. Но скажу сразу, этот вопрос спорный. Многие фермеры, да и некоторые ученые против этого, так как сразу возникают сложности в технологии, затраты труда, сохранности ягнят. Если вы хотите серьезно заняться овечьим бизнесом, этим стоит заняться. К тому же, меры господдержки поддерживают это.

Так, за сдачу на мясо или откормочные площадки одного ягненка в сезон дают субсидии за одну голову 3 000 тенге, тогда как за сдачу вне сезона 7 000 тенге. Полиэстричность у овец означает способность к многократному проявлению половой охоты (эструса) в течение года. В отличие от сезонной полиэстричности, когда половая охота проявляется в определенные периоды (например, осенью), овцы обладающие полиэстричностью, могут приходить в охоту в любое время года. Это позволит получить от них потомство чаще, и в разные сезоны года, чем от овец с сезонной полиэстричностью. Это очень важный признак, т.к. бизнес хочет закупать ягнятину круглый год.

К сожаленью полиэстричность относится к полурецессивному типу генов. А признак многоплодия у овец наследуется и обуславливается геном многоплодия. Оно является породным признаком. Коэффициент наследуемости многоплодия в приделах 0,15-0,25. Однако, эволюционно отбирая многоплодных особей оно закреплялось в поколениях и превращалось в породный признак.

Так, многоплодием характеризуется такие породы как финский ландрас, романовская, дорпер и некоторые другие породы. К тому же признак многоплодия очень подвержен влиянию паратипических факторов и особенно стрессовым и неблагоприятным условиям обитания [2].

Тем не менее, для овец плодовитость – признак регулируемый фактором генотип – среда.

Естественно, окоты в разные сезоны года, многоплодные пометы в производственных условиях очень сложно осуществить. Но нам кажется, «овчинка стоит выделки» как говориться в поговорке, особенно в северных и центральных регионах, где можно наладить интенсивное овцеводство.

Материалы и методы

У нас уже есть некоторые наработки в этом направлении. В 2020 году КХ «Баракт Агро» Павлодарской области завезло 200 ярок романовской породы из Башкирии для разведния. Но дело дальше не пошло. Отсутствие должного ухода за многоплодными пометами привело к большим потерям ягнят. Использование баранов романовской породы на нашей казахской курдючной грубошёрстной породе дало не плохие результаты [3].

Таблица 1 – Воспроизводительные качества овцематок

Группы	Осеменены голов	Объягнились голов	Оплодворяемость, %	Родилось ягнят, голов	Выход приплода, %
Ч/п ККГ	102	98	96	101	103 %
ККГ* Романовская	48	45	93	77	171 %
Итог	150	143	95	178	124 %

В итоге, полукровные матки по романовской породе дали выход ягнят 171 % на 100 маток, тогда как чистопородные матки лишь 103 %.

В целях сравнительной оценки мясной продуктивности ягнят различных генотипов в разные возрастные периоды были проанализированы данные по живой массе и среднесуточным приростам животных двух групп: чистопородных казахских курдючных грубошёрстных (Ч/п ККГ) и помесных ягнят, полученных от скрещивания с романовской породой. Измерения проводились при рождении, в возрасте 4,5 и 8 месяцев, с последующим расчётом приростов массы по интервалам. Полученные данные представлены со средними значениями и стандартными ошибками, что позволяет провести предварительную статистическую интерпретацию.

Таблица 2 – Рост и развитие ягнят (по 10 голов в каждой группе):

Происхождение	живая масса при рождении, кг	живая масса в 4,5 м-ца, кг	живая масса в 8 м-ца, кг	Прирост, гр	
				от рожд. до 4,5 м-в	от 4,5 до 8 м-в
Ч/п грубошерстные	4,5 ± 0,02	40,2 ± 0,19	48,5 ± 0,36	264	110
Помесь с романовской	3,2 ± 0,05	35,6 ± 0,09	41,6 ± 0.44	240	80

Результаты измерений показали, что ягнята чистопородной группы характеризовались более высокой живой массой при рождении – 4,5±0,02 кг, по сравнению с помесными животными – 3,2±0,05 кг, что может быть связано как с большей массой тела матерей, так и с меньшей многоплодностью у данной группы. Разница между группами по массе при рождении статистически высокодостоверна ($p<0,001$ по t-критерию Стьюдента), что подтверждается крайне малым стандартным отклонением. Анализ живой массы в 4,5-месячном возрасте также свидетельствует о преимуществе чистопородных ягнят (40,2±0,19 кг против 35,6±0,09 кг у помесных), причём прирост массы от рождения до 4,5 месяцев у этой группы составил в среднем 264 г/сут.

У помесных животных за тот же период прирост был ниже – 240 г/сут, что может быть объяснено эффектом меньшей стартовой массы, а также возможным влиянием многоплодия, при котором ограничивается рост каждого ягнёнка. При этом различия по массе в 4,5 месяца остаются статистически значимыми ($p<0,01$). К 8 месяцам разница в массе сохраняется: чистопородные ягнята достигают 48,5±0,36 кг, тогда как масса помесных составляет 41,6±0,44 кг. Однако темпы прироста во втором возрастном интервале (от 4,5 до 8 месяцев) замедляются у обеих групп: у чистопородных до 110 г/сут, у помесных – до 80 г/сут. Это может быть связано с физиологическим снижением интенсивности роста у подрастающих животных, а также с ограничением кормления или снижением энергообеспеченности в этот период.

В целом, анализ демонстрирует устойчивое превосходство по показателям живой массы и среднесуточного прироста у чистопородных казахских курдючных ягнят. Однако при рассмотрении данных следует учитывать, что помесные животные обладают выраженным многоплодием (см. ранее проведённый анализ), что может компенсировать меньшую массу отдельных особей за счёт большего общего выхода живой массы на матку.

Таблица 3 – Оценка эффективности чистопородных и помесных с романовской породый овец

Происхождение	Выход ягнят на 1 маток	Выход в жив массе, кг	Выход мяса при 56 %, кг	Стоимость ягнятины, тг
Ч/п грушерст	1	48,5	27,1	81300
Помесь	1,7	70,7	39,5	118500

Примечание: 1 кг ягнетины – 3000 тенге

Статистическая интерпретация результатов подтверждает достоверные различия между группами по всем возрастным точкам ($p<0,01–0,001$), что необходимо учитывать при планировании племенной и мясной направленности производственных систем.

Межпородное скрещивание казахских овцематок с романовскими баранами позволило получить помесное потомство с более высокими производственными показателями: увеличение выхода ягнят на 100 маток с 103 % до 171 %, рост живой массы ягнят до 70,7 кг к 8-месячному возрасту у помесей, повышение выхода мяса и доходности на одну овцематку с 81300 до 118 500 тенге. Таким образом использование помесного поголовья на основе романовской и казахской грубошерстной пород может быть рекомендовано как практическое решение для фермерских хозяйств, стремящихся увеличить продуктивность, адаптационную устойчивость и экономическую выгоду от овцеводства.

Результаты

В КХ «Таисия» нами проведено промышленное скрещивания маток казахской курдючной грубошёрстной породы с баранами породы дорпер. Результаты являются примером положительного влияние эффекта гетерозиса [4].

Таблица 4 – Рост и развитие баранчиков казахской курдючной грубошерстной породы и помесных с дорпером (0–4 мес)

Группа	Масса при рождении, кг	Масса в 4 месяца, кг	Среднесуточный, г/день	Абсолютный прирост, кг	Относительный прирост, % ± SE
КГ	4,2±0,06	34,2±0,14	250±0,05	30,0±0,14	714,3±5,0
Дорпер×КГ	4,5±0,06	36,9±0,18	270±0,05	32,4±0,18	720,0±5,0

Таблица 5 – Рост и развитие баранчиков казахской курдючной грубошерстной породы и помесных с дорпером (4–6 мес).

Группа	Масса в 4 месяца, кг	Масса в 6 месяцев, кг	Среднесуточный прирост, г/ день	Абсолютный прирост, кг	Относительный прирост, %
КГ	34,2±0,14	38,0±0,12	63±0,02	3,8±0,14	11,1±1,0
Дорпер×КГ	36,9±0,18	43,5±0,15	110±0,03	6,6±0,18	17,9±1,2

Анализ представленных данных показывает закономерности роста и развития баранчиков в двух возрастных интервалах: от рождения до 4 месяцев и от 4 до 6 месяцев. В период от рождения до 4 месяцев наблюдается значительное увеличение массы тела, что сопровождается высокими абсолютными и относительными приростами. Среднесуточный прирост составляет стабильные значения в пределах 250–270 г/день, что подтверждает интенсивный рост на данном этапе. Относительный прирост превышает
700 %, что свидетельствует о высокой скорости накопления массы относительно массы при рождении. Во втором возрастном интервале, от 4 до 6 месяцев, темпы прироста снижаются, что является типичной физиологической закономерностью для данного периода развития. Среднесуточный прирост составляет от 63 до 110 г/день, а относительный прирост не превышает 20 %. Это отражает переход от активного роста к замедлению темпов накопления массы. Снижение интенсивности роста связано с возрастными изменениями в обмене веществ и окончанием формирования основных структур тела. То есть при производстве молодой ягнятины надо использовать темпы прироста именно в первые месяцы жизни.

Следующим этапом НИР стало изучение морфологического состава туш баранчиков 6 месячного возраста. Данные морфологического состава туши представлены в таблице 6. Анализ морфологического состава туш показывает характерные закономерности распределения тканей и жира у баранчиков в исследуемых группах. Предубойная масса составляет значительную величину, что свидетельствует о хорошей физиологической кондиции животных к моменту убоя. Масса туши и убойная масса демонстрируют высокий

уровень выхода продукции, соответствующий современным требованиям мясного овцеводства.

Таблица 6 – Морфологический состав туш ягнят КГ и помесных с дорпером, 6 мес.

Показатель	КГ	Дорпер×КГ
Предубойная масса, кг	38,0±0,5	43,5±0,5
Масса туши, кг	18,3±0,3	21,5±0,3
Убойная масса, кг	22,0±0,4	25,0±0,4
Хвостовой жир, кг	1,5±0,1	2,0±0,1
Внутренний жир, кг	1,25±0,1	1,50±0,1
Мышечная ткань, кг	11,90±0,2	13,98±0,2
Мышечная ткань, %	65,0±1,0	65,0±1,0
Костей и сухожилий, кг 3	3,66±0,1	4,30±0,1
Костей и сухожилий, %	20,0±0,5	20,0±0,5
Коэффициент мясности	3,25±0,10	3,25±0,10
Выход туши, %	48,2±0,5	49,5±0,5
Убойный выход,	58,0±0,4	57,0±0,4
Толщина жира, мм	1,5±0,1	1,8±0,1

Содержание мышечной ткани в тушах остается на стабильном уровне, составляя около 65 %, что указывает на сбалансированное развитие животных. Процентное содержание костей и сухожилий составляет порядка 20 %, что является нормой для данной возрастной категории и подтверждает хороший коэффициент мясности. Жировая ткань, представленная хвостовым и внутренним жиром, сохраняется в пределах 15 % от массы туши, что свидетельствует о физиологически обоснованном уровне жировой отложенности. Выход туши находится в диапазоне 48–50 %, что соответствует стандартным значениям для мясных пород и помесей. Убойный выход достигает 57–58 %, демонстрируя эффективность накопления массы и оптимальные соотношения между мышечной тканью, жировой отложенностью и костной массой. Эти результаты подтверждают пригодность данных животных для производства высококачественного мяса.

Заключение

Наши дальнейшие исследования будут направлены в целом на достижение полиэстричности и пожизненного многоплодия казахских овец.

Полиэстричность как мы уже отметили в начале – это способность овцематок приходить в охоту и осеменяться не только в традиционный сезон (осенью), но и круглогодично, или хотя бы в расширенный период. Добиваться этого можно комплексно как селекционными, так и технологическими приемами управления воспроизводством, которые воздействуют на физиологию животных.

К селекционным приемам можно отнести прилитие крови к нашим казахским породам крови полиэстричных и многоплодных пород как финский ландрас, романовская, дорпер и другие. Также внутри наших пород желательно отбирать баранов и маток из многоплодных пометов, для накопления в потомстве генов этих признаков [5, 6].

Из технологических приемов можно отметить:

1. Световой режим (фотопериод) – т.е. искусственное регулирование длины светового дня с помощью освещения в овчарнях.
2. Гормональные методы:

- использование прогестероновых губок, имплантов или вагинальных тампонов с последующей инъекцией гонадропинов;
- синхронизация охоты и индукция половой активности в «не сезон».

3. Фармакологическая стимуляция.
4. «Эффект самца»:

- введение в стадо баранов после периода изоляции;
- резкий контакт с самцами стимулирует половую охоту у овцематок.

5. Кормление и энергетическое питание (флашинг) – повышение энергетического уровня рациона за 2-3 недели до случки стимулирует развития большего числа фолликулов и повышает вероятность оплодотворения.

По всем этим направлениям у нас есть наработки, и мы планируем активизировать их исследования. Естественно, возникает вопрос, а как ухаживать за ягнятами их многоплодных пометов, да еще рожденных в разные сезоны год? Это задача для исследований, которые мы тоже намерены заняться.

Если мы хотим превратить овцеводство в разновидность рентабельного агробизнеса, этим надо заниматься как ученым, так и фермерам овцеводам.

Список литературы

1. Численность овец и коз, Бюро национальной статистики, Агентства по стратегическому планированию и реформам Республики Казахстан https://stat.gov.kz/ru/industries/business-statistics/stat-forrest-village-hunt-fish/dynamic-tables/

2. Kenneth P McNatty et al. Ovarian characteristics in sheep with multiple fecundity genes / Reproduction, 2017, Volume 153: Issue 2, P. 233–240

3. Бексеитов Т.К., Бакиев Р. Оценка эффективности использования мелкопородного скрещивания овец Казахской грубошерстной породы с Романовской породой / Материалы международной научно-практической конференции «Состояние и перспективы развития овцеводства в Казахстане и сопредельных государствах», Павлодар: Toraighyrov University, 2025, с. 15–19

4. Бексеитов Т.К., Атейхан Б. Разработка эффективных способов промышленного скрещивания овец для получения максимального эффекта гетерозиса / Материалы международной научно-практической конференции «Состояние и перспективы развития овцеводства в Казахстане и сопредельных государствах», Павлодар: Toraighyrov University, 2025, с. 27–33

5. Марзанов Н.С., Малюченко О.П., Корецкая Е.А. и др. Характеристика Романовской породы по локусу BMP-15, ответственному за многоплодие овец / Научно-теоритический журнал «Российская сельскохозяйственная наука», №3, 2019, С. 47-50

6. Тулегенов, С.С. Скрещивание – основной метод ускоренного повышения плодовитости овец // Вестник КазНУ. Серия биологическая, №1 (47), 2011, С. 46-49.

Полиморфизм генов CSN3, BLG и PRL и его связь с молочной продуктивностью и сыропригодностью молока симментальской породы коров

Токтар Бексеитов, Иван Веселовский*, Зарина Капшакбаева

НАО «Toraighyrov University», Павлодар, 140008, Казахстан

*Автор-корреспондент: veselovskii_Ivan@mail.ru

Изучено распределение генотипов по генам каппа-казеина (CSN3), бета-лактоглобулина (BLG) и пролактина (PRL) у коров симментальской породы и оценена их связь с молочной продуктивностью и сыропригодностью молока. Генотипирование животных проводили методом ПЦР–ПДРФ. Установлено, что по гену CSN3 частоты аллелей A и B составили 0,51 и 0,49; по BLG – 0,36 и 0,64; по PRL – 0,67 и 0,33. Наилучшие показатели по гену CSN3 имели животные с генотипом BB: удой превышал показатели коров с генотипами AA и AB на 160,4 и 129,3 кг, содержание жира – на 0,2 %, белка – на 0,06 %. По гену BLG наиболее высокий удой и выход молочного жира выявлены у животных с генотипом AA, а наибольшее содержание белка – у коров с генотипом BB. По гену PRL лучшие показатели молочной продуктивности установлены у коров с генотипом AA. Лучшая сыропригодность молока отмечена у коров с генотипом CSN3BB: фаза коагуляции составила 3,18 мин, полученный сгусток отличался большей плотностью и лучшими органолептическими свойствами. Полученные данные подтверждают возможность использования генов CSN3, BLG и PRL в качестве молекулярно-генетических маркеров при селекции симментальского скота.

Ключевые слова: симментальская порода, каппа-казеин, бета-лактоглобулин, пролактин, молочная продуктивность, сыропригодность молока

Введение:

Повышение эффективности селекционно-племенной работы в молочном скотоводстве напрямую связано с точностью оценки племенной ценности животных и возможностью раннего выявления особей с желательными хозяйственно-полезными признаками. Использование молекулярно-генетических маркеров позволяет дополнить традиционные зоотехнические подходы прямой оценкой генотипа, что особенно важно для признаков, проявляющихся в более позднем возрасте и в значительной степени зависящих от условий среды [1;2].

Среди генов-кандидатов, влияющих на молочную продуктивность и качество молока, особый интерес представляют гены молочных белков и гормонов лактации. Ген каппа-казеина (CSN3) связан с белковомолочностью и технологическими свойствами молока, прежде всего с сыропригодностью. Ген бета-лактоглобулина (BLG) ассоциирован с белковым составом молока, а ген пролактина (PRL) участвует в регуляции образования и секреции молока [5].

Для симментальской породы, сочетающей молочную и мясную продуктивность, подобные исследования особенно актуальны. Распределение генотипов по генам CSN3, BLG и PRL может различаться в зависимости от породы и популяции, поэтому региональные данные имеют большое значение для практической селекции [3;4].

В Казахстане уже проводились исследования, посвящённые изучению генов-кандидатов, связанных с продуктивными признаками у симментальского скота. В частности, Bekseitov et al. показали значимость анализа экспрессии генов-кандидатов липидного обмена у симментальского скота казахстанской селекции, что подтверждает перспективность использования молекулярно-генетических подходов в селекционной работе [10].

Целью работы было изучить полиморфизм генов CSN3, BLG и PRL у коров симментальской породы и оценить влияние различных генотипов на молочную продуктивность и сыропригодность молока.

Материалы и методы:

Исследование выполнено на коровах симментальской породы хозяйства ТОО «Галицкое». Для анализа полиморфизма гена CSN3 было исследовано 103 животных, гена BLG – 114 животных, гена PRL – 77 животных. Оценку молочной продуктивности проводили по удою за 305 дней лактации, массовой доле жира и белка, а также по выходу молочного жира и молочного белка.

От животных отбирали пробы крови. Препараты ДНК выделяли фенол-хлороформным методом с использованием набора реагентов «ДНК-сорб-С» (AmpliSens). Качество и концентрацию ДНК оценивали электрофоретически в 1,5 % агарозном геле.

Генотипирование проводили методом ПЦР–ПДРФ. Для гена CSN3 использовали рестриктазу PstI, для BLG – HaeIII, для PRL – RsaI. Амплификацию выполняли в 35 циклов с температурным режимом, соответствующим каждому локусу. Для оценки соответствия распределения генотипов равновесию Харди–Вайнберга рассчитывали критерий $\chi 2$. Сыропригодность молока изучали по фазе коагуляции, общей продолжительности свертывания, объему выделившейся сыворотки и органолептическим свойствам полученного сыра.

Результаты и обсуждение:

Анализ генетической структуры исследованного стада показал, что по гену CSN3 частоты аллелей A и B составили 0,51 и 0,49 соответственно; частоты генотипов AA, AB и BB – 27,2 %, 48,5 % и 24,3 %. По гену BLG преобладал аллель B: его частота составила 0,64 при частоте аллеля A 0,36; доля генотипов AA, AB и BB составила 12,3 %, 48,2 % и 39,5 %. По гену PRL частоты аллелей A и B были равны 0,67 и 0,33, а генотипы AA, AB и BB встречались с частотой 41,5 %, 52,0 % и 6,5 % соответственно. По CSN3 и BLG стадо находилось в состоянии генного равновесия, тогда как по PRL наблюдалось смещение в сторону избытка гетерозигот.

По данным ряда авторов, генотип BB по CSN3 часто связан с более высоким содержанием белка в молоке и улучшенными технологическими свойствами, тогда как для BLG и PRL результаты в разных популяциях могут различаться. Полученные в настоящем исследовании данные в целом согласуются с этими представлениями [6;7].

По гену CSN3 наилучшие показатели молочной продуктивности установлены у животных с генотипом BB (таблица 1). Их удой за 305 дней лактации составил 5517,1 кг, что выше аналогичных значений у животных с генотипами AA и AB на 160,4 и 129,3 кг соответственно. Кроме того, у коров с генотипом BB отмечены более высокие содержание жира и белка, а также наибольший выход молочного жира и белка.

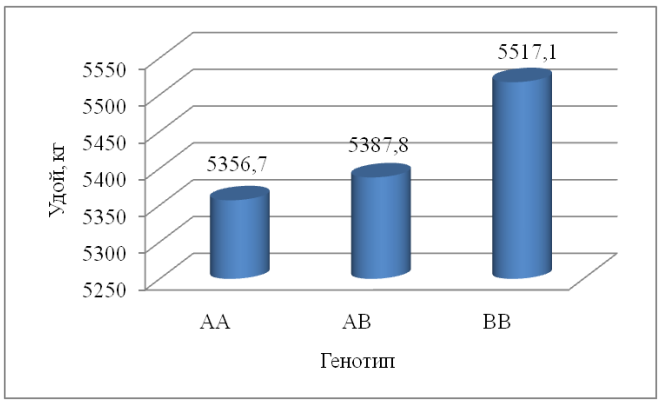


Рисунок 1. Удой за 305 дней лактации коров симментальской породы по гену каппа-казеина

Таблица 1 – Молочная продуктивность коров симментальской породы с различными генотипами каппа-казеина

Генотип	n	Удой за 305 дней лактации, кг	Жир, %	Молочный жир, кг	Белок, %	Молочный белок, кг
AA	28	5356,7 ± 219,65	4,1 ± 0,11	219,6	3,20 ± 0,03	171,4
AB	50	5387,8 ± 248,32	4,1 ± 0,10	220,9	3,25 ± 0,05	175,1
BB	25	5517,1 ± 256,17	4,3 ± 0,15	237,2	3,26 ± 0,06	177,6

По гену BLG наиболее высокий удой и выход молочного жира наблюдались у коров с генотипом AA, тогда как максимальное содержание белка выявлено у животных с генотипом BB (таблица 2). Следовательно, использование этого маркера может быть полезным при дифференцированном отборе животных в зависимости от приоритетного производственного признака.

Таблица 2 – Молочная продуктивность коров симментальской породы с различными генотипами бета-лактоглобулина

Генотип	n	Удой за 305 дней лактации, кг	Жир, %	Молочный жир, кг	Белок, %	Молочный белок, кг
AA	14	5571,2 ± 461,71	4,4 ± 0,18	245,1	3,24 ± 0,03	180,5
AB	57	5316,6 ± 155,98	4,2 ± 0,11	223,3	3,20 ± 0,05	170,1
BB	44	5357,2 ± 213,89	4,2 ± 0,10	225,0	3,26 ± 0,03	174,6

По гену PRL выраженное преимущество продемонстрировали коровы с генотипом AA (таблица 3). Их удой за 305 дней лактации составил 5741,1 кг, что на 283,5 кг выше по сравнению с генотипом AB и почти на 1000 кг выше по сравнению с генотипом BB. У этих же животных отмечен и наибольший выход молочного жира. Полученные результаты подтверждают участие гена пролактина в формировании уровня молочной продуктивности, что отмечалось и другими исследователями [5].

Таблица 3 – Молочная продуктивность коров симментальской породы с различными генотипами пролактина

Генотип	n	Удой за 305 дней лактации, кг	Жир, %	Молочный жир, кг	Белок, %	Молочный белок, кг
AA	32	5741,1 ± 282,60	4,2 ± 0,14	241,1	3,23 ± 0,08	185,4
AB	40	5457,6 ± 204,18	4,2 ± 0,11	229,2	3,22 ± 0,02	175,7
BB	5	4743,6 ± 597,36	3,5 ± 0,40	166,0	3,16 ± 0,06	149,9

Важной частью исследования стала оценка сыропригодности молока у коров с различными генотипами CSN3. Наиболее благоприятные технологические свойства были характерны для молока животных с генотипом BB (таблица 4). У них была минимальная фаза коагуляции – 3,18 мин, формировался плотный сгусток с выделением прозрачной сыворотки, а полученный сыр отличался лучшими органолептическими свойствами. Эти результаты согласуются с данными о преимуществах аллеля B гена каппа-казеина при производстве сыра [8;9].

Таблица 4 – Характеристика сыропригодности молока коров симментальской породы с различными генотипами гена каппа-казеина

Показатель	Генотип		
	AA (n=5)	AB (n=5)	BB (n=5)
Фаза коагуляции, мин	3,51 ± 0,09	3,27±0,07	3,18±0,16
Общая продолжительность	6,84±0,21	6,24±0,16	6,27±0,21
Объем выделившейся сыворотки, мл	0,92±0,03	0,90±0,02	0,91±0,03

Таким образом, полученные результаты показывают, что для селекции симментальского скота по молочной продуктивности и качеству молока наибольший практический интерес представляет генотип BB по гену CSN3. Для повышения удоя и выхода молочного жира могут быть также ценны генотип AA по гену BLG и генотип AA по гену PRL. Комплексное использование этих маркеров позволит повысить точность отбора и ускорить формирование стад с желательными производственными характеристиками.

Полученные различия между генотипами по показателям молочной продуктивности подтверждают перспективность использования генов CSN3, BLG и PRL в качестве молекулярно-генетических маркеров. Однако следует учитывать, что фенотипическая реализация продуктивных признаков определяется не только наследственными факторами, но и воздействием среды. В частности, Bekseitov et al. показали, что повторная перегруппировка коров сопровождается изменением продуктивных и физиологических показателей, что может влиять на выраженность хозяйственно полезных признаков [11].

Заключение:

1. В исследованном стаде симментальского скота по генам CSN3 и BLG установлено генное равновесие, а по гену PRL выявлено смещение в сторону избытка гетерозигот.

2. Наилучшие показатели молочной продуктивности по гену CSN3 наблюдались у животных с генотипом BB, по гену BLG – у животных с генотипом AA по удою и выходу молочного жира и у генотипа BB по содержанию белка, по гену PRL у коров с генотипом AA.

3. Наилучшая сыропригодность молока установлена у коров с генотипом CSN3BB, что подтверждает целесообразность использования этого маркера при селекции молочного скота для сыроделия.

Список литературы:

1. Терлецкий В. П., Дементьева Н. В., Усенбеков Е. С. Оценка племенных животных по полиморфизму генов и ДНК // Зоотехния. 2001. № 1. С. 14–16.

2. Alipanah M. Polimorphism Prolactin Loci in Russian Cattle // Journal of Animal and Veterinary Advances. 2007. № 6. P. 813–815.

3. Rogerio A. C., Henrique N. de O., Marcos A. G., Antonio C. S., Catalina R. Lopes Effects of CSN3 and LGB gene polymorphisms on production traits in beef cattle // Genetics and Molecular Biology. 2005. № 28(2).

4. Костюнина О. В. Молекулярная диагностика генетического полиморфизма основных белков молока и их связь с признаками молочной продуктивности: автореф. дис. канд. биол. наук. Дубровицы, 2005. 24 с.

5. Ardak A. D. Effects of genetic variants in milk protein on yield and composition of milk from Holstein-Friesian and Simmentaler cows // South African Journal of Animal Science. 2005. № 35(1). P. 41–47.

6. Хаертдинов Р. А. Содержание белков в молоке коров бестужевской породы с различными генотипами по альфа-, бета-, каппа-казеинам и бета-лактоглобулину // Сельскохозяйственная биология. 1988. № 5. С. 71–75.

7. Обиденко Т. Молочная продуктивность первотелок с различными генотипами каппа-казеина // Молочное и мясное скотоводство. 2008. № 2. С. 18–19.

8. Щегольков Н. Ф. Технологические свойства молока коров красно-пестрой породы с различными генотипами каппа-казеина // Материалы международной научно-практической конференции. Елец: ЕГУ, 2008. С. 375–379.

9. Калашникова Л. А. Перспективы улучшения технологических свойств молока коров черно-пестрой породы с использованием ДНК-маркеров по гену каппа-казеина // Материалы международной научной конференции. Дубровицы, 2004. 104 с.

10. Bekseitov, T., Abeldinov, R., Asanbaev, T. & Dzhaksybaeva, G. Expression of candidate genes of lipid metabolism in the Kazakhstani breeding Simmental cattle // Annals of Agrarian Science. 2017. P. 443–446.

11. Bekseitov, T.K., Kainidenov, N.N., Akhazhanov, E.K., Tileubek, U.N., Syrovatsky, M.V. & Beketov, S.V. Influence of repeated regrouping on productivity and physiological parameters of dairy cows // International Journal of Veterinary Science. 2025. № 14(3). P. 613–618.

Polymorphism of the PIT-1 gene and its influence on milk productivity of cattle in northern Kazakhstan

G. Jaxybayeva*

Toraighyrov University, Pavlodar, 140008, Kazakhstan

*Corresponding author: gulnarajaks@gmail.com

Abstract: This study investigates the polymorphism of the *PIT-1* gene and its association with milk productivity traits in Simmental and Red Steppe cattle breeds raised in the Pavlodar region of the Republic of Kazakhstan. Milk production is a multifactorial trait influenced by complex genetic and physiological mechanisms, among which transcription factors play a critical regulatory role. The pituitary-specific transcription factor *PIT-1* is involved in the regulation of growth hormone, prolactin, and thyroid-stimulating hormone synthesis, thereby affecting lactation processes. Genotyping was performed using PCR-RFLP analysis with subsequent restriction by HinfI endonuclease. The results revealed a pronounced polymorphism of the *PIT-1* locus, with a high frequency of heterozygous genotypes (43.3–50%). Significant interbreed differences in genotype distribution were identified ($p<0.05$). In the Simmental breed, no statistically significant differences in productivity traits among genotypes were observed; however, heterozygous animals (*PIT-1AB*) demonstrated a consistent trend toward improved milk yield and milk composition. In contrast, in the Red Steppe breed, the *PIT-1BB* genotype was significantly associated with higher milk yield, fat yield, and protein yield ($p<0.05$). The findings indicate a breed-specific effect of *PIT-1* polymorphism on milk productivity and support its potential application as a molecular genetic marker in cattle breeding programs.

Keywords: *PIT-1* gene, polymorphism, cattle, milk productivity, Simmental breed, Red Steppe breed, PCR-RFLP, genetic markers

Introduction: Milk productivity in cattle represents a complex quantitative trait determined by the interaction of multiple genetic loci and regulatory mechanisms. Among the promising genetic markers, the pituitary-specific transcription factor gene *PIT-1* (*POU1F1*) occupies a central position due to its involvement in numerous biochemical and physiological processes in the organism.

The level of milk productivity depends on a wide range of factors, including the secretory activity of the mammary gland, which is regulated by hormones, genes, transcription factors, and enzymatic systems. The set of transcription factor binding sites within regulatory regions of genes is considered a fundamental component of the transcriptional regulatory code, functioning in close interaction with other regulatory systems, including nucleosome positioning, chromatin organization, and histone modifications, thereby ensuring differential gene expression in multicellular organisms.

Particular attention has been paid to genes of the somatotropic axis (*bPIT-1*, *bGH*, *bGHR*, *bIGF-1*), whose protein products function within a unified humoral system involved in the regulation of growth, development, and lactation processes. Within this cascade, the expression of one gene may influence the expression of others, and individual polymorphisms may exert cumulative or synergistic effects.

The *PIT-1* gene in cattle is localized in the centromeric region of chromosome 1, between markers *TGLA57* and *RM95*. The *PIT-1* protein consists of 291 amino acids and contains a POU domain responsible for high-affinity DNA binding. This domain includes two highly conserved regions that play a critical role in regulating the expression of growth hormone and prolactin genes. In mammals, several splice variants of the *PIT-1* gene have been described, producing biologically active isoforms with distinct regulatory functions.

To date, multiple polymorphic variants of the *PIT-1* gene have been identified, resulting from point mutations in intronic and exonic regions. In particular, the *PIT-1B* allele is associated with a nucleotide substitution (A→G), which may affect the functional properties of the encoded protein.

Despite a substantial body of research, data regarding the association between *PIT-1* polymorphism and milk production traits remain inconsistent. Some studies report a positive relationship between the *PIT-1A* allele and increased milk yield and improved milk quality, whereas others indicate an advantage of the *PIT-1B* allele or fail to detect significant associations. These discrepancies are likely because of breed-specific genetic backgrounds, environmental conditions, and population structure.

Therefore, the investigation of population genetic structure at the *PIT-1* locus and the evaluation of its association with milk productivity traits in specific breeds and regional conditions remain highly relevant. The aim of the present study was to analyze the polymorphism of the *PIT-1* gene and assess its relationship with milk productivity in Simmental and Red Steppe cattle bred in Northern Kazakhstan.

Materials and Methods: The study was conducted on Simmental and Red Steppe cattle populations raised in farms of the Pavlodar region, Republic of Kazakhstan.

Genotyping of animals for the *PIT-1* gene was performed using the polymerase chain reaction–restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) method. Amplification of the target DNA fragment was carried out using the following oligonucleotide primers:

Pit1-F: 5′-AAA CCA TCA TCT CCC TTC TT-3′

Pit1-R: 5′-AAT GTA CAA TGT GCC TTC TGA G-3′

The PCR amplification protocol included an initial denaturation step at 94 °C for 5 minutes, followed by 35 cycles consisting of denaturation at 94 °C for 30 seconds, primer annealing at 56 °C for 30 seconds, and extension at 72 °C for 30 seconds. A final extension step was performed at 72 °C for 10 minutes.

Restriction analysis of amplified products was carried out using the HinfI endonuclease at 37 °C, followed by separation of restriction fragments by horizontal agarose gel electrophoresis. The recognition site of HinfI corresponds to the sequence G↓ANTC.

Genotypes were determined based on the pattern of restriction fragments, allowing differentiation between *PIT-1A* and *PIT-1B* alleles.

Statistical analysis included the calculation of genotype and allele frequencies, assessment of conformity with Hardy–Weinberg equilibrium, and comparative analysis of milk productivity traits across genotypic groups with evaluation of statistical significance.

Results: The analysis of genotype structure demonstrated that both Simmental and Red Steppe cattle populations are characterized by pronounced polymorphism at the *PIT-1* locus, with a high proportion of heterozygous individuals (43.3–50%). In the Simmental breed, the *PIT-1AB* genotype predominated (45.8%), whereas in the Red Steppe breed, the *PIT-1BB* genotype showed the highest frequency (47.5%). The frequency of the *PIT-1B* allele was 51% in Simmental cattle and 70% in Red Steppe cattle. Statistically significant differences between genotype frequencies (*PIT-1AA* and *PIT-1BB*) were identified between the breeds ($p<0.05$), indicating breed-specific features of genetic structure. The observed genotype distributions were consistent with Hardy–Weinberg equilibrium, suggesting genetic stability of the populations and the absence of strong selection pressure acting on this locus at the time of the study. In Simmental cattle, no statistically significant differences in milk productivity traits among genotypes were detected. However, a consistent trend toward higher milk yield was observed in animals carrying the PIT-1AB genotype (6182 kg), exceeding the values of *PIT-1AA* and *PIT-1BB* genotypes by 173 kg and 72 kg, respectively. A similar tendency was observed for milk fat content, milk fat yield (264.2 kg), and milk protein yield (202 kg), with heterozygous animals demonstrating relatively improved performance. In contrast, in the Red Steppe breed, a tendency toward superiority of animals with the *PIT-1BB* genotype in milk yield (7229 kg) was observed compared to *PIT-1AA* and *PIT-1AB* genotypes. In terms of milk fat content, heterozygous animals showed significantly lower values compared to homozygotes ($p<0.05$). The highest milk fat yield (291.4 kg) and milk protein yield

were also recorded in animals with the *PIT-1BB* genotype, with statistically significant differences in protein yield ($p<0.05$). Additionally, differences in phenotypic variability were identified. In the Simmental breed, heterozygous animals exhibited lower variability in milk yield and protein content compared to homozygous individuals, whereas no such pattern was observed in the Red Steppe breed.

Conclusion: The studied populations of Simmental and Red Steppe cattle are characterized by a high level of polymorphism at the *PIT-1* locus and conform to Hardy–Weinberg equilibrium. Significant interbreed differences in allele and genotype frequencies were identified, with the *PIT-1B* allele predominating in the Red Steppe population. The effect of *PIT-1* gene polymorphism on milk productivity traits was found to be breed-specific. In Simmental cattle, a tendency toward superior performance was associated with the heterozygous *PIT-1AB* genotype, whereas in the Red Steppe breed, the *PIT-1BB* genotype was significantly associated with higher milk yield, milk fat yield, and milk protein yield. The obtained results support the relevance of the *PIT-1* gene as a molecular genetic marker and highlight its potential application in marker-assisted selection programs aimed at improving milk productivity in cattle.

References:

1. Позовникова, М.В., Сердюк, Г.Н. Связь полиморфизма гена PIT-1 с продуктивными признаками голштинизированного черно-пестрого скота. Генетика и разведение животных 4, (2017).

2. Чижова, Л.Н., Суржикова, А.И., Чудновец, Е.С. Межпородная дифференциация аллельного полиморфизма генов CSN3, PIT1, PRL, GH, LEP молочного скота. Вестник АПК Ставрополья 1(37), (2020).

3. Бейшова, И.С. Влияние аллелей полиморфных генов bPIT-1, bGH и bGHR на показатели роста у крупного рогатого скота аулиекольской породы. Успехи современной науки 4, (2017).

4. Джаксыбаева Г.Г. Полиморфные варианты гена PIT-1 крупного рогатого скота симментальской, красной степной пород республики Казахстан / Г.Г. Джаксыбаева, Н.Н. Кочнев, Н.Н. Кайниденов // Вестник НГАУ – 2023 – № 3 (68) – С. 167–175.

5. Anggraeni, A., Asmarasari, S.A., Saputra, F. Genetic polymorphism of GHR|SspI and PIT1|StuI loci in twin and multiple births in local Peranakan Ongole cattle. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science 788, (2020).

6. Beishova, I., Belaya, A., Nametov, A. Evaluation of polymorphic variants of the genes bPIT-1, bGH, and bGHR as genetic markers of meat productivity in cows of the Auliekol breed. Research Journal of Medical Sciences 15, (2021).

7. Dybus, A., Szatkowska, E., Czerniawska-Piatkowska, W. PIT1-HinfI gene polymorphism and its associations with milk production traits in Polish Black-and-White cattle. Archiv für Tierzucht 47(6), (2004).

8. Ebrahimi Hoseinzadeh, Z., Mohammadabadi, M. R., Esmailizadeh, A. Association of PIT-1 gene with milk fat percentage in Holstein cattle. Iranian Journal of Applied Animal Science 5(3), (2015).

9. Heidari, M., Azari, M.A., Hasani, S. Effect of polymorphic variants of GH, PIT-1, and BLG genes on milk production in Holstein cows. Russian Journal of Genetics 48(4), (2012).

10. Mattos, K.K., Lama, S.N., Martinez, M.L. Association of bGH and PIT-1 gene variants with milk production traits in dairy Gyr bulls. Pesquisa Agropecuária Brasileira 39(2),(2004).

11. Moody, D.E., Pomp, D., Barendse, W. Restriction fragment length polymorphism in amplification products of the bovine PIT-1 gene and assignment of PIT-1 to bovine chromosome 1. Animal Genetics 26, (1995).

12. Thuy, N., Thu, N., Cuong, N. Polymorphism of PIT-1 and prolactin genes and their effects on milk yield in Holstein-Friesian dairy cows bred in Vietnam. Russian Journal of Genetics 54(3), (2018).

13. Trakovická, A., Moravčíková, N., Gábor, M. Genetic polymorphism of the PIT-1 gene associated with milk production traits in Holstein cattle. Acta Agraria Kaposváriensis 18(1), (2014).

14. Zhao, Q., Davis, M. E. Associations of polymorphisms in the PIT-1 gene with growth and carcass traits in Angus beef cattle. Journal of Animal Science 82, (2004).

15. Zwierzchowski, L., Krzyżewski, J., Strzałkowska, N. Effect of polymorphisms of growth hormone (GH), PIT-1, and leptin (LEP) genes, cow age, lactation stage, and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black-and-White cows. Animal Science Papers and Reports 20, (2002).

Whole-Genome Characterization of Kazakh Fat-Tailed Sheep: A Foundation for Disease Resistance Research

Shynggys Orkara*, Aigerim Khamzina, Nurlan Sandybayev, Primkul Ibragimov

Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, 050100, Kazakhstan

*Corresponding author: orkara.shynggys@kaznaru.edu.kz

Background: Indigenous sheep breeds represent a unique genetic reservoir shaped by centuries of adaptation to specific ecosystems. Kazakh fat-tailed coarse-wooled sheep (KCWFT), as a product of folk selection, possess exceptional resilience to extreme temperature fluctuations and resource scarcity in arid zones. Despite their high adaptability, the genomic architecture of this breed remains insufficiently characterized. Most previous studies relied on standard SNP chip panels, which are limited by a fixed set of markers and do not fully reflect the unique diversity of native breeds. The use of whole-genome resequencing (WGS) enables the direct identification of rare regional alleles and structural variations necessary for understanding the mechanisms of disease resistance and establishing a foundation for marker-assisted selection. The aim of this study is to evaluate the population genetic structure of the Kazakh coarse-wooled sheep at the whole-genome level for the subsequent identification of candidate genes associated with adaptation and disease resistance.

Materials and methods: A total of 20 individuals from a Kazakh fat-tailed coarse-wooled sheep population were subjected to WGS using the Illumina NovaSeq 6000 platform with a paired-end sequencing strategy (2 × 150 bp). For comparative analysis, raw FASTQ files from 55 individuals representing six additional sheep breeds, as well as five samples of the wild ancestor *Ovis orientalis*, were retrieved from the European Variation Archive (EVA). All comparative samples were processed using the same bioinformatic pipeline and aligned to the sheep reference genome ARS-UI_Ramb_v3.0. Quality control and adapter trimming were performed using Fastp v0.24.0. Read alignment was carried out using the BWA-MEM v0.7.18 algorithm. Variant calling was performed using Bcftools v1.16.1 according to standard filtering criteria. Population structure was assessed using principal component analysis (PCA) based on high-quality biallelic SNPs. PCA results were visualized in R v4.5.2 using the ggplot2 package.

Results: The average sequencing depth was 14.6× for each sample and 20× for the comparative samples. Principal component analysis (PCA) explains 39.7% of the total genetic variation (PC1–PC4). The first component (PC1, 13.3%) clearly separated the wild ancestors (*Ovis orientalis*, PC1: +0.216 to +0.234) from all domestic breeds (PC1: -0.019 to -0.052), reflecting the genetic divergence associated with domestication. Along the PC2 axis (10.8%), a distinct geographic gradient was identified: the KCWFT formed a highly consolidated cluster (PC2: +0.061 to +0.069), genetically close to the Bashibai (BSB) and Hu (HU) breeds, while being slightly distanced from Altay sheep (AL, PC2: +0.090 to +0.120). South African Dorpers (WDP, BDP) also occupied the positive PC2 region (+0.012 to +0.027). A sharp demarcation was observed between KCWFT and specialized European meat breeds (Suffolk (SFK), PC2: -0.219 to -0.301) as well as Northern European short-tailed breeds (Finnish (FINN), PC3: +0.218 to +0.296). The low intra-population variance of KCWFT indicates high genetic purity and the distinctiveness of the studied indigenous group.

Conclusion: The obtained results confirm the distinct genetic status of the Kazakh coarse-wooled sheep within the global gene pool. The identified differentiation and the established whole-genome dataset provide a foundation for the subsequent search for specific loci responsible for adaptation to extreme environments and disease resistance.

Acknowledgement: This work was funded by the program-targeted fundin project (PTF) BR24992940.

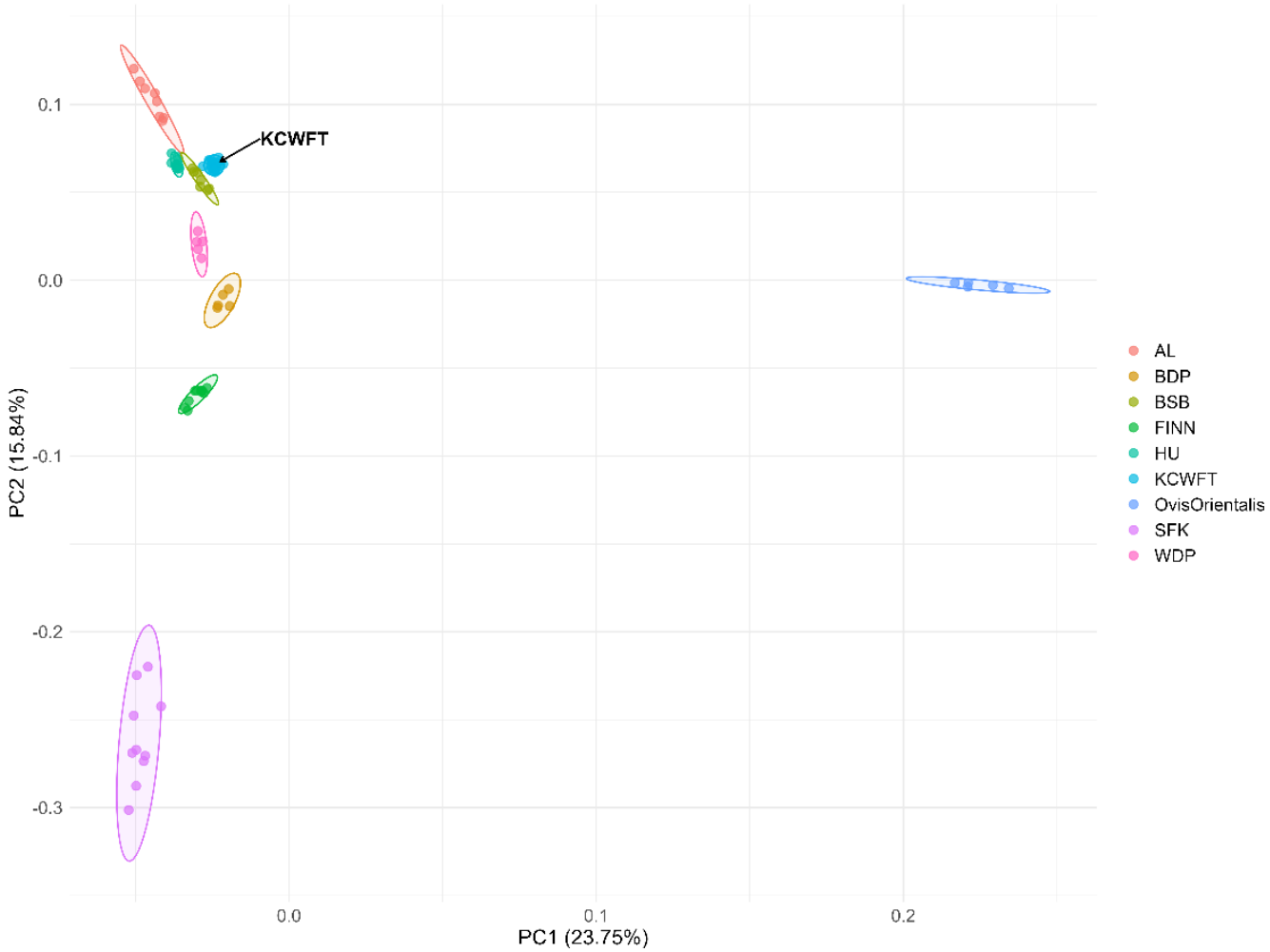


Figure 1. Principal Component Analysis (PCA) of the studied sheep populations

Key words: population genetics, Kazakh sheep, disease resistance, whole-genome.

References:

1. Dossybayev, K., Amandykova, M., Ualiyeva, D., Kapassuly, T., Kozhakhmet, A., Ciani, E., Bekmanov, B. & Amzeyev, R. Genome-wide SNP analysis reveals the unique genetic diversity represented by fat-tailed coarse-wooled sheep breeds of Kazakhstan. Biology 14, 1478 (2025).

2. Yang, H., Yang, Y.L., Li, G.Q. et al. Identifications of immune-responsive genes for adaptative traits by comparative transcriptome analysis of spleen tissue from Kazakh and Suffolk sheep. Sci. Rep. 11, 3157 (2021).

3. Lv, F.H., Cao, Y.H., Liu, G.J. et al. Whole-genome resequencing of worldwide wild and domestic sheep elucidates genetic diversity, introgression, and agronomically important loci. Mol. Biol. Evol. 39, msab353 (2022).

4. Li, X., Yang, J., Shen, M. et al. Whole-genome resequencing of wild and domestic sheep identifies genes associated with morphological and agronomic traits. Nat. Commun. 11, 2815 (2020).

Качественные показатели пухового волокна горноалтайских пуховых коз в условиях ТОО Агрофирма «Акжар Өндіріс»

Т.Ш. Асанбаев, Т.С. Шарапатов, А.К. Ибраева, С.А. Поморгайло*

НАО Торайгыров университет, Павлодар, 140000, Казахстан

*Автор-корреспондент: spomorgaylo@bk.ru

В статье представлены результаты оценки пуховой продуктивности и качества пухового волокна горноалтайских пуховых коз, разводимых в условиях степной зоны ТОО Агрофирма «Акжар Өндіріс», Павлодарской области.

Актуальность исследования обусловлена необходимостью повышения эффективности разведения пухового козоводства, и улучшения качества сырья в условиях резко-континентального климата Северо-Востока Казахстана.

Целью работы являлось изучение основных показателей пуховой продуктивности, т.е. настрига, длины, тонины волокна и доли пуха в шерстном покрове в зависимости от пола животных. Объектом исследования служили козы горноалтайской пуховой породы, содержащиеся в экстенсивных природно-климатических и пастбищно-кормовых условиях.

Установлено, что козоматки превосходят козлов по большинству продуктивных признаков, а именно настриг шерсти достигает 0,61 г, длина волокна – до 8,0 см, доля пуха составляет до – 63,54 %. При этом тонина пуха у самок ниже (15,7–17,5 мкм), что свидетельствует о более высоких технологических качествах сырья. В то же время у козлов данные показатели имеют более низкие значения: настриг шерсти составляет в среднем 0,49–0,51 г, длина волокна – 4,93–5,58 см, доля пуха – около 57,90 %, при более высокой тонине (в среднем 17,72 мкм), что указывает на менее выраженные технологические свойства пухового сырья. Более высокий настриг шерсти у козоматок, вероятно, обусловлен возрастом козлов около 2 лет, у которых формирование пухового покрова ещё не завершено.

Полученные результаты подтверждают соответствие исследуемого поголовья требованиям желательного типа породы и его хорошую адаптацию к условиям степной зоны. Практическая значимость работы заключается в возможности использования данных при совершенствовании селекционно-племенной работы и повышении качества пухового сырья.

Ключевые слова: пуховая продуктивность, качество волокна, горноалтайская пуховая порода, козоводство.

Введение. Козоводство в Республике Казахстан является одной из традиционных отраслей животноводства, играющей важную роль в обеспечении населения мясомолочной и шерстно-пуховой продукцией, прочим сырьём животного происхождения.

Особое значение в структуре отрасли занимает пуховое козоводство, ориентированное на производство ценного текстильного сырья – козьего пуха. Казахстан обладает значительным потенциалом для развития данного направления благодаря наличию обширных пастбищных угодий и благоприятных природных условий для содержания пуховых пород коз [1, 2, 3]. Однако в настоящее время уровень развития пухового козоводства в стране остаётся недостаточно высоким, что связано с рядом организационно-технологических и селекционных факторов.

Пух коз представляет собой тонкое подшерстковое волокно, формирующееся в холодный период года и выполняющее защитную терморегулирующую функцию организма животного. Он отличается высокими теплоизоляционными свойствами, низкой теплопроводностью, мягкостью, лёгкостью и значительной прочностью, что делает его ценным сырьём для текстильной промышленности [4]. В сравнении с овечьей шерстью козий пух обладает более высокой однородностью и меньшим диаметром волокон, что

обуславливает его использование при производстве высококачественных трикотажных изделий, платков, тканей и пряжи премиального класса.

Качество пухового сырья определяется совокупностью таких показателей, как тонина (диаметр волокна), длина, прочность, эластичность, а также содержание пуха в общей массе шерстного покрова. Особую ценность представляет тонкий и длинный пух с высокой степенью однородности, поскольку именно эти характеристики напрямую влияют на технологические свойства и конечное качество текстильной продукции. Кроме того, важным показателем является выход чистого пуха после первичной обработки, что имеет существенное значение для экономической эффективности производства.

Одной из перспективных пород, используемых для получения пуха, является горноалтайская пуховоя порода коз, которая характеризуется хорошей приспособленностью к различным природно-климатическим условиям, устойчивостью к неблагоприятным факторам среды и способностью формировать высококачественное пуховое сырьё. При этом уровень пуховой продуктивности и качественные показатели волокна во многом зависят от условий содержания, кормления, а также от генетических особенностей животных.

В условиях степной зоны, отличающейся резкими перепадами температур, низкой влажностью и ограниченной кормовой базой, особую актуальность приобретает изучение адаптационных и продуктивных качеств коз, в том числе показателей пуховой продуктивности. Оценка таких параметров, как настриг пуха, длина и тонина волокна, а также доля пуха в шерстном покрове, позволяет объективно судить о хозяйственной ценности животных и их соответствии требованиям, предъявляемым к козам желательного типа [5].

Целью настоящего исследования является оценка пуховой продуктивности и качества пухового волокна горноалтайских коз, разводимых в условиях ТОО Агрофирма «Акжар Өндіріс» степной зоны. Для достижения поставленной цели были определены следующие задачи: изучить показатели настрига пуха, определить длину и тонину пухового волокна, установить долю пуха в шерстном покрове, а также провести сравнительный анализ полученных данных в зависимости от пола животных.

Материалы и методы. Исследования были проведены в условиях ТОО Агрофирма «Акжар Өндіріс», расположенного в степной зоне, характеризующейся континентальным климатом с выраженными сезонными колебаниями температуры и ограниченным количеством атмосферных осадков. Объектом исследования служили козы горноалтайской пуховой породы различного пола и возраста, содержащиеся в одинаковых природно-климатических и пастбищно-кормовых условиях.

Формирование опытной группы осуществлялось по принципу аналогов с учетом происхождения, возраста, живой массы и физиологического состояния животных. В выборку были включены клинически здоровые особи, находящиеся в типичных для хозяйства условиях содержания. Общее количество исследованных животных составило 15 голов, в том числе козлы и козоматки.

Содержание животных осуществлялось по пастбищно-стойловой системе, принятой в хозяйстве. Кормление соответствовало действующим зоотехническим нормам, и включало использование естественных пастбищ в вегетационный период, а в стойловый период грубых кормов с добавкой в рацион, некоторого количества дробленых зерновых кормов. Условия содержания и кормления в период проведения исследований были одинаковыми для всех животных, что исключало влияние внешних факторов на формирование показателей продуктивности.

Оценка пуховой продуктивности проводилась в период естественной линьки животных, что соответствует оптимальному времени для получения объективных данных о качестве пухового сырья. Отбор проб пухового волокна осуществлялся методом начеса с использованием стандартных гребней с определённой частотой зубьев.

Масса начеса определялась путем взвешивания полученного пуха на лабораторных весах с точностью до 0,01 г. Длина пухового волокна измерялась с помощью миллиметровой

линейки по средней длине выровненных волокон, отобранных из каждой пробы. Для повышения точности измерений анализировалось не менее 20 волокон из каждой выборки с последующим вычислением среднего значения.

Определение тонины пухового волокна проводилось с использованием микроскопического метода. Подготовка препаратов включала размещение волокон на предметном стекле с последующим измерением диаметра при помощи окуляр-микрометра. Результаты выражались в микрометрах (мкм) как среднее значение серии измерений.

Результаты. В целях оценки технологических свойств пухового волокна горноалтайских пуховых коз, разводимых в условиях ТОО Агрофирма «Акжар Өндіріс» степной зоны, были проведены исследования основных показателей качества пуха. При этом учитывались такие характеристики, как настриг пуха, длина волокна, его тонина и доля пухового волокна в шерстном покрове рисунок 1.

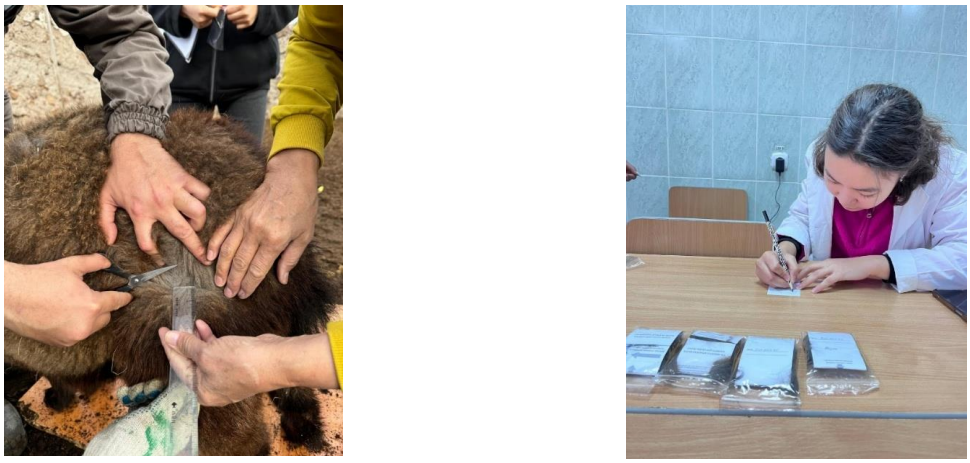


Рисунок 1 – Отбор проб пухового сырья и их лабораторная регистрация

Анализ данных показателей дает возможность определить степень соответствия исследуемого поголовья требованиям, предъявляемым к козам желательного типа горноалтайской пуховой породы, а также выявить уровень вариабельности признаков, имеющих важное значение для селекционной работы и повышения качества сырья [6].

Для сравнительной оценки пуховой продуктивности и технологических свойств пухового волокна горноалтайских пуховых коз проведён анализ основных количественных показателей с учётом половой принадлежности животных. Результаты статистической обработки представлены в таблице 1.

Таблица 1 – Сравнительная характеристика пуховой продуктивности и качества пухового волокна горноалтайских пуховых коз

Показатель	Козлы, (n=6), M±m	SD	Cv, %	Козоматки (n=9), M±m	SD	Cv, %
Начес пуха, г (бедренная зона)	0,492±0,010	0,025	5,08	0,547±0,013	0,039	7,13
Начес пуха, г (дорсальная зона)	0,510±0,014	0,034	6,67	0,580±0,012	0,035	6,03
Длина пуха, см (бедренная зона)	4,93±0,14	0,34	6,95	5,70±0,11	0,33	5,81
Длина пуха, см (дорсальная зона)	5,58±0,03	0,08	1,34	7,07±0,21	0,64	9,06
Тонина, мкм	17,72±0,27	0,66	3,71	16,78±0,21	0,63	3,74
Доля пуха, %	57,90±0,89	2,18	3,76	60,57±0,45	1,34	2,22

Анализ показателей пуховой продуктивности и качества пухового волокна горноалтайских коз свидетельствует о выраженном влиянии половой принадлежности на формирование исследуемых признаков.

Установлено, что козоматки превосходят козлов по большинству продуктивных показателей. Средний настриг пуха в бедренной зоне у козоматок составил 0,547±0,013 г, что на 11,2% выше по сравнению с козлами (0,492±0,010 г). Аналогичная тенденция наблюдается и в дорсальной зоне, где различие достигает 13,7% (0,580±0,012 г против 0,510±0,014 г). Данные результаты свидетельствуют о более интенсивном формировании пухового покрова у самок. Более высокие показатели настрига пуха у козоматок по сравнению с козлами, вероятно, обусловлены возрастными особенностями, так как козлы находились в фазе активного роста (около 2 лет), при которой формирование пухового покрова ещё не завершено.

Длина пухового волокна у козоматок также достоверно выше, то есть в бедренной зоне – 5,70±0,11 см против 4,93±0,14 см у козлов (увеличение на 15,6%), в дорсальной зоне – 7,07±0,21 см против 5,58±0,03 см (на 26,7%). Удлинение волокна у самок является важным селекционным признаком, так как напрямую связано с технологической ценностью сырья.

В то же время козоматки характеризуются более низкой тониной пуха (16,78±0,21 мкм), тогда как у козлов данный показатель составляет 17,72±0,27 мкм. Снижение диаметра волокна на 5,3% указывает на более высокое качество пуха у самок, поскольку тонина является одним из ключевых критериев при переработке и производстве текстильной продукции.

Доля пухового волокна в шерстном покрове у козоматок достигает 60,57±0,45%, что превышает аналогичный показатель у козлов (57,90±0,89%) на 4,6%, подтверждая их более высокую пуховую продуктивность.

Анализ коэффициента вариации показал, что все исследуемые признаки характеризуются низким уровнем изменчивости (CV < 10%), что свидетельствует об однородности выборки и стабильности проявления продуктивных качеств в данных в производственных условиях содержания.

Таким образом, полученные результаты подтверждают преимущество козоматок по ключевым показателям пуховой продуктивности и качества волокна, а также соответствие исследуемого поголовья требованиям желательного типа горноалтайской пуховой породы. Это позволяет рекомендовать отбор самок как приоритетное направление в селекционно-племенной работе, направленной на повышение эффективности производства высококачественного пухового сырья.

Полевой этап исследований по отбору проб пухового сырья и оценке продуктивных качеств горноалтайских пуховых коз в условиях хозяйства представлен на рисунке 2.

Рисунок 2 – Проведение полевых исследований по оценке пуховой продуктивности горноалтайских пуховых коз

Заключение. Проведённые исследования показали, что горноалтайские пуховые козы, разводимые в условиях ТОО «Агрофирма Акжар Өндіріс» степной зоны, характеризуются достаточно высоким уровнем пуховой продуктивности и удовлетворительными показателями качества пухового волокна. Установлено, что козоматки превосходят козлов по основным продуктивным признакам, включая настриг пуха, его длину и долю пухового волокна в шерстном покрове, а также отличаются более тонкой структурой пуха.

Выявленные значения исследуемых показателей соответствуют требованиям, предъявляемым к животным желательного типа горноалтайской породы, что свидетельствует о хорошей адаптации поголовья к условиям содержания и перспективности его дальнейшего использования в селекционно-племенной работе в условиях Северо-Востока Казахстана. Полученные результаты могут быть использованы для совершенствования технологии разведения коз и повышения качества пухового сырья.

Финансирование. Настоящее исследование выполнено в рамках научных, научно-технических проектов по грантовому финансированию Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан 2024-2026 гг. По теме проекта: ИРН AP23489140 «Трансферт инновационных технологий и внедрение эффективных способов производства продукции козоводства».

Список литературы:

1. Джуринская И.М., Кенжебаева Т.Е., Рахимова С.М., Ниязбеков Б.Ж. Перспективы развития пухового козоводства в Республике Казахстан // Научный журнал. – 2020. – № 3. – С. 5–8.

2. Асанбаев, Т.Ш., Шарапатов, Т.С. Ибраева, А.К., Кожабеков, Р.А. Перспективы развития коз горноалтайской породы в условиях ТОО АФ «Ақжар Өндіріс» // XXV Сатпаевские чтения, 2025. – Т. 15. – С. 133-139.

3. Темиржанова З.Н., Исаева К.С. Разработка технологии ферментированного продукта из козлятины с использованием стартерных культур и натуральных антиоксидантов. Вестник Алматинского технологического университета. 2025;150(4):49-57. https://doi.org/10.48184/2304-568X-2025-4-49-57

4. Юлдашбаев, ЮА, Кулатаев, БТ, Арынгазиев, БС. (2022). Козоводство. Санкт-Петербург: Изд-во Лань, 228 с.

5. Омаркожаулы, Н, Шуркин, А, Султанов, О, Саденова М. (2018). Козоводство. Алматы: Изд-во ТОО «Лантар Трейд», 206 с.

6. Assanbayev, T., Shaikenova, K., Shauyenov, S., Yerzhanov, N., Ibrayev, D., Omarova, K., Sadenova, M., Mukhametzharova, I., Doldasheva, G., Ibraeva, A., & Sharapatov, T. (2025). Seasonal behavioral characteristics and meat productivity of Altai Mountain goats in the Northeastern region of Kazakhstan. Journal of Animal Behaviour and Biometeorology, 13(2), 2025015. https://doi.org/10.31893/jabb.2025015

Screening *Setaria Italica L.* in selection for improved drought tolerance under osmotic stress

Alexander Astashov*, Tatyana Astashova

Russian Research, Design and Technology Institute of Sorghum and Corn Federal State Government-Funded Scientific Institution, Saratov, 410050, Russia

*Corresponding author: alex-astashov@mail.ru

Background: currently, the study of the resistance of crops to the effects of abiotic stresses is gaining particular relevance in the context of global climate change [1]. To maintain sustainable growth of agricultural production, diversification of crops with an emphasis on varieties with high productivity in drought conditions is required [2, 3]. The purpose of the experiment ¬ to diagnose the resistance of chumiza to abiotic stressors under model drought conditions for further use in selection to increase drought resistance.

Materials and methods: Object of research: *Setaria Italica L.* The ability of seeds to swell ($C_{12}H_{22}O_{11}$ – 19 atm and KNO_3 72 atm) and germinate under conditions of physiological drought in a solution with increased osmotic pressure of various concentrations ($C_{12}H_{22}O_{11}$: 8.3% (6 atm), 12.4% (9 atm), 16.5% (12 atm), 20.7% (15 atm), 24.8% (18 atm).
The resistance of plague samples to osmotic stress was assessed using the root length index (IDC) [4].

Results: in the course of the studies, the chumiza samples were characterized by relative drought resistance: the swelling of chumiza seeds in sucrose solution exceeded the control level by 1.8% in the Stachumi 1 variety and corresponded to the control in the k-73 variety sample. A pattern was established: seed swelling in hypertonic potassium nitrate solution decreased, which indicates a specific effect of KNO_3 solution. It was found that in the formation of a sign of seedling length, factor B (experimental options) during the experiment was 17.0%, and the contribution of the genotypic factor was 9.1%, while the interaction of the factors "genotype - conditions of the year" of plant vegetation and "conditions of the year" was 23.9 and 23.5%, respectively.

Conclusion. As a result of the research, effective methods for diagnosing chumiza plants for drought resistance in the early stages of growth have been identified. Under conditions of osmotic stress for chumiza, the optimal pressure of the osmotic solution was experimentally revealed - 12 atmospheres, which is recommended to be used in the future for diagnostics. It is important to use Root Length Index (ROI) as additional criteria for sample evaluation. A negative relationship was found between the swelling of seeds in potassium nitrate solution with seed yield in 2021 (r = -0.84), and in 2022-2023. the relationship of these signs has not been established. Biomass and seed yields were inversely correlated with root length under conditions of high osmotic pressure of 12 atmospheres.

Acknowledgements: the work was carried out within the framework of State Assignment No. 1022051600016-8 of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation.

Keywords: *Setaria Italica L.*, seeds, germination, osmotics, sucrose.

References:

1. Feller U, Vaseva I Extreme climatic events: Impacts of drought and high temperature on physiological processes in agronomically important plants // *Front Enviromental Science* **2**, 1-17 (2014)

2. Fahad S, Bajwa AA, Nazir U, Anjum SA, Farooq A, Zohaib A, Sadia S Crop production under drought and heat stress: Plant responses and management options // *Frontiers in Enviromental Science* **8,** 1147 (2017)

3. Rodina T.V., Bochkareva Yu.V., Bagdalova A.Z., Pronudin K.A., Tambovceva N.R. Evaluation of the initial material for chuzma selection in the Lower Volga region // *Agrarian Scientific Journal* **12**, 75-78 (2021)

4. Semenova E.V., Kosareva I.A. Diagnostics of drought resistance in pea samples (Pisum sativum L.) from the VIR collection // *Plant Biotechnology and Breeding* **4(2)**, 5-14 (2021)

Creation of new breeding material of *Psathyrostachys juncea* with low silicon content in pasture mass

Dashkevich S.*, Utebayev M., Chilimova I., Kradetskaya O.

A.I. Barayev Research and Production Centre for Grain Farming, Shortandy, Kazakhstan

*Corresponding author: vetka-da@mai.ru

One of the few pasture crops in Kazakhstan is *Psathyrostachys juncea*. However, plants of this species have high silicon content in their pasture mass (green leaves and stems), which creates problems for animals to consume, as it can injure the tongue and oral cavity. Therefore, it became necessary to develop low-silicon varieties of *Psathyrostachys juncea* with high nutritional properties. To this end, accessions from the *Psathyrostachys juncea* genetic collection were evaluated for chemical composition, nutritional value, and silicon content in their pasture mass. Minimum, maximum, and average values for the chemical composition and nutritional value of the crop were determined. Silicon content in the pasture mass varied across the collection from 1.45% to 4.11%, with an average of 2.59%.

Twenty-six accessions with silicon content below 2% were selected for further breeding. The best specimens, possessing a range of economically valuable traits and low silicon content, were used to establish a hybridization nursery, where new hybrid forms were created through cross-pollination. Compared to their parents, the hybrids did not show a high heterotic effect for silicon content. However, in two hybrid combinations with the resulting hybrids, KL-1804 and KL-1805, silicon content was determined to be 1.67-1.89%.

A significant effect of hybridization was observed for acid-detergent fiber (ADF) content, with the greatest reduction in its level compared to the parents being achieved in the hybrids KL-1808 (7.28%), KL-1804 (5.95%), and KL-1809 (5.72%). The greatest decrease (from 2.16% to 4.07%) was observed in acid-detergent lignin (ADL) content in almost all of the obtained hybrids, compared to the parental plant levels of 3.06%-5.13%.

In the pasture mass of the hybrid form (KL-1804), the content of essential amino acids valine (Val) increased by 0.96 g/100 g protein, histidine (His) by 0.038 g/100 g, in the hybrid form KL-1809 – threonine (Tre) by 0.101 g/100 g, and in KL-1808 – methionine (Met) by 0.073 g/100 g protein.

Funding: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education, Republic of Kazakhstan, Project AP23488044 “Reduction of silicon content by selection methods and molecular markers in forage biomass of plants of the pasture species *Psathyrostachys juncea*”.

Keywords: silicon, protein, amino acids, detergent fiber.

Достижения селекции и состояние геномных ресурсов проса посевного в условиях Акмолинской области

Элмира Дюсибаева*, Маргарита Абылкайырова, Айман Рысбекова, Айым Зейнуллина, Нұрия Сарбасова

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

*Автор-корреспондент: e.dyussibayeva@kazatu.edu.kz

Просо посевное культвируется на обширных агроэкологических территориях, включенное в традиционные системы земледелия. Все виды проса являются этническими продуктами питания во многих социогеографических культурах, включая и казахскую, что обьясняет разнообразие продуктов питания [1]. Культура проса отличается высокой адаптивностью и богатыми питательными веществами с высоким содержанием клетчатки, качественного белка и нескольких микроэлементов [2].

Просо обыкновенное (*Panicum miliaceum* L., 2n=4x=36), известное как посевное или метельчатое просо, первоначально было введено в культуру в Центральной Азии и Европе. Выращивание проса распространено в Индии, Китае, России, Японии, Монголии, США, Иране, Афганистане, Ираке и других странах Восточной Азии. Просо в основном используется в качестве корма для птиц и крупного рогатого скота [3]. Посевная площадь проса в Казахстане значительно сократилась за последние годы и составила около 35–50 тыс. га, при этом валовый сбор достигает 37–40 тыс. тонн. Основные посевы сосредоточены в Павлодарской (38%), Костанайской (17%), Западно-Казахстанской (13%) и Актюбинской (8%) областях, на которые приходится 83% сборов [4]. Для увелечения площади произростания необходимо популиризировать данную культуру среди фермеров. В связи с этим, нужно внедрять высокоурожайные, жаро- и засухоустойчивые сорта проса с хорошим качеством зерна, устойчивых к полеганию и различным болезням.

Успешная селекция на создание новых сортов зависит от генетического разнообразия исходного материала, точного выбора методов отбора, использования современных методов молекулярно-генетического анализа. В Казахском агротехническом исследовательском университете имени С.Сейфуллина с 2014 г. реализуются современные программы на культуре проса с различными направлениями: повышения урожайности, соле-, холодоустойчивости и адаптивности к климатическим условиям. Направлены на создание сортов с высокой продуктивностью метелки, отличными технологическими показателями (низкая пленчатость, крупнозерность, глютинозный состав зерна) и устойчивостью к болезням [3, 5-6].

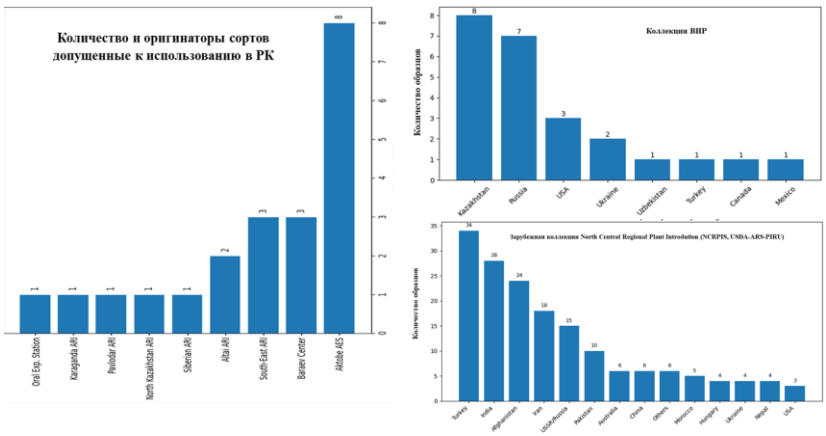


Рисунок 1. Коллекция проса сформированная за годы исследований (2014-2025)

Наряду с классическими методами селекции активно используется экспериментальный мутагенез для расширения генетической вариабельности. По результатам исследований с воздействием химических агентов как колхицин, азид натрия, никотиновой кислоты и диэтилсульфата на генотипы проса, были получены мутантные формы различных поколений с улучшенными ценными признаками.

С целью создания новых мутантных форм был проведен подбор родительских форм и гибридизация, обработанные различными мутагенами. По результатам проведения гибридизации было скрещено 12 комбинации с вовлечением M_2 и M_3 растений и получены гибридные зерновки из четырех комбинации со средним процентом удачи 5,0-36,2%. Наиболее высокий уровень завязываемости было у комбинации ♀M_3 Павлодарское 4 (NaN_3; 0,4%; 4ч.) × ♂M_3 PI289324 ($C_{22}H_{25}NO_6$; 0,06%; 6ч.). При визуальном анализе полученных гибридных зерновок данной комбинации фенотипически наблюдался мутабельный эффект и аномалия в развитии соцветия, что доказывает действия мутагенов на растения.

С целью более детального изучения мутагенных эффектов колхицина, азида натрия, никотиновой кислоты и диэтилсульфата на генетическое разнообразие полученных мутантных форм растений проса применяли метод молекулярно-генетического анализа с использованием ISSR-маркеров.

Информация о финансировании: Данные исследования проводились в рамках научного проекта AP22785049 «Усовершенствование селекционного процесса на основе химического мутагенеза для получения скороспелых мутантных форм проса (*Panicum miliaceum* L.)» (2024-2026 гг.), грантового финансирования научно-исследовательских работ молодых ученых «Комитет науки Министерства науки и высшего образования РК».

Ключевые слова: просо, гибридизация, коллекция, мутагенез.

Литература:

1. Meisam Zargar, Elmira Dyussibayeva, Aidyn Orazov, Aiym Zeinullina, Irina Zhirnova, Gulzat Yessenbekova 2 and Aiman RysbekovaMicrosatellite-Based Genetic Diversity Analysis and Population Structure of Proso Millet (*Panicum miliaceum* L.) in Kazakhstan // Agronomy 2023, 13, 2514. https:// doi.org/10.3390/agronomy13102514

2. Srujana, S. N., Devi, T. S., Kumari, A. B., Reddy, R. G. And Triveni, S. (2022). Development and sensory parameter evaluation of the multi millet (proso, kodo and barnyard) convenience noodles. Biological Forum- an International Journal, 14(4), 594-600

3. Aiym Zeinullina, Meisam Zargar, Elmira Dyussibayeva, Aidyn Orazov, Irina Zhirnova, Gulzat Yessenbekova, Lyudmila Zotova, Aiman Rysbekova, Yin-Gang Hu. Agro-Morphological Traits and Molecular Diversity of Proso Millet (*Panicum miliaceum* L.) Affected by Various Colchicine Treatments // Agronomy 2023, 13(10), 2973; DOI: 10.3390/agronomy13122973

4. E. Dyussibayeva, M. Abylkairova, V. Tsygankov, I. Zhirnova, A. Zeinullina, G. Yessenbekova, A. Orazov, A. Tsygankov, Y. Dolinny, A. Rysbekova. Evaluation of the agronomic traits and correlation analysis of phenotypes of proso millet (Panicum miliaceum L.) germplasm in Kazakhstan // Brazilian Journal of Biology, 2024, vol. 84, e287947; DOI: 10.1590/1519-6984.287947

5. Irina Zhirnova, Aiman Rysbekova, Elmira Dyussibayeva, Aiym Zhakenova, Bekzak Amantaev, Yin-Gang Hu, Bai-Li Feng, and Zhazira Zhunusbayeva Pre-breeding for waxy proso millet by phenotyping and marker-assisted selection // Chilean Journal of Agricultural Research 81(4) October-December 2021. P.518-526. http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392021000400518

6. E. Dyussibaeva, A. Seitkhozhaev, A. Rysbekova, A. Tleppaeva, G. Yessenbekova, I. Zhirnova. Studying the World Collection of Millet with a View to Select Forms Immune to Loose Smut // Bulgarian Journal of Agricultural Science, 25 (No 6) 2020, 1203-1208. https://www.agrojournal.org/25/05-20.pdf

Обоснование и адаптационный потенциал возделывания сои (*Glycine max*) в условиях Северного Казахстана

Г. Кипшакбаева, І. Әшірбекова

НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина», Астана, 010000, Казахстан

Тезис посвящён комплексному анализу адаптационного потенциала сои в условиях Северного Казахстана с учётом агроклиматических ограничений региона, биологических особенностей культуры и результатов полевых исследований. В работе рассматриваются закономерности формирования продуктивности сои в условиях резко континентального климата, характеризующегося дефицитом влаги, высоким температурным стрессом и значительной межгодовой вариабельностью погодных условий. Особое внимание уделено влиянию гидротермического режима и суммы активных температур на прохождение фенологических фаз и реализацию потенциала урожайности.

Проведён сравнительный анализ сортообразцов различных групп спелости (ультраранней, ранней и среднеранней), позволивший выявить их адаптационные различия и определить наиболее перспективные генотипы для условий северной зоны. Установлено, что продукционный процесс сои носит комплексный характер и определяется совокупным влиянием морфо-биологических признаков (высота растений, структура узлов, биомасса, фотосинтетическая активность) и факторов внешней среды, при доминирующей роли погодных условий. Выявлено, что формирование урожайности сопровождается компенсаторными механизмами между элементами структуры урожая, что требует интегрального подхода к оценке селекционного материала. Обоснована необходимость создания ультраранних и раннеспелых сортов с вегетационным периодом до 100 дней, обладающих устойчивостью к абиотическим стрессам, пониженной фотопериодической чувствительностью и высокой эффективностью использования влаги.

Полученные результаты служат научной основой для расширения посевных площадей сои и совершенствования селекционных программ, направленных на адаптацию культуры к условиям Северного Казахстана в контексте диверсификации агропроизводства.

Ключевые слова: соя, сорт, урожайность, потенциал.

Введение. Зерновое производство, прежде всего пшеницы, традиционно занимает доминирующее положение в структуре посевных площадей Республики Казахстан. Длительное преобладание монокультуры (до 80,4% в 2009 г.) формирует агроэкологические и экономические риски, включая деградацию почв, снижение биологического разнообразия и нестабильность урожайности. Несмотря на снижение доли пшеницы до 55,9% к 2021 году, структура посевов остаётся недостаточно сбалансированной [1-5].

Соя как высокобелковая и масличная культура имеет стратегическое значение для обеспечения кормовой базы, перерабатывающей промышленности и продовольственной безопасности. Мировая площадь посевов сои превышает 100 млн. га, выращивают ее в основных земледельческих регионах 90 стран. Мировое производство этой культуры достигает более 253 млн. га. В настоящее время самые большие посевные площади и производство сои находятся в Бразилии (около 35-40% от мировых), США (20%), Аргентине (12%), Китае (12-13%) и Индии (8%). Средняя мировая урожайность составляет примерно 22,5 ц/га. Основными потребителями являются Китай, Бразилия, США и Аргентина (до 50% мировых объемов). Китай – крупнейший мировой импортер сои (75 млн. т.) при производстве 18,3 млн. т [6,7].

Однако её доля в Казахстане остаётся незначительной (менее 4% среди масличных культур), а территориальная концентрация производства ограничена южными и юго-восточными регионами. Северный Казахстан, обладая значительными земельными ресурсами, остаётся недостаточно вовлечённым в производство сои из-за ограниченной

адаптивности существующего сортимента и отсутствием отечественных сортов для данного региона.

Климат Северного Казахстана характеризуется высокой континентальностью, значительной амплитудой температур и неравномерным распределением осадков. Вегетационный период сопровождается частыми засухами, доля которых среди неблагоприятных агрометеорологических явлений достигает 80%. Анализ погодных условий 2021-2025 года показал: повышенный температурный фон (средняя температура +17,9°С, превышение нормы на 2°С), экстремально низкую влагообеспеченность (49,6 мм осадков при дефиците до 144,1 мм), крайне низкий гидротермический коэффициент (ГТК = 0,2), соответствующий условиям острой засухи и суммарное накопление активных температур до 2702,4°С. Особенно неблагоприятные условия сложились в критические фазы развития цветение, бобообразование, налив семян 2023-2025 годов, что привело к снижению массы 1000 семян, уменьшению числа продуктивных узлов и общей продуктивности растений. Как показали результаты исследований погодный фактор определял до 60–80% вариабельности урожайности [8-12].

Материалы и методы. Исследования проводили в условиях опытного поля в зоне засушливой степи Северного Казахстана (ТОО НПЦЗХ им.А.И.Бараева) с использованием коллекционного материала сои различного эколого-географического происхождения. Полевые опыты закладывали в соответствии с общепринятыми методиками селекционных исследований, с проведением фенологических наблюдений, биометрических измерений и оценки элементов структуры урожая, урожайности и качества зерна в условиях 2021-2025 годы. Оценка агрометеорологических условий осуществлялась на основе расчёта гидротермического коэффициента по данным метеонаблюдений. Морфобиологические и морфофизиологические показатели растений определяли стандартными методами на репрезентативной выборке растений. Урожайность рассчитывали по массе семян после уборки в фазе полной спелости. Достоверность полученных результатов обеспечивалась применением методов математической статистики, включая дисперсионный анализ, при принятом уровне значимости.

Результаты. Согласно проведенным исследованиям, распределение по группам спелости составило: ультраранняя (9,6%) — вегетационный период до 85–89 дней, минимальная сумма активных температур (1687,4°С), высокая стабильность признаков (CV ≈ 1,99), ранняя (наиболее многочисленная) — до 100 дней, характеризуется оптимальным сочетанием скороспелости и продуктивности и среднеранняя (33,6%) — до 110–111 дней, более требовательна к влаге (ГТК ≈ 0,3), но формирует большую биомассу.

Установлено, что засушливые условия способствовали сокращению продолжительности вегетации, особенно у ультраранних форм, тогда как у более поздних сортов наблюдалось удлинение фаз развития при выпадении осадков в конце вегетации. Исследования показали высокую вариабельность большинства морфологических признаков, обусловленную влиянием условий среды, коэффициент вариации составил 6,3–17,4%, что свидетельствует об относительной стабильности признака, более высокими значениями вариации многие показатели фотосинтетической деятельности и биометрических показателей, характеризовалась высокой изменчивостью (CV до 25%), отражая фотопериодическую чувствительность генотипов. Высота прикрепления нижнего боба: варьировала в пределах 5–11 см (CV до 46,8%), число продуктивных узлов: варьировало в широких пределах, при этом ранние и среднеранние группы демонстрировали более высокие значения (до 20 узлов на растение). Биомасса и сухое вещество: характеризовались высокой нестабильностью (CV до 51,6%), что подтверждает зависимость этих показателей от условий влагообеспечения. Установлено, что максимальное накопление биомассы и формирование продуктивных органов происходит в фазу налива семян, которая является ключевой для реализации потенциала урожайности.

Исследования показали высокую вариабельность большинства морфологических признаков, обусловленную влиянием условий среды, в частности высота растений:

существенно снижалась в условиях засухи, особенно у индетерминантных форм; коэффициент вариации составил 6,3–17,4%, что свидетельствует об относительной стабильности признака. Урожайность сои в условиях Северного Казахстана формируется под влиянием комплекса факторов: вклад фактора «условия года» достигает 76–79,3%; вклад генотипа — около 8% и взаимодействие «генотип × среда» — до 57,3% для более поздних групп спелости. Средняя урожайность составила у ультраранней группы - до 7,0-10 ц/га; среднеранней - 10,9-12,8 ц/га.

Корреляционный анализ выявил слабые и разнонаправленные связи между признаками ($|r| \leq 0{,}37$), что указывает на отсутствие доминирующего фактора и комплексный характер формирования урожайности.

Отмечены важные закономерности: эффект компенсации между числом и массой семян; слабая зависимость урожайности от высоты растений ($R^2 = 0{,}228$ у ультраранних форм); незначительное влияние числа бобов и семян на итоговую продуктивность. Это свидетельствует о необходимости интегрального селекционного подхода.

В результате исследований выделены сортообразцы с высоким адаптивным потенциалом как Ивушка, Чера-1, Алтом, Миляуша, Beidou 41, Kendou 61 и др., характеризующиеся устойчивостью к засухе, стабильным формированием элементов структуры урожая, высокой фотосинтетической активностью и способностью сохранять продуктивные узлы при стрессах. Также ключевыми селекционными признаками определены показатели скороспелости (≤100 дней), устойчивость к абиотическим стрессам, технологичность (высота нижнего боба ≥12 см) и стабильность формирования урожайных элементов.

Заключение. Северный Казахстан обладает ограниченными, но потенциально достаточными агроклиматическими ресурсами для возделывания сои при условии адаптации сортов. Наиболее перспективными являются ультраранние и ранние группы спелости, обеспечивающие завершение вегетации до наступления неблагоприятных осенних условий. Формирование урожайности определяется преимущественно погодными условиями, что требует селекции на устойчивость к засухе и температурным стрессам. Морфо-биологические признаки обладают высокой вариабельностью и должны рассматриваться в комплексе при селекции. Расширение посевных площадей сои до 200–250 тыс. га возможно при условии создания отечественных адаптивных сортов и совершенствования технологий возделывания. Таким образом, современное потепление климата создает предпосылки для продвижения сои в северные регионы Казахстана, однако ключевым фактором успешной интродукции является формирование узкоспециализированного сортимента, адаптированного к экстремальным условиям зоны.

Список использованных источников:

1. Министерство сельского хозяйства Республики Казахстан. *Развитие агропромышленного комплекса РК на 2021–2025 годы*. – Астана, 2021.

2. Suleimenov, M., Oram, P. Trends in wheat production and diversification in Kazakhstan. *Agricultural Systems* 190, 103098 (2021).

3. Morgounov, A., Abugalieva, A., Martynov, S. Wheat production and breeding in Central Asia. *Plant Breeding Reviews* 44, 1–34 (2020).

4. Kenenbaev, S.B., Alimkulov, S.A. Diversification of crop production in Kazakhstan: current state and prospects. *Vestnik Agricultural Science of Kazakhstan* 3, 45–52 (2022).

5. Abugalieva, A.I., Didorenko, S.V. Current trends in crop production development in Kazakhstan. *Agrarian Science* 5, 12–18 (2021).

6. FAO. FAOSTAT statistical database. *Food and Agriculture Organization of the United Nations*, Rome (2024).

7. Shahbandeh M. Soybean production worldwide from 2012/13 to 2024/25, by country. *Statista* (25 June 2025).

8. Soybean Production in World. *Helgi Library* (FAOSTAT, обновлено May 2024)

9. Nazari, F., Arzani, A., Aghaei, B. Genotype × environment interactions for drought tolerance indices in soybean under arid and semi-arid climates. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* 21(5), 451–463 (2023).

10. Lobell, D.B., Gourdji, S.M. The influence of climate trends and extremes on global crop yields. *Nature Reviews Earth & Environment* 4, 555–570 (2023).

11. Chen, F., Huang, J., Yu, H. Climate change impacts on phenological timing and yield of major crops in Kazakhstan. *Climate Risk Management* 20, 100199 (2024).

12. Gavrilova, O.V., Khamzina, A., Saparov, A. Assessment of agrometeorological risks and drought occurrence in dryland cropping zones of Central Asia. *Environmental Research Communications 7(2), 025003 (2025).*

In Vitro Effects of Quinone Outside Inhibitor (QoI) Strobilurin Fungicides on Mycelial Growth of the Wheat Pathogen *Pyrenophora tritici-repentis*

Madina Kumarbayeva[1*], Alma Kokhmetova[1], Zhenis Keishilov[1,2], Makpal Nurzhuma[1], Ardak Bolatbekova[1,2], Aidana Kharipzhanova[1], Kanat Bakhytuly[1], Assiya Kokhmetova[1]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, 050040, Kazakhstan*
[2]*Kazakh National Agrarian Research University, Almaty, 050010, Kazakhstan*

*Corresponding author: madina_kumar90@mail.ru

Background: Tan spot of wheat, caused by *P. tritici-repentis (Ptr),* is one of the most aggressive foliar diseases both globally and in Kazakhstan. Crop surveys in Central Asia have revealed widespread prevalence of the disease, particularly in winter wheat, where epiphytotic can cause yield losses of up to 50–65% and deteriorate grain quality. The disease spreads rapidly and is highly damaging in key wheat-growing regions. Primary control measures include breeding resistant varieties, using fungicides, and cultivating practices aimed at reducing inoculum accumulation. However, the effectiveness of fungicide protection can be reduced by the development of resistance in the pathogen. Therefore, the aim of this study was to identify *Ptr* isolates resistant to QoI (strobilurin) fungicides.

Materials and methods: *Ptr* isolates obtained from frozen conidiospores were reactivated on PDA and cultured on V8-PDA in the dark for 5 days. Conidiospores were suspended in sterile water and stored on ice. The susceptibility of the isolates to azoxystrobin was assessed according to the method of Sautua et al. (2020) with the calculation of EC_{50} based on mycelial growth inhibition. Fungicides (99.5% a.v.) were dissolved in acetone (10 mg/mL) and added to the PDA medium at concentrations of 0.01–100 μg/mL. Experiments were performed in triplicate for each isolate × concentration combination.

Results: *P. tritici-repentis* isolates obtained from frozen conidiospores were reactivated on PDA and cultured on V8-PDA in the dark for 5 days. Conidiospores were suspended in sterile water and stored on ice. The susceptibility of the isolates to azoxystrobin was assessed according to the method of Sautua et al. (2020) with the calculation of EC_{50} based on mycelial growth inhibition. Fungicides (99.5% a.v.) were dissolved in acetone (10 mg/mL) and added to the PDA medium at concentrations of 0.01–100 μg/mL. Experiments were performed in triplicate for each isolate × concentration combination.

Conclusion: QoI (strobilurin) fungicides exhibited a moderate, dose-dependent inhibitory effect on the mycelial growth of *P. tritici-repentis*, with substantial variability among isolates. The incomplete suppression of growth indicates the presence of partial resistance within the pathogen population. Overall, QoI compounds were more effective in inhibiting spore germination than mycelial development, highlighting the need for continuous monitoring of fungicide sensitivity and the implementation of resistance management strategies.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP22787867).

Keywords: wheat, tan spot, *Pyrenophora tritici-repentis,* Qol fungicides.

Soybean breeding for resistance to seed shattering

Rystay Kushanova*, Svetlana Didorenko, Rinat Kasenov, Almagul Dalibayeva, Islambek Sagit

Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing, Almalybak, 040909, Kazakhstan

*Corresponding author: kizkushanova22@mail.ru

Abstract: As average summer temperatures rise, there is an increased risk of reduced soybean yields due to pod cracking and seed shattering. One way to address this problem is to breed varieties that are resistant to seed shattering. These varieties are distinguished by a morphological feature of the seed pod structure. Research in this area is being conducted at the Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing.

Background: Seed shattering (shattering, dehiscence) and pod cracking significantly reduce the yield of grain legumes, especially under dry and windy conditions. Losses can reach 10–20%, which determines the importance of breeding for resistance to these traits (Parker et al., 2021). Genetic control of dehiscence is associated with the morphology of the peduncle and hilum, including the fused seed hilum trait (Takahashi et al., 2020). Effective programs should combine phenotypic and marker-assisted selection, taking into account productivity and adaptability (Liu et al., 2022; Shimbwambwa et al., 2024). Approaches to develop dehiscence varieties include: the use of non-shattering trait donors that already possess a stable seed fusion trait; interline crosses with control of trait inheritance and progeny testing; Marker-assisted selection using genetic markers associated with fused seed hilum; combined selection for productivity, quality, and shatter resistance to preserve the technological characteristics of the crop.

Materials and methods: Between 2019 and 2025, intervarietal soybean crosses were conducted involving the Zara, Birlik, Almaty, Odesskaya 150, and Alua varieties. The number of pollinated flowers, formed pods, and seeds, as well as the percentage of seed set, were assessed. Collection samples and lines with the non-shattering trait, as well as selection numbers from older breeding nurseries, were also analyzed.

Results: A total of 30 crosses were performed: 1028 flowers, 154 pods, and 255 seeds; the average fruit set was approximately 15%. All F_1 hybrids had a white eye on the hilum, confirming the dominance of the fused seed hilum trait. In the control nursery, 18.9% of 358 accessions exhibited shatter resistance. However, the average yield of resistant varieties (4.36 t/ha) was lower than that of non-resistant varieties (4.75 t/ha), indicating a possible compromise between traits.

Conclusion: The fused seed hilum trait is inherited dominantly and holds promise for soybean breeding. Resistant varieties have lower yields, requiring comprehensive selection. The effectiveness of hybridization depends on the genotype and conditions. Integration of traditional and molecular methods is necessary to create stable, productive varieties.

Acknowledgement: The work ran within the program-target financing of the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan under budget program 267, BR22885857 “Development and introduction of highly productive oilseeds and cereals varieties and hybrids to ensure food security of Kazakhstan”.

Key words: soybeans, selection, resistance to seed shattering, yield

References:

1. Liu, J., Zhang, Y., Jiang, Y., Sun, H., Duan, R., Qu, J., Yao, D., Liu, S., Guan, S. Formation mechanism and occurrence law of pod shattering in soybean: a review. Phyton 91, 7 (2022).

2. Parker, T.A., Berny, M.Y., Teran, J.C., Palkovic, A., Jernstedt, J. et al. Pod indehiscence is a domestication and aridity resilience trait in common bean. New Phytologist 225, 558–570 (2020).

3. Shimbwambwa, D., Nachilima, C., Hamabwe, S., Kuwabo, K., Chigeza, G., Bilyeu, K., Kamfwa, K. Soybean pod shattering resistance allele Pdh1 and marker-assisted selection. Plant-Environment Interactions 5, e70003 (2014).

4. Takahashi, Y., Kongjaimun, A., Muto, C. et al. Same locus for non-shattering seed pod in two independently domesticated legumes, Vigna angularis and Vigna unguiculata. Frontiers in Genetics 11, 748 (2020).

Phylogeny of *Ferula* species inferred from ITS2 and *psbA-trnH* (Central Kazakhstan)

M.Yu. Ishmuratova, M.K. Smagulov, K.G. Li*

Karaganda Buketov University, Karaganda, 100000, Kazakhstan

*Corresponding author: Li.K@mail.karnu-buketov.edu.kz

Background: *Ferula* (Apiaceae) is a taxonomically challenging genus in the Irano-Turanian region, where reticulate evolution and marker incongruence have been reported [1–4].

Materials and methods: We analysed nuclear ITS2 and plastid *psbA–trnH* sequences from five *Ferula* species collected in the Karaganda region (Kazakhstan) in 2025; *Peucedanum officinale* was used as outgroup. Alignments were produced with MUSCLE in MEGA X; substitution models were selected under AIC; phylogenies were inferred using Maximum Likelihood with 1000 bootstrap replicates [5,6]. Intraspecific epithets were merged and analysis conducted at the species level.

Results: ITS2 and *psbA–trnH* trees were broadly congruent (Fig. 1A–B). The two-locus majority-rule consensus (Fig. 1C) summarised the shared species-level structure while highlighting any locus-specific differences.

Conclusion: Combined nuclear–plastid evidence supports stable phylogenetic structuring of the sampled *Ferula* species in Central Kazakhstan and is consistent with published Ferulinae frameworks [1–4].

Acknowledgement: This work was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan. Grant No. 0125PK00408.

Keywords: *Ferula*, phylogeny, ITS2, *psbA-trnH*, bootstrap

References:

1. Kurzyna-Młynik, R., Oskolski, A.A., Downie, S.R., Kopacz, R., Wojewódzka, A. & Spalik, K. Phylogenetic position of the genus Ferula (Apiaceae) and its placement in tribe Scandiceae as inferred from nrDNA ITS sequence variation. Plant Syst. Evol. 274, 47–66 (2008).

2. Panahi, M., Banasiak, Ł., Piwczyński, M., Puchałka, R., Oskolski, A.A. & Spalik, K. Phylogenetic relationships among Dorema, Ferula and Leutea (Apiaceae: Scandiceae: Ferulinae) inferred from nrDNA ITS and cpDNA noncoding sequences. Taxon 64, 770–783 (2015).

3. Panahi, M., Banasiak, Ł., Piwczyński, M., Puchałka, R., Oskolski, A.A., Modnicki, D., Miłobędzka, A. & Spalik, K. Taxonomy of the traditional medicinal plant genus Ferula (Apiaceae) is confounded by incongruence between nuclear rDNA and plastid DNA. Bot. J. Linn. Soc. 188, 173–189 (2018).

4. Piwczyński, M., Wyborska, D., Gołbiewska, J. & Puchałka, R. Phylogenetic positions of seven poorly known species of Ferula (Apiaceae) with remarks on the phylogenetic utility of plastid intergenic spacers. Syst. Biodivers. 16, 428–440 (2018).

5. Edgar, R.C. MUSCLE: multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic Acids Res. 32, 1792–1797 (2004).

6. Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. & Tamura, K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. Mol. Biol. Evol. 35, 1547–1549 (2018).

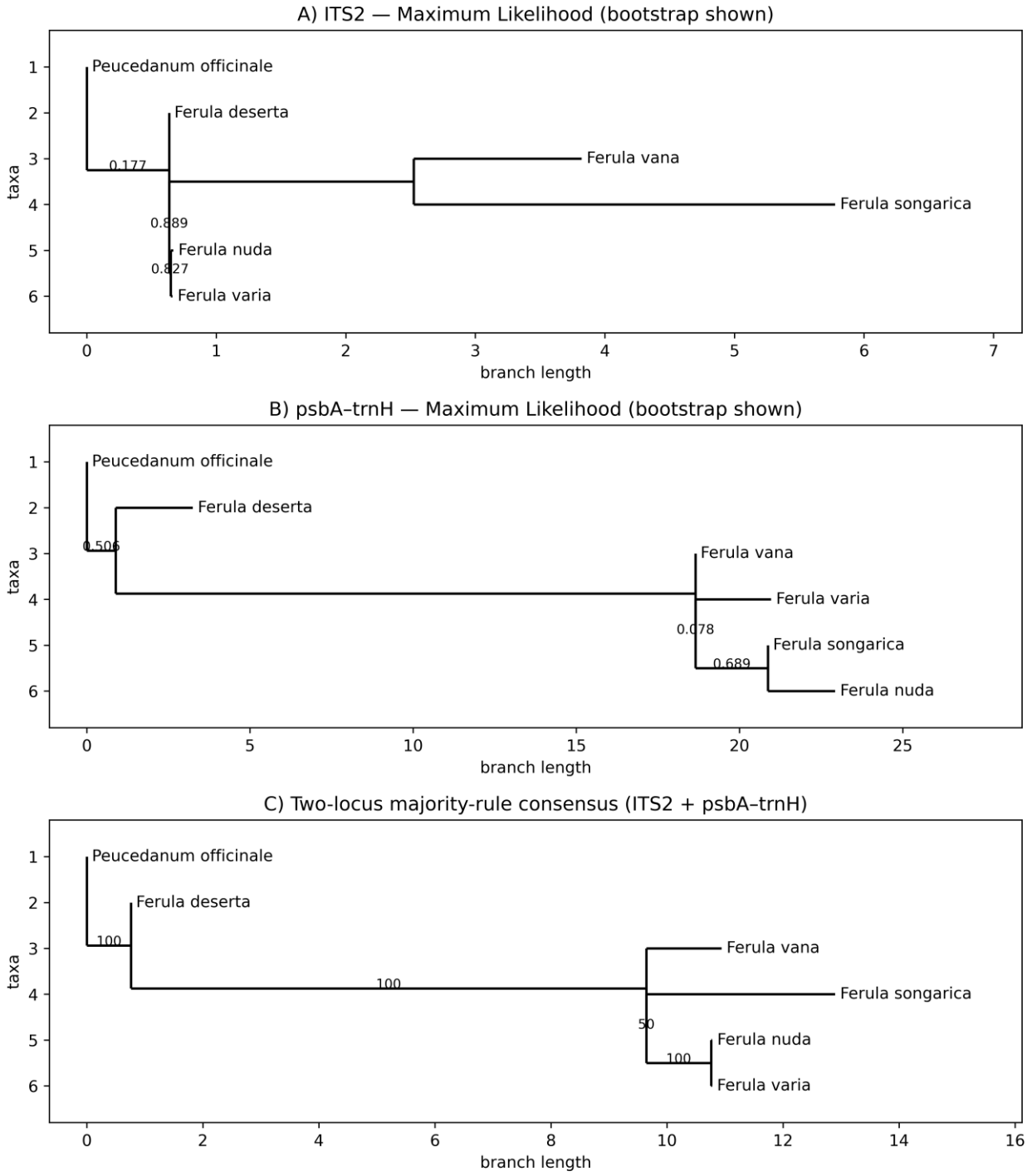


Figure 1. (A) ITS2 ML tree; (B) *psbA-trnH* ML tree; (C) two-locus majority-rule consensus. Bootstrap values are shown at nodes; outgroup: *Peucedanum officinale*.

Экспрессия генов, ассоциированных с продуктивностью колоса у мягкой пшеницы

Арыстан Нуралов*, Людмила Зотова, Айсарат Гаджимурадова, Айбек Жумалин

Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина, Астана, 010000, Казахстан

*Автор-корреспондент: nuralov.a@mail.ru

Актуальность: Мировое производство сельскохозяйственных культур к 2050 году должно значительно вырасти, но при текущем росте урожайности пшеницы (0,9 % в год) оно увеличится лишь на 38 %, что требует повышения продуктивности сортов. Мягкая пшеница – ключевая культура в продовольственной безопасности, а её урожайность в первую очередь определяется продуктивностью колоса [1].

Материалы и методы: Признак имеет полигенную природу и контролируется множеством QTL и генов, включая *TaAPO-A1, GNI-A1, WFZP* и *TaKAO* [3,4,5]. Экспрессию оценивали методом RT-qPCR с использованием SYBR Green: РНК выделяли из листовой ткани (TRIzol), синтезировали кДНК, амплификацию проводили на QuantStudio 7 Flex с анализом кривых плавления для подтверждения специфичности. В качестве референсного гена использовали Actin, для контроля — RT– и NTC; относительный уровень экспрессии рассчитывали по значениям Ct [6].

Результаты: На основе полученных данных проведено секвенирование генов, определяющих продуктивность колоса, у родительских форм пшеницы. Выявлены полиморфизмы, по которым разработаны SNP-праймеры, ассоциированные с генами *GNI1*, *TaAPO-A1* и *TaKAO-4A*, используемые для селекции и оценки продуктивности колоса. На их основе также изучали экспрессию генов в течение вегетационного периода.

Заключение: Проведено секвенирование генов продуктивности колоса родительских форм пшеницы. Выявлены полиморфизмы у генотипов. на основе которых разработаны SNP-праймеры, ассоциированные с генами *GNI1, TaAPO-A1* и *TaKAO-4A*. Проведено исследования экспрессии генов продуктивности колоса в течении вегетационного периода.

Данное исследование проведено в рамках проекта «AP23490403 - Молекулярно-генетическая оценка, идентификация эффективных генов и локусов количественных признаков (QTL) продуктивности яровой мягкой пшеницы» на 2024-2026 года.

Ключевые слова: пшеница, урожайность, продуктивность, колос, экспрессия.

Список литературы:

1. FAO. FAOSTAT statistical database [Электронный ресурс]. – Rome: FAO, 2022. – Режим доступа: https://www.fao.org/faostat/

2. Kuzay S. et al. WAPO-A1 is the causal gene of the 7AL QTL for spikelet number in wheat // PLoS Genetics. – 2022. – Vol. 18, e1010172.

3. Golan G. et al. GNI-A1 mediates trade-off between grain number and grain weight in wheat // Theoretical and Applied Genetics. – 2019. – Vol. 132. – P. 1723-1735.

4. Dobrovolskaya O.B. et al. Wheat FRIZZY PANICLE (WFZP) controls spikelet formation and architecture // BMC Plant Biology. – 2015. – Vol. 15. – P. 262.

5. Chen J., et al. Gene expression profiling in wheat under developmental regulation // BMC Genomics. – 2019. – Vol. 20. – P. 847.

Genetic variability of *Rhaponticum carthamoides* based on its barcoding

O.B. Raizer[1*], D.S. Tagimanova[1,2], S.M. Magzumova[1], O.N. Khapilina[1]

[1]*National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan*
[2]*S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Astana, Kazakhstan*

*Corresponding author: 2008olesya@mail.ru

Background. *Rhaponticum carthamoides* is a valuable medicinal plant characterized by high genetic and biochemical diversity. Molecular barcoding using the ITS region is an effective tool for assessing intraspecific variability and clarifying phylogenetic relationships [1, 2].

Materials and methods. Genomic DNA was isolated from herbarium samples using a modified acidic CTAB protocol (pH 5.3) with hot chloroform extraction. The ITS1–ITS2 region was amplified and sequenced for 16 samples. Bioinformatic analysis included nucleotide composition assessment, SNP detection, estimation of genetic distances (MLM model), and phylogenetic reconstruction using the Neighbor-Joining method with 1000 bootstrap replicates.

Results. The amplified ITS fragments ranged from 700 to 850 bp. The average nucleotide composition was A = 20.9%, T = 22.1%, C = 26.5%, G = 30.4%, with mean GC content of 57%. Analysis revealed both transition and transversion substitutions, indicating moderate to high genetic variability. Such values are consistent with previously reported ITS variability in medicinal Asteraceae species [3]. Nucleotide diversity ranged from 0.035 to 0.042, reflecting pronounced intraspecific differentiation. Phylogenetic analysis showed clustering of samples into distinct genetic lineages, while one accession demonstrated divergent placement, suggesting possible taxonomic inconsistency or the need for further verification [4].

Conclusion. ITS barcoding revealed significant genetic variability within *R. carthamoides*, indicating a complex intraspecific structure. The obtained data contribute to the clarification of phylogenetic relationships and can be applied in conservation and breeding programs.

Acknowledgement. The study was carried out within the framework of program-targeted funding of the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan under the scientific and technical program BR28713087 “Fundamental and applied aspects of obtaining and targeted synthesis of biologically active compounds of medicinal plants in in vitro culture.

Keywords: *Rhaponticum carthamoides*, ITS barcoding, genetic variability, SNP, phylogenetic analysis.

References:

1. Chen, S., Yao, H., Han, J. et al. Validation of the ITS2 region as a universal DNA barcode for plants. *PLOS ONE* **5**, e8613 (2010).

2. Hollingsworth, P.M., Graham, S.W., Little, D.P. Choosing and using a plant DNA barcode. *PLOS ONE* **6**, e19254 (2011).

3. Álvarez, I., Wendel, J.F. Ribosomal ITS sequences and plant phylogenetic inference. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **29**, 417–434 (2003).

4. Singh, H., Kumar, P., Sharma, A. et al. DNA barcoding in plants: Advances and applications. *Plant Science Today* **9**, 123–135 (2022).

Оценка устойчивости образцов картофеля из коллекции ВИР к возбудителям черной ножки и мягкой (мокрой) гнили

Константин Родионов*, Максим Ситников

ФГБНУ Федеральный исследовательский центр «Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н. И. Вавилова» (ВИР), Санкт-Петербург, 190000, Россия

*Автор-корреспондент: k.rodionov@vir.nw.ru

Введение: Картофель является одной из основных продовольственных культур. Несмотря на широкую распространённость данной культуры, картофель занимает одно из первых мест по поражаемости различными заболеваниями. Заметный экономический ущерб наблюдается при поражении картофеля бактериями семейства *Enterobacteriaceae*, вызывающими чёрную ножку картофеля. Ежегодные потери урожая от этой болезни составляют 10-15% [1]. Чёрная ножка проявляется гнилью стеблей в поле и мягкой (мокрой) гнилью клубней картофеля в хранилищах. Цель данного исследования заключалась в оценке 20 образцов картофеля на заражение двумя видами пектолитических энтеробактерий – возбудителей мягкой (мокрой) гнили клубней при хранении и чёрной ножки стеблей в поле картофеля: *Pectobacterium brasiliense* (Portier et.al.), *Pectobacterium versatile* (Portier et.al.).

Материалы и методы: Образцы были представлены 17 межвидовыми гибридами и 3 сортами из коллекции ВИР. Их оценивали следующим образом: по разнице в массе картофеля до заражения и через 3 суток, а также по баллу развития чёрной ножки на вегетирующих растениях после инъекции в стебель.

Результаты: Межвидовые гибриды 97-152-8, 138-3-2006, 12//1-09 наиболее устойчивы к пектолитическим энтеробактериям при заражении как клубней, так и вегетирующих растений. Сорт «Вармас» при оценке растений отнесён к устойчивым образцам, а при инокуляции патогенов в клубни оказался восприимчивым. Межвидовые гибриды 118-6-2011, 99-6-10, 24-1, 99-4-1, 171-3, 135-1-2006 хоть и проявляли клубневую устойчивость к изучаемым патогенам, при заражении растений оказались восприимчивыми. Наименьшая агрессивность при обоих методах заражения отмечена для штамма Pectobacterium versatile. Между клубневой и стеблевой устойчивостью сортов картофеля к патогенам не выявлено достоверной корреляции, что доказывает необходимость оценки устойчивости сортов картофеля параллельно двумя методами.

Благодарности: Работа выполнена в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту FGEM-2025-0005 «Совершенствование подходов и методов *ex situ* сохранения идентифицированного генофонда клубнеплодных культур (картофель, топинамбур) и их диких родичей, разработка технологий их эффективного использования в селекции».

Рисунок 1. Проявление пектолитической активности изолятов *Pectobacterium* spp. на клубнях и растениях картофеля

Ключевые слова: черная ножка картофеля, мягкая гниль картофеля, *Pectobacterium* spp., устойчивость к патогенам.

Литература:

1. Oulghazi, S., Ed-Dra, A., Ali, F., Sarfraz, S. *Pectobacterium*. In: Amaresan, N., Kumar, K. (eds) Compendium of Phytopathogenic Microbes in Agro-Ecology . Springer, Cham. **338**, 93-114 (2025).

Создание исходного материала гречихи (*Fagopyrum esculentum* Moench.) в условиях Акмолинской области

Нұрия Сарбасова, Айман Рысбекова, Айым Зейнуллина, Эльмира Дюсибаева*

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

*Автор-корреспондент: e.dyussibayeva@kazatu.edu.kz

В результате проведенных исследований по селекции гречихи впервые была сформирована и размножена генетическая рабочая коллекция гречихи мировой и отечественной селекции из 140 образцов различного эколого-географического происхождения. Проведена полевая оценка мировой коллекции в почвенно-климатических условиях НПЦ ЗХ им. А.И.Бараева Акмолинской области и выделены источники, обладающие хозяйственно-ценными признаками. Результаты полевых испытаний и проведенный анализ по элементам урожайности показали возможность включения их в селекционный процесс в качестве исходных родительских форм. Оптимизирован ПЦР режимы и разработаны протокола отобранных молекулярных маркеров.

Введение: Гречиха обыкновенная (*Fagopyrum esculentum*) – ценная крупяная и медоносная культура принадлежащая к семейству *Polygonaceae*. Одним из важных достоинств культуры является успешность возделывания как в южных, так и в северных регионах. Гречневая крупа содержит 10-18% белка, 70-85% углеродов, 2,5-4% жира, характеризующаяся высоким содержанием линолевой и линоленовой кислот и длительной стойкостью к окислению при хранении, что обуславливает непрогоркаемость зерна [1].

Из всех злаковых продуктов виды гречихи обладают наиболее сбалансированным содержанием аминокислот, необходимых человеку [2]. Некоторые питательные вещества, такие как крахмал и белок, могут связываться с фенолами в комплексы, что может замедлять пищеварение [3]. Они содержат больше пищевых волокон, чем другие злаки, и богаты флавоноидами [4]. Гречиха может быть питательным источником жирных кислот и минеральных элементов, включая селен и йод [5, 6]. Другие дикие виды рода *Fagopyrum* не имеют большого значения для сельскохозяйственного производства, но могут быть важным источником генов для селекции, поэтому их систематические исследования имеют большое значение.

В нашей стране сосредоточена незначительная посевная площадь гречихи, преимущественно в северных и восточных регионах (Павлодарская, Костанайская, Северо-Казахстанская, Акмолинской области), где площади посевов увеличиваются, достигая 10 тыс. га и более в отдельных областях [7].

Ключевой задачей селекционного процесса является создание новых высокопродуктивных сортообразцов гречихи, адаптированных к условиям окружающей среды, что требует значительных трудовых и временных затрат [8]. В связи с этим, целью исследования являлось создание исходного материала гречихи обыкновенной (*Fagopyrum esculentum* Moench.) на основе искусственной межсортовой гибридизации специально подобранных родительских пар [9].

Материалы и методы: Вегетационные эксперименты проводились на базе НПЦ ЗХ им. А. И. Бараева на опытных участках лаборатории «Генетические ресурсы зерновых культур». Лабораторная часть работ реализовали в лаборатории Молекулярной генетике растений Института сельского и лесного хозяйства при КАТИУ им.Сейфуллина.

В исследованиях использовалась селекционная коллекция гречихи, включающая 143 сортообразца различного эколого-географического происхождения, что отражает разнообразие генетических ресурсов данной культуры. Испытуемые сортообразцы выращивали на делянках площадью 0,5 м² в трехкратной повторности. Размещение делянок

осуществлялось по стандартной схеме: каждый десятый вариант представлял собой контрольный сорт Шортандинская крупнозерная**.**

С целью обеспечить полную и качественную оценку особенности роста и развития коллекционных сотообразцов гречихи был проведен анализ по несколько признакам связанные с адаптацией растений и компонентов продуктивности: отдельные фенофазы (сутки); высоты растений (см), уровень ветвление первого и второго порядка (шт), масса 1000 семян (г) и урожайность с квадратного метра (г/м^2).

Результаты: При создании ценного исходного материала селекционерами Казахского агротехнического исследовательского университета им. С.Сейфуллина сформирована рабочая коллекция гречихи. Данная многочисленная коллекция включила сорта и образцы *F.esculentum* различного эколого-географического происхождения из 9 стран: Канада, Китай, Япония, Казахстан, Россия, Индия, Бразилия, Беларусь и Южная Африка. Также в селекции успешно используются сорта, допущенные к выращиванию как местные селекционные сорта, так и сорта российской и белорусской селекции, адаптированные к условиям региона. Основными являются Богатырь, Сумчанка, Шортандинская крупнозерная, Крупинка, а также высокоурожайные Девятка, Кармен, Шортандинская 4, Шортандинская 95 улучшенная и др.

Рисунок 1. Создание исходного материала для успешной селекции гречихи

Для выявления внутрисортового полиморфизма ДНК коллекции гречихи был произведен выбор информативных SSR и InDel праймеров. Проведена экстракция геномной ДНК согласно протоколу модифицированным CTAB методом из 140 образцов гречихи. Оптимизирован условий ПЦР режима для SSR и InDel маркеров. Всего было протестировано 50 пар SSR-праймеров. Температура отжига для отобранных SSR маркеров колеблелась от 50-65 0С. Например, для маркеров Fes 1368, Fes 1623, Fes 1816, Fes 2468, Fes 2743, Fes 2798, Fes 2857 и Fes 3164 оптимальная Т отжига составил – 50,5 С. Протестированные SSR-

праймеры содержали последовательности ди-, три- и полинуклеотидных микросателлитных мотивов.

Заключение:

По результатам исследований внутрисортового полиморфизма ДНК в коллекции гречихи были оптимизированы ПЦР режимы и отобраны информативные праймеры типов SSR и InDel.

В течение 2024-2025 гг. также были проведены полевые испытания коллекционных образцов и сортов. По результатам исследований были выделены наиболее адаптивные и высокопродуктивные генотипы по следующим ценным признакам:

- скороспелые и среднеспелые формы, экологически приспособленные к северным регионам (Шортандинская крупнозерная, Amurskaya, Majskaja, Шортандинская 5)
- по массе 1000 семян (Шортандинская крупнозерная, Buriatskaya, 496, Northern Chinese, P136-34);
- по интенсивности фотосинтеза в отдельные фазы (MC 38, MC 60, MC 258, CD6183, K3466, CM144, CM17, Manor, Amurskaya, Bolshevik, Chinese Domestic, 122722, 122727, 122730 122731, 122738, Northern Chinese);
- по урожайности зерна (Шортандинская крупнозерная, Kievlocal, Manor, Шортандинская 5).

Выделившиеся сорта и образцы будут включены в программу гибридизации как ценные доноры на повышение качественных характеристик культуры гречихи.

Информация о финансировании. Данное исследование реализовано по проекту AP26194037 Идентификация продуктивных сортообразцов гречихи (*Fagopyrum esculentum* Moench.) с использованием ДНК-технологий и создание перспективных форм для селекции» в рамках грантового финансирования Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан на 2025-2027 гг.

Ключевые слова: гречиха, селекция, коллекция, молекулярные маркеры.

Литература:

1. Sarbassova N., Rysbekova A., Dyussibayeva E., Zeinullina A., Abylkairova M. Evaluation of Common Buckwheat Collection Varieties of Japanese Selection in the Conditions of Northern Kazakhstan by Valuable Agronomical Traits / The Europe and the Turkic World: Science, Engineering and Technology Materials of the X International Scientific-Practical Conference. Gaziantep (Türkiye), May 1-3, 2025. – 97-102.

2. Eggum B.O. The Protein Quality of Buckwheat in Comparison with other Protein Sources of Plant or Animal Origin. In: Kreft I., Javornik B., Dolinšek B., editors. Buckwheat. Genetics, Plant Breeding, Utilization. Biotechnical Faculty; Ljubljana, Slovenia: 1980. pp. 115–120.

3. Skrabanja V., Kreft I. Resistant starch formation following autoclaving of Buckwheat (Fagopyrum esculentum Moench) Groats. An In Vitro Study. J. Agric. Food Chem. 1998; 46:2020–2023.

4. Holasova M., Fiedlerova V., Smrcinova H., Orsak M., Lachman J., Vavreinova S. Buckwheat, The source of antioxidant activity in functional foods. Food Res. Int. 2002;35:207–211.

5. Zhou M., Sun Z., Ding M., Logacheva M.D., Kreft I., Wang D., Yan M., Shao J., Tang Y., Wu Y., et al. FtSAD2 and FtJAZ1 regulate activity of the FtMYB11 transcription repressor of the phenylpropanoid pathway in Fagopyrum tataricum. New Phytol. 2017;216:814–828. doi: 10.1111/nph.14692

6. Golob A., Germ M., Kreft I., Zelnik I., Kristan U., Stibilj V. Selenium uptake and Se compounds in Se-treated buckwheat. Acta Bot. Croat. 2016;75:17–24.

7. Сарбасова Н.А., Рысбекова А.Б., Дюсибаева Э.Н., Зейнуллина А.Е. Формирование генетического ресурса гречихи обыкновенной (*Fagopyrum Esculentum Moench subsp*.) в Казахстане // Коркыт Ата.-2025. – С.99- 109.

8. Płażek A., Słomka A., Kopeć P., Dziurka M., Hornyák M., Sychta K., Pastuszak J., Dubert F. Effects of High Temperature on Embryological Development and Hormone Profile in Flowers and Leaves of Common Buckwheat (*Fagopyrum esculentum Moench*). International Journal of Molecular Sciences. 2019; 20(7):1705.

9. Sarbassova N., Rysbekova A., Dyussibayeva E., Zeinullina A. Hybridization by traditional breeding method to obtain pre-breeding materials of common buckwheat (*Fagopyrum esculentum* Moench) / 5th Int.Sci. and Practical Conf.. Global Trends in the Development of Information Technology and Science, 2025.- Stockholm, Sweden.- P.15-19.

Features of seed germination of *Rhaponticum carthamoides* in *in vitro* culture

Tagimanova D.[1,2]., Raizer O.[1], Oteuli Zh.[1], Khapilina O.[1]

[1]*National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan*
[2] *S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Astana, Kazakhstan*

*Corresponding author: tagds@mail.ru

Background. *Rhaponticum carthamoides* is a valuable medicinal plant widely used in pharmacology due to its high content of biologically active compounds, particularly ecdysteroids [1]. However, the seeds of this species exhibit pronounced physiological dormancy, which limits germination and complicates cultivation. Therefore, identifying effective stratification methods to enhance germination and accelerate seedling emergence is highly relevant.

Materials and methods. Seeds of *R. carthamoides* were used in the study. Five treatment variants were tested: cold stratification, treatment with 3% and 5% hydrogen peroxide solutions for 2 hours, and soaking in gibberellic acid for 48 hours. Germination percentage (GP) and mean germination time (MGT) were evaluated.

Results. All studied treatments promoted seed germination to varying degrees compared to the control, confirming the presence of physiological dormancy in this species [2]. However, the effectiveness of the methods differed significantly. The most pronounced stimulating effect was observed with 5% hydrogen peroxide treatment. This variant showed the highest germination percentage (GP) - 85%, indicating effective dormancy breaking. Germination was also more uniform, with simultaneous emergence of viable seedlings. Treatment with 3% hydrogen peroxide also improved germination but to a lesser extent (55%), suggesting insufficient impact on the seed coat and physiological dormancy mechanisms. Cold stratification and gibberellic acid treatments demonstrated moderate effectiveness (38% and 45%, respectively), being less efficient than chemical scarification. The control showed the lowest germination and more prolonged germination period [3].

Conclusion. Treatment with 5% hydrogen peroxide is the most effective stratification method for *R. carthamoides* seeds, significantly improving germination percentage and accelerating seedling emergence. These results can be applied in the development of biotechnological approaches for cultivation of this species.

Acknowledgement. The study was carried out within the framework of program-targeted funding of the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan under the scientific and technical program BR28713087 “Fundamental and applied aspects of obtaining and targeted synthesis of biologically active compounds of medicinal plants in in vitro culture.

Keywords: *Rhaponticum carthamoides*, seed dormancy, germination, hydrogen peroxide, stratification.

References:

1. Kokoska, L., Janovska, D. Chemistry and pharmacology of *Rhaponticum carthamoides*: A review. *Phytochemistry* **70**, 842–855 (2009).

2. Baskin, C.C., Baskin, J.M. *Seeds: Ecology, Biogeography, and Evolution of Dormancy and Germination*. Academic Press (2014).

3. Finch-Savage, W.E., Leubner-Metzger, G. Seed dormancy and the control of germination. *New Phytologist* **171**, 501–523 (2006).

Chloroplast Genome Characterization of the Wild Apple *Malus sieversii* from the Northern Tian Shan (Kazakhstan)

Aisha Taskuzhina[1,2], Dilyara Gritsenko[1,2*]

[1]*Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan*
[2]*Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan*

*Corresponding author: d.kopytina@gmail.com

Background: The wild apple *Malus sieversii* (Ledeb.) M. Roem. is widely recognized as the principal progenitor of the cultivated apple (*Malus domestica*) and represents one of the most important genetic resources for apple improvement [1]. Natural populations occurring in the mountain forests of Central Asia harbor substantial genetic diversity but are currently under increasing ecological pressure [2-3]. Characterization of the chloroplast genome provides essential information for understanding plastome structure, evolutionary relationships, and conservation genetics of this species.

Materials and methods: Leaf samples of *M. sieversii* were collected from natural populations in the Ile Alatau and Uzynkara ridges (Kazakhstan). Total genomic DNA was extracted using a modified CTAB protocol and sequenced using high-throughput sequencing. The chloroplast genome was assembled using GetOrganelle and annotated with GeSeq and tRNAscan-SE. Chloroplast SSRs were identified using MISA. Phylogenetic relationships were reconstructed based on complete plastome sequences using the neighbor-joining method implemented in MEGA.

Results: The complete chloroplast genome of *M. sieversii* was assembled as a circular molecule of 160,192 bp, exhibiting the typical quadripartite plastome structure consisting of a large single-copy region (88,292 bp), a small single-copy region (19,178 bp), and two inverted repeat regions (26,361 bp each). The plastome contained 132 genes, including 88 protein-coding genes, 37 tRNA genes, and 4 rRNA genes. Several genes contained introns, including *rpoC1*, *atpF*, *rps16*, *rpl2*, and *ndhA*. A total of 74 chloroplast SSR loci were identified, predominantly represented by A/T-rich mononucleotide repeats. Phylogenetic analysis based on complete chloroplast genomes confirmed the placement of *M. sieversii* within a well-supported wild apple clade and demonstrated its close maternal relationship with cultivated apple lineages.

Conclusion: The obtained chloroplast genome reveals a conserved plastome organization typical for the genus *Malus*. These genomic data provide a valuable reference for future studies on apple phylogeny, evolutionary genomics, and conservation genetics of wild apple populations.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, BR28712539.

Keywords: *Malus sieversii*, chloroplast genome, plastome, phylogeny, wild apple.

References:

1. Velasco, R., Zharkikh, A., Affourtit, J. et al. The genome of the domesticated apple (*Malus* × *domestica* Borkh.). Nature Genetics 42, 833–839 (2010).

2. Tegtmeier, R., Švara, A., Gritsenko, D. & Khan, A. Malus sieversii: a historical, genetic, and conservational perspective of the primary progenitor species of domesticated apples. Horticulture Research 11, uhae244 (2024).

3. Taskuzhina, A., Yanin, K., Khusnitdinova, M., Kapytina, A., Pozharskiy, A., Nurtaza, A., Gritsenko, D. et al. Assessment of genetic diversity and population structure of Malus sieversii and Malus niedzwetzkyana from Kazakhstan using high-throughput genotyping. Tree Genetics & Genomes 21, 1–15 (2025).

Mechanisms of adaptability and formation of grain yield in various genotypes of millet (*Panicum miliaceum L.)* in the conditions of the dry-steppe zone of Western Kazakhstan

V.I. Tsygankov[1*], A.V. Tsygankov[1], A.B. Rysbekova[2], M.Yu. Tsygankova[1], E.N. Dyussibayeva[2], N.V. Tsygankova[3]

[1]*Kazakh Research Institute of Horse Breeding and Folder Production, Aktobe. 030014, Kazakhstan*
[2]*Kazakh Agrotechnical Research University named after S. Seifullin, Astana, 010011, Kazakhstan*
[3]*Federal Research Center «Nemchinovka», Moscow Region, 143026, Russia*

*Corresponding author: zigan60@mail.ru

The variety, as a means of production, forms the real basis of the yield and quality of crop production. The potential of the variety is closely related to natural and climatic conditions, zonal technologies, the level of industry, especially in the conditions of dry-steppe zones. To successfully withstand drought, producers must have a certain set of crops, including sowing millet, which is one of the main insurance crops in arid regions.

Many of the varieties of grain crops approved for use in the Republic of Kazakhstan, including millet, are characterized by strong variability in yield and low realization of their potential under production conditions. Therefore, the problem of creating new highly productive and competitive varieties of local millet with increased drought resistance and heat resistance is very relevant for dry-steppe zones.

New adaptive varieties of millet for various purposes should be distinguished by high drought resistance, the ability to form a grain crop in dry years of 12-17 c/ha, in favorable years - 35-50 c/ha, and the yield of green mass in feed forms - up to 150-200 c/ha with resistance to the main diseases and pests of the region.

In 2023-2024 in Aktobe AES, more than 20 varieties and lines of millet of Kazakh and Russian breeding served as objects of research of the nursery of the competitive test. In the growing conditions of 2023, precocious and mid-ripening forms of millet received 64-68 mm of precipitation; average late - 93 mm; late ripening - more than 100 mm at HTC = 0,37-0,50 mm/deg. (HydroThermal Coefficient). In the vegetation conditions of 2024, various forms of millet (from precocious to late ripening) received 200-220 mm of precipitation at HTC = 1,0-1,31 mm/deg. The average annual rainfall for vegetation ranges from 75-85 mm.

Phenological and other field observations were performed during the studies; biological yield and its complete structural analysis are determined.

Physical, biochemical and qualitative indicators of grain, cereals, porridge were determined in the laboratories of the Research and Production Center of Grain Farming and the Kazakh Research Institute of Horse Breeding and Feed Production.

For 2 years of research, the best in terms of yield among the studied assortment were varieties of millet of Aktobe selection Yarkoye 3, Yarkoye 6, Merey, as well as 2 new varieties Lin. KS-186-24 and Lin. KS-189-24. They statistically significantly and stably exceeded the indicators of the standard of Memory of Bersiev by 3,2-5,4 c/ha (+14,8-27,2% in 2023 with SSD_{05} = 1,26 c/ha; +11,1-28,6% in 2024 with SSD_{05} = 3,12 c/ha).

In 2023, the correlation relationships between the indicators presented in the matrix ranged from very weak (r = 0,02-0,20) to strong and very strong (r = 0,60**-0,90*** and higher). A similar picture was noted in 2024.

The varieties and lines that stood out were characterized by an increased severity of the structural elements of the crop - the density of the plants, the mass of grain from the panicle and the grain size. An almost linear relationship was noted between the total and productive bushiness of

plants (r = 0,85*** - 0,89***), as well as the mass of grain from the panicle and its grain content (r = 0,91*** - 0,94***). The association of yield with plant height (0,21-0,55*) and weight of 1000 grains (0,25-0,42*) turned out to be average positive, and with field phenotypic assessment - close positive (r = 0,66** - 0,76**), which indicates the critical importance of field visual assessment when rejecting selection material.

The height of the plants closely correlates with the length of the upper internode (r = 0,42* - 0,60**) and with the mass of the grain from the panicle (r = 0,46*). In this case, the length of the upper internode is associated with a significant positive connection with the mass of grain and the number of grains from the panicle: r = 0,62** - 0,64** and r = 0,52* - 0,56*, respectively.

The varieties of Memory of Bersiev, Yarkoye 3, Merey, sorting lines R-1549/24, 191/KS-24 were distinguished by the increased quality of the formed grain, cereals and cereals. They had a crude protein content in grain of 10,0-11,5%, fat – 3,74-4,57%, carotenoid pigments – 0,82-0,97 mg/100 g. Grain size 760-770 g/l, film content 17-20%, core yield 80-83%, total culinary score 4,7-4,9 points.

As calculations have shown, the cultivation of new promising varieties and lines of millet provided, in comparison with the standard, an increase in the economic efficiency of grain production. Thus, the additional profit obtained from cultivating the best varieties in 2023-2024 was 30-60 thousand tenge from 1 hectare of sown area.

Funding: The work ran within the program-target financing of the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan under budget program 267, BR22885857 «Development and introduction of highly productive oilseeds and cereals varieties and hybrids to ensure food security of Kazakhstan».

Morphophysiological evaluation of spring wheat assortment for practical drought resistance breeding with genotype identification by *Vrn* and *Ppd* loci

Zh.T. Kalybekova[1], V.I. Tsygankov[2*], A.V. Tsygankov[2], E.V. Zuev[3], N.V. Tsygankova[4]

[1]*Baishev University, Aktobe, 030000, Kazakhstan*
[2]*Kazakh Research Institute of Horse Breeding and Folder Production, Aktobe, 030014, Kazakhstan*
[3]*Federal Research Center «All-Russian Institute of Plant Genetic Resources named after N.I. Vavilov», St. Petersburg, 190031, Russia*
[4]*Federal Research Center «Nemchinovka», Moscow Region, 143026, Russia*

**Corresponding author: zigan60@mail.ru*

The selection improvement of any crop, including wheat, is based on the initial genetic diversity and methods of genetic reconstruction of the improved beneficial traits. At the same time, the selection process uses a combination of both a traditional set of assessments and analyzes, as well as modern approaches, methods and tests (genetic, morphophysiological, biochemical, technological). This defines the selection of spring wheat in the western region of Kazakhstan as a promising and urgent task for resistance to abiotic and biotic environmental factors, production capacity and grain quality.

In 2017-2019; 2024-2025 175 samples of spring soft wheat from the VIR world collection and promising varietal material of Aktobe selection were studied at the selection department of the Aktobe agricultural experimental station – AAES (from 2024 - Kazakh Research Institute of Horse Breeding and Folder Production).

The assortment of the collection nursery was represented by the following regions - Australia, Africa, East Asia, Europe, Asia Minor and the Middle East, Central Asia (including Kazakhstan), North America and South America.

Over the course of 5 years of observations contrasting in hydrothermal conditions in the dry-steppe zone, selection and economic characteristics were studied, laboratory experiments were carried out to determine drought resistance by the ability of seeds to germinate in osmotic solutions and the water retention capacity of leaves; drought resistance indices of samples were calculated based on data on yields in the driest (2019) and more favorable years (2017, 2024, 2025), as well as the total score of the sample ranks for all indices.

20 varieties (samples) with the best total scores were identified, which are promising in terms of reducing the risks of cultivation and obtaining an optimal harvest over a number of years.

For the first time, based on the study of the elements of the crop structure using the Past 4.17 program, a comprehensive statistical analysis of the collector material was carried out.

Combinations of vernalization genes (*Vrn*) were also determined in 114 varieties and samples, including varieties and lines of Aktobe selection. Identification of dominant alleles of *Vrn* and *Ppd1* genes using molecular markers was carried out in accordance with the guidelines of All-Russian Institute of Crop Production «Use of allele-specific markers of *Vrn* and *Ppd* genes for rapid diagnosis of photoperiodic sensitivity and need for vernalization of soft wheat and barley» (Zlotina et al., 2012).

In the study sample, 41 samples are distinguished by the presence of a dominant *VrnA1a* allele. The *VrnA1aVrnB1a* genotype occurs in 11 samples (2 samples - AEES selections). The combination of *VrnA1aVrnB1aVrnB1c* alleles is characteristic of 3 varieties, of which 1 variety of Aktobe selection. And only a combination of alleles - *VrnA1aVrnB1aVrnD1* is characteristic of the Australian variety. 10 samples are distinguished by the presence of the *VrnB1a* allele. In our studies, the combination of *VrnA1aVrnB1c* alleles was found in 24 Russian and Kazakhstani samples, of which 10 were Aktobe breeding varieties. A combination of *VrnB1aVrnB1c* alleles was

diagnosed in only 2 samples. 4 study samples (1 of them - selection of AEES) are carriers of the *VrnB1c* allele. Only 18 samples carried the dominant *Vrn-D1* allele.

With information about the carriers of different Vrn gene alleles in different cultivation conditions, breeders can use genotypes with the allele combination most suitable for a particular region and manage the source material, knowing its adaptation potential.

For the first time, a detailed identification of genotypes of varieties and lines of spring soft wheat of Aktobe selection by *Vrn* and *Ppd* loci was carried out. The obtained data make it possible to transfer the selection process in the region to the level of marker-oriented selection of parental pairs (*MAS*) over time.

Funding: This research has been funded by the Ministry of Agriculture of the Republic of Kazakhstan under budget program 267, BR24892821 «Breeding, seed production of grain crops to increase the potential of productivity, quality, stress resistance in various soil-climatic zones of Kazakhstan».

Wheat Omega-Gliadins: Genetic Variability and Their Role in Grain Quality

Utebayev M.*, Dashkevich S., Chilimova I., Kradetskaya O.

A.I. Barayev Research and Production Centre for Grain Farming, Shortandy, Kazakhstan

*Corresponding author: phytochem@yandex.ru

Omega-gliadins constitute a fraction of wheat endosperm storage proteins lacking cysteine residues and, therefore, not participating in the formation of disulfide bonds within the gluten network; their functional role is primarily associated with the modulation of dough viscoelastic properties via a plasticizing effect. These proteins are encoded by the *Gli-1* loci (*Gli-A1*, *Gli-B1*, *Gli-D1*) located on the short arms of chromosomes 1A, 1B, and 1D, and are characterized by high allelic polymorphism, which underlies their utility as informative protein markers.

In this study, 168 spring bread wheat cultivars and lines developed in Kazakhstan were analyzed using SDS-PAGE (10% polyacrylamide gel) following protein extraction according to a modified N. K. Singh protocol. A total of 12 components were identified at the *Gli-A1* locus, 41 at *Gli-B1*, and 13 at *Gli-D1*, indicating the highest level of variability at Gli-B1.

Allelic distribution suggests that the genetic core of the germplasm is predominantly formed by combinations *Gli-A1* (d8/d9/null), *Gli-B1* (d2d4 or d1d5d6), and *Gli-D1* (d11d12); notably, the absence of combinations with frequencies exceeding 10% reflects a mosaic pattern of polymorphism and a high level of intrapopulation genetic diversity.

Frequency analysis indicates that the effect of omega-gliadins on grain quality is context-dependent and is primarily realized through interactions with glutenin fractions (HMW-GS, LMW-GS), rather than through isolated allelic effects. The expression of these effects is substantially modulated by environmental conditions (genotype × environment interaction), limiting the generalization of their contribution to quality traits.

Thus, omega-gliadin variability represents a valuable resource for wheat breeding: the use of their electrophoretic spectra in combination with glutenin analysis enhances the accuracy of genotype identification and prediction of technological grain properties, while integration with molecular genetic markers improves breeding efficiency.

Funding: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Grant No. AP 23485115 “KASP markers in the creation and study of tetraploid wheat with increased carotenoid content and improved gluten quality”.

Изучение генов *BGLU* и *UGT*, участвующих в биосинтезе кумаринов донника (*Melilotus* Mill.)

И. Захарчевный*, В. Попов, А. Иноземцева

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190068, Санкт-Петербург, Россия

*Автор-корреспондент: ivan.saint-petersburg@yandex.ru

Background: Донник (*Melilotus* Mill.) является ценным кормовым и медоносным растением, а также сидератом. Селекция донника по степени содержания кумаринов - одно из основных направлений в выведении сортов этой культуры. Применение молекулярно-генетических методов позволяет ускорить селекционный процесс. Известны несколько групп генов отвечающих за синтез кумаринов у донника, к их числу относятся гены *BGLU* и *UGT*. Их изучение поможет лучше понять генетический механизм биосинтеза кумаринов.

Materials and methods: В своей работе мы исследуем образцы донника из коллекции ВИР, относящиеся к разным видам и различные по степени содержания кумаринов. Авторами разработана и применена методика спектрофотометрического определения содержания кумаринов в семенах донника, для распределения образцов коллекции по степени содержания кумаринов. По литературным данным были отобраны 8 пар праймеров к генам *BGLU* и *UGT* для поиска SNP. Их проверку проводили методом ПЦР с анализом продуктов амплификации электрофорезом. Для секвенирования были отобраны ампликоны, полученные с использованием праймеров *UGT186* и *BGLU1*.

Results: Проверка подобранных по литературным данным праймеров была проведена на четырех образцах донника. Проведено секвенирование гена *BGLU1*. Получена нуклеотидная последовательность одного образца по локусу *BGLU1*, что подтверждает перспективность дальнейшего анализа данных генов для поиска SNP. На рисунке 1 представлена электрофореграмма продуктов амплификации ДНК четырех видов донника (номера по каталогу ВИР: 53227; 53793; 53993; 53997) с праймерами к гену *UGT186*.

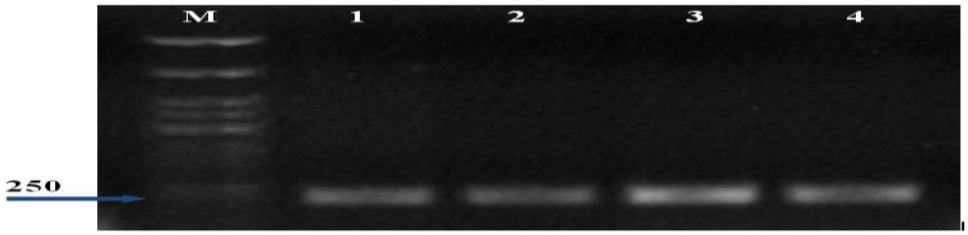


Рисунок 1. Электрофореграмма продуктов амплификации ДНК донника с праймерами к гену *UGT186* (M - ДНК маркер Step50 plus, 1 - донник белый, 2 - высокорослый, 3 - польский, 4 - душистый).

Conclusion: Результаты ПЦР подтверждают наличие целевых фрагментов в ДНК исследуемых образцах. Анализ генетических различий между образцами, контрастных по содержанию кумаринов, позволит внести вклад в разработку современных методов селекции донника.

Acknowledgement: работа выполнена в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту: FGEM-2022-0002 "Выявление возможностей генофонда бобовых культур для оптимизации их селекции и диверсификации использования в различных отраслях народного хозяйства".

Key words: донник, кумарины, секвенирование.

References:

1. Wu F, Duan Z, Xu P, Yan Q, Meng M, Cao M, Jones CS, Zong X, Zhou P, Wang Y, Luo K, Wang S, Yan Z, Wang P, Di H, Ouyang Z, Wang Y, Zhang J. Genome and systems biology of Melilotus albus provides insights into coumarins biosynthesis. Plant Biotechnol J. 2022 Mar;20(3):592-609. doi: 10.1111/pbi.13742. Epub 2021 Nov 16. PMID: 34717292; PMCID: PMC8882801.

2. Wang Y, Guan T, Yue X, Yang J, Zhao X, Chang A, Yang C, Fan Z, Liu K and Li Y (2025) The biosynthetic pathway of coumarin and its genetic regulation in response to biotic and abiotic stresses. Front. Plant Sci. 16:1599591. doi: 10.3389/fpls.2025.1599591

3. Dridiger V.K. Melilotus: Monograph.- Stavropol: Agrus, 2014.

4. Talovina G.V., Smekalova T.N. The genus Melilotus of the flora of Russia and adjacent countries. Vavilovia.; 4 (4): 3–27; 2021.

Современные молекулярно-генетические подходы в селекции яровой мягкой пшеницы

Людмила Зотова*, Айбек Жумалин, Айсарат Гаджимурадова

НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина», Астана, 010000, Казахстан

*Автор-корреспондент: lupezo_83@mail.ru

Актуальность: Маркерная селекция пшеницы является актуальным направлением, обеспечивающим быстрый и точный отбор генотипов по хозяйственно ценным признакам [1]. Ее значимость возрастает в условиях климатических стрессов и необходимости ускоренного создания высокопродуктивных и адаптированных сортов.

Материалы и методы: В качестве материала использовали сорта, селекционные линии и гибридные популяции F4 яровой мягкой пшеницы казахстанской и зарубежной селекции. Молекулярно-генетический анализ выполняли на геномной ДНК, выделенной CTAB методом, с использованием ПЦР-анализа и SNP-генотипирования методом Amplifluor для оценки полиморфизма селекционно значимых генов [2,3,4].

Результаты: Результаты исследований подтвердили высокую эффективность молекулярных маркеров в селекции яровой мягкой пшеницы на качество и продуктивность. Применение молекулярно-генетического анализа позволило выявить генотипы с благоприятными аллельными сочетаниями, выделить донорные формы и перспективный гибридный материал с ценными хозяйственными признаками. Полученные данные показали, что использование маркеров повышает точность раннего отбора и способствует ускоренному созданию адаптированных и высокопродуктивных сортов пшеницы [2,3,4].

Заключение: Таким образом, применение молекулярных маркеров является эффективным инструментом в селекции яровой мягкой пшеницы, поскольку позволяет повысить точность раннего отбора, ускорить выявление ценных генотипов и повысить результативность селекционного процесса.

Ключевые слова: пшеница, качество, продуктивность, фенотип, генотипирование.

Список литературы

1. FAO. *Food outlook: Biannual report on global food markets, June 2025*. (Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2025). https://doi.org/10.4060/cd5655en

2. Hao, J., Zhao, Z., Fu, X., Zhao, Y., Ateeq, M., Mou, L., Han, Y., Liu, Y., Yin, Y., Zotova, L., Serikbay, D., Fan, C., Hu, Y.-G. & Chen, L. Effect of a novel dwarfing mutant site on chromosome 4B on agronomic traits in common wheat. *Front. Plant Sci.* 15, 1338425 (2024). https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1338425

3. Abdulloyev, F. M., Savin, T. V., Zotova, L. P. & Dyussibayeva, E. N. Молекулярно-генетический анализ генов качества зерна яровой мягкой пшеницы. *3i: Intellect, Idea, Innovation* (2025). https://doi.org/10.52269/KGTD2531110

4. Zotova, L., Zhumalin, A., Gajimuradova, A. *et al.* Studying the influence of *TaGW8* and *TaGS5-3A* genes on the yield of soft spring wheat in arid climate conditions of the Republic of Kazakhstan. *Braz. J. Biol.* 84, e286189 (2024). https://doi.org/10.1590/1519-6984.286189

Complete Genome Sequence of *Bombus cryptarum* Densovirus

Elmira Anarkulova*, Yergali Moldakhanov, Madina Alexyuk, Gulnaz Beketayeva, Timur Kerimov, Andrey Bogoyavlenskiy

Research and Production Center for Microbiology and Virology, Almaty, Kazakhstan

*Corresponding author: elya-111@mail.ru

Bumblebees (genus *Bombus*) are key pollinators in both natural and agricultural ecosystems. Viral infections represent an important but underexplored factor influencing their population dynamics. Among these, densoviruses (ssDNA viruses of the subfamily *Densovirinae*) have been increasingly detected in insect hosts. These viruses are of particular interest due to their potential effects on host fitness and population dynamics. In this study, we describe a densovirus identified in the bumblebee species *Bombus cryptarum*.

Total DNA was extracted from adult specimens and subjected to high-throughput sequencing. Reads were quality-filtered and assembled de novo. Contigs showing similarity to known densoviruses were identified using BLAST analysis. The complete viral genome was reconstructed and annotated.

The virus genome is approximately 5.0 kb in length and exhibits features characteristic of densoviruses, including inverted terminal repeats (ITRs) and open reading frames encoding nonstructural (NS) and capsid (VP) proteins. The genomic organization is consistent with members of the genus *Ambidensovirus*.

Phylogenetic analysis of *Bombus cryptarum densovirus* was conducted using conserved protein-coding regions, primarily the NS1 (nonstructural protein 1) gene. Sequence alignment was performed with representative densoviruses obtained from public databases, followed by tree reconstruction using maximum likelihood methods.

The resulting phylogenetic tree shows that *Bombus cryptarum densovirus* clusters within the insect-associated densovirus clade, consistent with its host origin. It demonstrates closest relationships to densoviruses previously identified in other Hymenoptera species, including bumblebees and related pollinators. Despite this clustering, the virus forms a distinct branch, indicating genetic divergence and suggesting that it may represent a novel or less-characterized lineage within *Densovirinae*.

Phylogenetic patterns also suggest potential host-specific adaptation, as densoviruses tend to cluster according to host taxonomy. However, evidence of host-switching events cannot be excluded and requires further investigation with broader sampling.

The identification of this virus expands current knowledge of viral diversity in pollinators and provides a foundation for future studies on its ecological and pathological significance.

Genomic characterization of an enterotoxigenic *Bacteroides fragilis* isolate from Kazakhstan

A. Bekbayeva[1,2], S.S. Kozhakhmetova[1]

[1]*National Center for Biotechnology, Astana, 010000, Kazakhstan*
[2]*L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, 010000, Kazakhstan,*

*Corresponding author: bekbayeva@biocenter.kz

Background: Enterotoxigenic *Bacteroides fragilis*, a pathogen associated with inflammatory bowel disease and colorectal cancer, produces fragilisin, also known as BFT. However, genomic data on ETBF isolates from Central Asian countries, including Kazakhstan, are limited. This study conducted an in silico genomic characterization of a clinical ETBF isolate from Kazakhstan, including its virulence and resistance determinants.

Materials and methods: A total of 107 intra-abdominal infection samples were screened, and 17 *B. fragilis* isolates were identified by MALDI-TOF MS and 16S rRNA sequencing. PCR screening for *bft* and *cfiA* genes was performed. One toxin-positive, carbapenemase-negative isolate (60–24-NCB-KZ) was selected for whole-genome sequencing using the Illumina MiSeq platform. Genome assembly and annotation were conducted using SPAdes and Prokka, respectively. Virulence and resistance genes were analyzed using VFDB, CARD, and ResFinder databases, followed by manual curation.

Results: The draft genome (5.8 Mb; N50 = 120,729 bp) confirmed the presence of the *bft* gene encoding fragilysin; this was confirmed by BLASTp analysis. The isolate was classified as Division I (*cfiA* negative). Intrinsic resistance genes (*cfxA*, *tetQ*) were found, but carbapenemase gene products were not detected. Multiple *SusC*/*SusD* (*TonB*-dependent receptor) homologs were found along with envelope-associated proteins (*mrdB*, *ybdG*); this indicates a high potential for outer membrane vesicle (OMV) biogenesis.

Conclusion: This study provides insight into the genome of a Division I ETBF strain from Kazakhstan. The data obtained on virulence and membrane transport genes may serve as a foundation for future studies investigating toxin delivery via outer membrane vesicles (OMVs) and responses to antibiotic stress.

Acknowledgement: This research has been funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP19679239).

Key words*:* *Bacteroides fragilis*, enterotoxigenic *Bacteroides fragilis*, whole genome sequencing, fragilysin, outer membrane vesicles

References:

1. Yang, J., Wang, X., Hu, T., Huang, H., Chen, G., Jin, B., Zeng, G. & Liu, J. Entero-toxigenic *Bacteroides fragilis* contributes to intestinal barrier injury and colorectal cancer progression by mediating the BFT/STAT3/ZEB2 pathway. Cell Cycle 23, 70–82 (2024).

2. Zakharzhevskaya, N.B., Tsvetkov, V.B., Vanyushkina, A.A., Varizhuk, A.M., Rakitina, D.V., Podgorsky, V.V., Vishnyakov, I.E., Kharlampieva, D.D., Manuvera, V.A., Lisitsyn, F.V., Gushina, E.A., Lazarev, V.N. & Govorun, V.M. Interaction of *Bacteroides fragilis* toxin with outer membrane vesicles reveals a new mechanism of its secretion and delivery. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology 7, 2 (2017).

qRT-PCR-based analysis of host pro-inflammatory cytokine gene dysregulation during experimental enterotoxigenic *Bacteroides fragilis* infection under meropenem breakpoint exposure

S. Kozhakhmetova[1], A. Bekbayeva[1,2], E. Zholdybayeva[1], T. Krivoruchko[1], N. Dashevskaya[1]

[1]*National Center for Biotechnology, Astana, 010000, Kazakhstan*
[2]*L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, 010000, Kazakhstan*

*Corresponding author: kozhakhmetova@biocenter.kz

Background: Intra-abdominal infections cause 25–30% of sepsis-related mortality when antimicrobial therapy is inadequate. This study aimed to evaluate the effect of meropenem concentrations corresponding to clinical breakpoint levels on host inflammatory responses during infection caused by enterotoxigenic *Bacteroides fragilis* (ETBF) in a rat intra-abdominal infection model.

Materials and methods: Enterotoxigenic *B. fragilis* strain 60-24-NCB-KZ was used to establish intraperitoneal infection in 40 male Wistar rats using a perforated implant model. The animals were divided into three groups: a negative control group (NaCl, n = 8), a positive control group (10^8 CFU/ml, n = 16), and an experimental group receiving meropenem at a concentration of 1.0 mg/L every 48 hours for 8 days (n = 16). Cytokine expression (IL-1α, IL-1β, IL-6, IL-8, TNF-α, MCP-1 and IL-10) in peritoneal exudate was quantified by qRT-PCR using the ΔΔCt method.

Results: By day 16, IL-1β, IL-1α, and TNF-α were significantly upregulated in the experimental group compared with the positive control group ($p \leq 0.05$), indicating sustained pro-inflammatory activation. MCP-1 and IL-6 showed borderline elevation ($p = 0.08$), whereas IL-8 and IL-10 remained unchanged.

Conclusion: Meropenem concentrations corresponding to clinical breakpoint levels were associated with sustained upregulation of local pro-inflammatory cytokines and impaired resolution of inflammation. OMV-mediated mechanisms likely may contribute to chronic infection persistence under suboptimal therapy, underscoring the clinical relevance of breakpoint effects on *Bacteroides fragilis* pathogenesis.

Acknowledgement: This research was funded by the Science Committee of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan (Grant No. AP19679239).

Keywords: *Bacteroides fragilis*, meropenem, intra-abdominal infection, cytokines, qRT-PCR.

References:

1. Kozhakhmetova, S., Bekbayeva, A., Zholdybayeva, E., Krivoruchko, T., Dashevskaya, N., Vinogradova, E., Kamzayeva, N., Khassenbekova, Z., Kushugulova, A., Kozhakhmetov, S. Clinical breakpoint meropenem concentration modulate outer membrane vesicle production in enterotoxigenic Bacteroides fragilis. *Archives of Microbiology* **208,** 10 (2026).

CONTENT

PLENARY SESSION

SECTION 1. Human genetics

Akilzhanova A., Zhalbinova M., Abilova Zh., Chamoieva A., Mirmanova Zh., Shakhmarova T., Samatkyzy D., Akhmetova A., Rakhimova S., Akilzhanova G., Daniyarov A., Kairov U., Akilzhanov K., Kozhamkulov U., Zhakupova T., Bekbossynova M., Sarbassov D. From Atrial Fibrillation to Inherited Syndromes: Advancing Precision Cardiology Through Genomics 7

Djansugurova L., Khussainova E., Altynova N., Musralina L., Kakhbatkyzy N., Iksan O., Zhaniyazov Zh., Mustafayeva A., Tokmurzina S., Childebayeva A., Krause J. Experience of Interdisciplinary Research: Paleogenetic Analysis of Significant Archaeological Finds from Kazakhstan 8

SECTION 2. Animal genetics and breeding

Омбаев А. Селекционно-технологические аспекты создания ордабасинской породы овец 9

SECTION 3. Plant genetics and breeding

Morgunov A. Tendencies of field crops production in Kazakhstan, breeding and genetics achievements and future needs 11

Turuspekov Y. Challenges and perspectives in modern breeding of cereals in Kazakhstan 12

Yermekbayev K., Shoken M., Sartbayeva Zh., Abduakassov A., Mahmood Z. Advancing Wheat Breeding in Kazakhstan through Genomics and Speed Breeding 13

SECTION 4. Genetics and breeding of microorganisms

Kydyrmanov A., Nuralibekov S., Kumar M., Mutaliyeva A., Usserbayev A., Khan Y., Sabyrzhan T., Abdimadiyeva A., Karamendin K. Molecular Epidemiology and Evolutionary Dynamics of Human Coronaviruses in Kazakhstan 14

Тарлыков П., Жолдыбаева Е., Шевцов А., Мукантаев К., Хасенов Б., Хапилина О., Кулмамбетова Г., Кулыясов А., Абельденов С., Остапчук Е., Скиба Ю. Разработка клеточных, геномных и протеомных технологий для диагностики ряда социально-значимых заболеваний в Республике Казахстан 15

ORAL SESSION

SECTION 1. Human genetics

Altynova N., Zhaniyazov Zh., Musralina L., Perfilyeva A., Liliya Skvortsova L., Khamdieva O., Abdullayeva M., Yergali K., Garshin A., Lebedeva L., Kumarbekov Zh., Amirgaliyeva A., Bekmanov B., Zhunussova G., Djansugurova L. Population Genetic Structure of the Modern Population of Kazakhstan: Integration of Ethnogenomics, Medical, Environmental and Sports Genetics 16

Касымбекова А., Абдуллаева М., Лебедева Л., Ерғали Қ, Гаршин А., Құлатаева А., Артығалиева Д., Мусралина Л., Muddassar, Жансүгірова Л., Алтынова Н. Алматы қаласы мен Алматы облысы тұрғындарының демікпенің дамуына әсер ететін экологиялық қауіптер мен генетикалық бейімділігін талдау 17

Кусаинова А., Булгакова О., Арипова А., Берсимбай Р. Свободно циркулирующая митохондриальная ДНК и микроРНК как молекулярные индикаторы системного ответа на ионизирующее облучение и развитие рака легкого среди населения Республики Казахстан 18

Mustafayeva A., Tokmurzina S., Shtilkind M., Auelbekova A., Raimbekova N., Zhaniyazov Zh., Djansugurova L., Childebayeva A. Migrations of Ancient Eurasian Population according to results of Admixture 20

Назарова Л., Кудайбергенова М., Утупова А., Сламбекова Қ., Елтаева Ш., Дуйсенова М., Рахимбаева А., Саликова С., Зиноллаева А., Баянова М. Частота и структура наследственных заболеваний по данным регистра КФ «UMC» 21

Samatkyzy D., Valishayeva D., Rakhimova S., Daniyarov A., Musafer A., Zhalbinova M., Kairov U., Akilzhanova A. Long-read sequencing–based genomic analysis of cardiac conduction disorders in young adults 22

Zhalbinova M., Rakhimova S., Samatkyzy D., Akilzhanova G., Kozhamkulov U., Akilzhanov K., Tauekelova A., Bekbosynova M., Akilzhanova A. Association of genetic polymorphisms with complication development in heart failure patients 23

Zhunussova G., Abdikerim S., Baltayev N., Afonin G., Kaidarova D. Pathogenic germline variant spectrum in colorectal cancer patients from Kazakhstan 24

SECTION 2. Animal genetics and breeding

Kanat R., Tugunova Y., Sapakhova Z., Shamekova M., Zhambakin K. Establishing the evolutionary tree of the Kazakh horses based on Y chromosome data 25

Yanin K.**,** Kanat R., Begaliyeva D., Sapakhova Z., **Shamekova M.** Current State of Genetic Diversity in Kazakh Sheep Breeds 26

Stanova A., Gerlinskaya L., Moshkin M. The temperature of incubation during IVF impacts preimplantation development and offspring phenotype 27

SECTION 3. Plant genetics and breeding

Abugalieva S., Almerekova Sh., Yermagambetova M., Turuspekov Y. Phylogenetic analysis of important flora genera in Kazakhstan 28

Amalova A., Chudinov V., Turuspekov Y. Genome-wide association analysis of pre-harvest sprouting resistance in spring wheat from contrasting regions of Kazakhstan 29

Cherkasova E., Kibalnik O. Features of sugar accumulation in the stalk juice of sweet sorghum hybrids 30

Чудинов В. Селекция зерновых культур на Карабалыкской СХОС 31

Genievskaya Y., Abugalieva S., Turuspekov Y. Unlocking Genetic Potential: Association Mapping for Improved Barley Breeding in Kazakhstan 32

Какимжанова А., Нұртаза А. Повышение эффективности индукции эмбриоидов и регенерации в культуре пыльников пшеницы для получения гаплоидов 33

Тагиманова Д., Райзер О., Филиппова Н., **Хапилина О.** Создание интродукционного питомника левзеи сафлоровидной (*Rhaponticum carthamoides* (Willd.) Iljin) в Северном Казахстане 34

Kibalnik O., Cherkasova E. Evaluation of drought resistance of F1 hybrids of grain and sweet sorghum based on A3, A4 and 9E cytoplasm 35

Kokhmetova A., Keishilov Zh., Kumarbaeva M., Bolatbekova A., Nurzhuma M., Kharipzhanova A., Bakhytuly K., Kokhmetova A., Mukhametzhanov K. Integrated genotyping and breeding assessment of wheat germplasm under contrasting environmental conditions in Kazakhstan 36

Манабаева Ш. CRISPR/Cas9-опосредованный мутагенез генома картофеля 37

Sapakhova Z., Volkov D., Daurova A., Sidorik A., Shamekova M., Zhambakin K. Early-Generation Selection of Potato Breeding Lines for the Processing Industry 38

Tokhetova L., Abugalieva S., Turuspekov Y., Baimbetova G., Sultan N. Comprehensive assessment of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) collection material on productivity and adaptability under the Kyzylorda region 39

Tussipkan D. Phenotypic Trait–Based Classification of Salt and Drought Tolerance in the Kazakhstan Cotton Collection 40

Zatybekov A., Didorenko S., Abugalieva S., Turuspekov Y. Genomic Approaches for Identifying Markers Associated with Agronomic and Quality Traits in Soybean 41

Zhapar K., Satvaldina N., Kairov U., Akilzhanova A., Sarbassov D. k-mer-Based Analysis of Whole-Genome Sequencing Data in Polyploids 42

SECTION 4. Genetics and breeding of microorganisms

Altynbayeva M., Tugunova Y., Isgandarov I., Abilda Zh., Daurov D., Shamekova M. Methylation patterns reflect the impact of heavy metal contamination of the soil metagenome 43

Gritsenko D., Dulat B. Phylogenetic structure and recombination signals in global populations of Tomato brown rugose fruit virus 44

Isgandarov I., Abilda Zh., Kanat R., Daurov D., Choi Kh. Long-Read Metagenomic Profiling Reveals Heavy Metal-Driven Co-Selection of Antibiotic Resistance in Industrial Soils of East Kazakhstan 45

Karamendin K., Nuralibekov S., Sabyrzhan T., Kasymbekov Y., Daulbayeva K., Khan Y., Kydyrmanov A. Genetic Diversity at the F gene Protein Cleavage Site of Avian orthoavulavirus 1 from chicken infected with wild type virus 46

Pozharskiy A., Kostyukova V., Khusnidinova M., Gritsenko D. Whole genome sequencing of the local isolates of *Pseudomonas syringae* species group 47

Rukavitsina I., Bulgakova I., Vassilyeva V., Filippova N. Impact of Green Manure Crops and Grass Mixtures on Fungal Cenosis of Chernozem Soils of Northern Kazakhstan Steppe Zone 49

Sarmurzina Z., Mussabayeva B., Zhakenov D., Aldyngurova F., Shaidullayeva A., Bissenova G. Microbial study of wastewater samples from Astana city 50

Tugunova Y., Altynbayeva M., Isgandarov I., Abilda Zh., Daurov D., Shamekova M. Taxonomic classification and profiling of soil metagenome obtained from the East Kazakhstan region using long-reads sequencing 51

POSTER SESSION

SECTION 1. Human Genetics

Berikkhanova K., Tanysheva G., Taigulov E., Kozhakhmetov S., Bikhanov N., Zakirov Y., Zhilkaidarov A., Abdrakhmanova S. Double-Strand DNA Damage as a Determinant of Therapeutic Efficacy in Boron Neutron Capture Therapy: A Preclinical Study 52

Chamoieva A., Mirmanova Zh., Zhalbinova M., Rakhimova S., Abdrakhmanov A., Akilzhanova A. Targeted next-generation sequencing for differential diagnosis of long QT syndrome subtypes in patients with channelopathies 53

Daniyarov A., Bersimbaev R., Kairov U. annovar-nf: A Nextflow Pipeline for Scalable, Reproducible Multi-Sample ANNOVAR Variant Annotation 54

Kalendar R. Automated Multiplex PCR Panel Designer for Targeted Amplicon Sequencing in Human Whole-Genomes 55

Karimov A., Bektayev R., Kalendar R., Sharip A., Rakhimova S., Satvaldina N., Seisenova A., Akilzhanova A., Kairov U.
Identification of Recurrent Fusion Genes in Cancer Patients from Kazakhstan 56

Mirmanova Zh., Zhalbinova M., Chamoieva A., Shakhmarova T., Satvaldina N., Rakhimova S., Kairov U., Daniyarov A., Bekbossynova M., Akilzhanova A. WGS uncovers rare genetic variants contributing to atherosclerosis in patients with very high cardiovascular risk 57

Ordabayeva A., Sarkytbayev K., Daniyarov A., Molkenov A., Sharip A., Rakhimova S., Ashenova A., Karimov A., Bektayev R., Kozhamkulov U., Zhukov Y., Tuleutaev M., Sarbassov D., Akilzhanova A., Kairov U.
Integrative analysis of lncRNA-miRNA-mRNA expression profiles in Esophageal Squamous Cell Carcinoma Tissues 58

Rakhimova S., Satvaldina N., Akilzhanova A. iPSC-derived cardiomyocytes for investigating the underlying mechanisms of mutation-associated arrhythmias 60

Sarkytbayev K., Daniyarov A., Ordabayeva A., Paizulla A., Molkenov A., Samatkyzy D., Rakhimova S., Akilzhanova A., Kairov U. Chromosome-scale assembly of Kazakh individuals using modern genomics approaches 61

Serikzhan A., Daniyarov A., Akhmetova A., Abilova Zh., Molkenov A., Yerezhepov D., Rakhimova S., Kozhamkulov U., Kushugulova A., Askarova Sh., Sarbassov D., Akilzhanova A., Kairov U. Genomic Landscape of the Great Steppe: Genetic Variants in Healthy Kazakh Individuals 62

Shakhmarova T., Mirmanova Zh., Zhalbinova M., Chamoieva A., Satvaldina N., Rakhimova S., Kairov U., Daniyarov A., Bekbossynova M., Akilzhanova A. Identification of Clonal Hematopoiesis of Indeterminate Potential-Associated Variants in a Kazakhstani Population Using Next-Generation Sequencing 63

Toleuzhanova A., Romanova A., Zholdybayeva E. Next Generation Sequencing: a key tool in the diagnosis of MODY 64

Valishayeva D., Zhalbinova M., Chinybayeva A., Abdrakhmanov A., Rakhimova S., Akilzhanova A. Pharmacogenetic and clinical determinants of anticoagulant response in Kazakhstani patients with Non-Valvular Atrial Fibrillation 65

Zhaniyazov Zh., Khussainova E., Altynova N., Musralina L., Kakhbatkyzy N., Iksan O., Kulatayeva A., Mustafayeva A., Tokmurzina S., Childebayeva A., Krause J., Djansugurova L. IPCAPS-Based Assessment of Population Structure in the Kazakh Population for Ancestry-Informative Marker Discovery 66

SECTION 2. Animal Genetics and Breeding

Bektayev R., Daniyarov A., Askar D., Samatkyzy D., Gabdulkayum A., Altaeva N., Molnar F., Akilzhanova A., Kairov U. Whole-genome sequencing of *Cervus elaphus sibiricus* using Oxford Nanopore Technologies 67

SECTION 3. Plant Genetics and Breeding

Абдуллоев Ф., Зотова Л., Дюсибаева Э., Савин Т. Молекулярно-биохимическая оценка качества зерна яровой мягкой пшеницы 69

Abugalieva S., Amalova A., Savin T., Turuspekov Y. Application of KASP markers for marker-assisted breeding of spring bread wheat in Kazakhstan 70

Alikhanova A., Almerekova S., Turuspekov Y. Population Genetics and Species Distribution Modeling of the Rare Species *Iris kuschakewiczii* B. Fedtsch. 71

Ibraimov A., Yermagambetova M., Almerekova S., Makhmadzhanov S., Ortaev A., Turuspekov Y. Assessment of genetic diversity in *Zea mays* L. accessions revealed by simple sequence repeat markers 72

Иванова Е., Гурина А., Алпатьева Н., Чалая Н., Рогозина Е. Молекулярно-генетическое исследование клонов межвидовых гибридов и сортов картофеля в коллекции ВИР 73

Писаренко Г., Соловьёва А., Чалая Н. Коллекция межвидовых гибридов картофеля ВИР, как источник ценных признаков для селекции на пригодность к переработке. 74

Мендигалиева К., Батырбаева К., Жанбыршина Н., Рахманов Д. Қазақстанда салат (*Lactuca sativa L.*) өндірудің жағдайы мен селекциялық дамуының болашақтары 75

Рсалиев Ш., Баймагамбетов А., Есеркенов А., Оразалиев Н., Бабоев С. Мониторинг развития вредной черепашки на современных сортах озимой пшеницы в Казахстане и Узбекистане 76

Serikbay D., Zotova L., Chen L. Association of allelic variants of the TaGS5 gene with yield components in spring bread wheat 79

Terletskaya N., Khapilina O., Korbozova N., Yerbay M., Turzhanova A., Magzumova S. Genetic polymorphism and adaptations of *Rhodiola* species and ecopopulations 80

Yerbolatov D., Almerekova S., Yermagambetova M., Abugalieva S., Turuspekov Y. Rapid speciation and gene flow in genus *Allium* 81

(Amaryllidaceae)

Yermagambetova M., Almerekova S., Ibraimov A., Turuspekov Y., Abugalieva S. Comparative Characterization of Chloroplast Genomes in Twelve *Allium* Species from Kazakhstan 82

Yermagambetova M., Nusupova A., Kruglikova V., Alikhanova A., Almerekova S. Genetic Diversity Assessment of Cucumber (*Cucumis sativus* L.) Collection Using SSR Markers 83

SECTION 4. Genetics and Breeding of Microorganisms

Adilbayeva K., Mendybayeva A., Kostyukova V., Gritsenko D. Genome-wide variant analysis of Tomato brown rugose fruit virus 84

Akishev Zh., Shamsiyeva Y., Tursunbekova A. Production of recombinant bacterial β-galactosidases for lactose hydrolysis and assessing the processes of transglycosylation in the synthesis of prebiotic galacto-oligosaccharides 85

Basharova D., **Bekbaeva A.**, Svyatova G., Darmeshova A., Zholdybaeva E. Трудности генетической интерпретации при подозрении на синдром Альпорта: скрининг мутаций у казахстанских пациентов 86

Dulat B., Makhambetov A., Dairbekova Z., Gritsenko D. High-throughput sequencing-based detection of Tomato ringspot virus 87

Popova V., Akishev Zh., Baltin K., **Khassenov B.** Cloning of the bacillary myo-inositol phosphohydrolase gene, production and characterization of a recombinant enzyme 88

Mussakhmetov A., Astrakhanov M., Khassenov B. From Genome to Function: WGS-Based Identification and Characterization of a Novel GDSL-Esterases from Sporogenic *Bacillus paralicheniformis* T7 89

ATTENDANCE ONLY

SECTION 1. Human genetics

Бармақ С., Орынбаев М., Намет А., Хайруллин Б., Султанкулова К., Мырзахмет А., Түсіпова А., Давлятшин Т. Распространённость аскаридоза в Казахстане 90

Жапар Қ., Габдулкаюм А., Мирманова Ж., Акильжанова А., Ережепов Д. Моногендік эпилепсия кезіндегі BDNF, NF-κB және Nrf2 жолдарының модуляторлары ретіндегі өсімдік текті нейропротекторлар 91

Kalendar R.
A nucleic acid universal purification, isolation method and device 93

Bismildina G., Kachiyeva Z., **Kauysbekov A.** Association of Selected Genetic Polymorphisms with Arterial Hypertension in the Kazakh Population 94

Rakhimova S., Satvaldina N., Sharip A., Tuleutaev M., Molkenov A., Zhukov Yu., Omarov M., Kairov U., Akilzhanova A. MicroRNA–gene interaction networks in Esophageal Squamous Cell Carcinoma 95

Tileules Zh., Tolegenkyzy A., Kachiyeva Z. Association between Genetic Variants and Knee Osteoarthritis Risk: Insights from the Kazakh Population 96

Mussakulova A., **Zhunussova G**. Role of Interleukins IL-17 and IL-38 in Thyroid-Associated Ophthalmopathy 97

SECTION 2. Animal genetics and breeding

Бексеитов Т., Ахметова Б. О полиэстричности и пожизненном многоплодии у казахских овец 98

Бексеитов Т., Веселовский И., Капшакбаева З. Полиморфизм генов CSN3, BLG и PRL и его связь с молочной продуктивностью и сыропригодностью молока симментальской породы коров 104

Jaxybayeva G. Polymorphism of the *PIT-1* gene and its influence on milk productivity of cattle in northern Kazakhstan 108

Orkara Sh., Khamzina A., Sandybayev N., Ibragimov P. Whole-Genome Characterization of Kazakh Fat-Tailed Sheep: A Foundation for Disease Resistance Research 111

Асанбаев Т., Шарапатов Т., Ибраева А., **Поморгайло С.** Качественные показатели пухового волокна горноалтайских пуховых коз в условиях ТОО Агрофирма «Акжар Өндіріс» 113

SECTION 3. Plant genetics and breeding

Astashov A., Astashova T. Screening *Setaria Italica L.* in selection for improved drought tolerance under osmotic stress 118

Dashkevich S., Utebayev M., Chilimova I., Kradetskaya O. Creation of new breeding material of *Psathyrostachys juncea* with low silicon content in pasture mass 119

Дюсибаева Э., Абылкайырова М., Рысбекова А., Зейнуллина А., Сарбасова Н. Достижения селекции и состояние геномных ресурсов проса посевного в условиях Акмолинской области 120

Кипшакбаева Г., Әшірбекова І. Обоснование и адаптационный потенциал возделывания сои (*Glycine max*) в условиях Северного Казахстана 121

Kumarbayeva M., Kokhmetova A., Keishilov Zh., Nurzhuma M., Bolatbekova A., Kharipzhanova A., Bakhytuly K., Kokhmetova As. *In Vitro* Effects of Quinone Outside Inhibitor (QoI) Strobilurin Fungicides on Mycelial Growth of the Wheat Pathogen *Pyrenophora tritici-repentis* 125

Kushanova R., Didorenko S., Kasenov R., Dalibayeva A., Sagit I. Soybean breeding for resistance to seed shattering 126

Ishmuratova M., Smagulov M., **Li K.** Phylogeny of *Ferula* species inferred from ITS2 and *psbA-trnH* (Central Kazakhstan) 127

Нуралов А., Зотова Л., Гаджимурадова А., Жумалин А. Экспрессия генов, ассоциированных с продуктивностью колоса у мягкой пшеницы 129

Raizer O., Tagimanova D., Magzumova S., Khapilina O. Genetic variability of *Rhaponticum carthamoides* based on its barcoding 130

Родионов К., Ситников М. Оценка устойчивости образцов картофеля из коллекции ВИР к возбудителям черной ножки и мягкой (мокрой) гнили 131

Сарбасова Н., Рысбекова А., Зейнуллина А., Дюсибаева Э. Создание исходного материала гречихи (*Fagopyrum esculentum* Moench.) в условиях Акмолинской области 136

Tagimanova D., Raizer O., Oteuli Zh., Khapilina O. Features of seed germination of *Rhaponticum carthamoides* in *in vitro* culture 139

Taskuzhina A., Gritsenko D. Chloroplast Genome Characterization of the Wild Apple *Malus sieversii* from the Northern Tian Shan (Kazakhstan) 140

Tsygankov V., Tsygankov A., Rysbekova A., Tsygankova M., Dyussibayeva E., Tsygankova N. Mechanisms of adaptability and formation of grain yield in various genotypes of millet (*Panicum miliaceum L.)* in the conditions of the dry-steppe zone of Western Kazakhstan 141

Kalybekova Zh., **Tsygankov V.**, Tsygankov A., Zuev E., Tsygankova N. Morphophysiological evaluation of spring wheat assortment for practical drought resistance breeding with genotype identification by *Vrn* and *Ppd* loci 143

Utebayev M., Dashkevich S., Chilimova I., Kradetskaya O. Wheat Omega-Gliadins: Genetic Variability and Their Role in Grain Quality 145

Захарчевный И., Попов В., Иноземцева А. Изучение генов *BGLU* и *UGT*, участвующих в биосинтезе кумаринов донника (*Melilotus* Mill.) 146

Зотова Л., Жумалин А., Гаджимурадова А. Современные молекулярно-генетические подходы в селекции яровой мягкой пшеницы 148

SECTION 4. Genetics and breeding of microorganisms

Anarkulova E., Moldakhanov Y., Alexyuk M., Beketayeva G., Kerimov T., Bogoyavlenskiy A. Complete Genome Sequence of *Bombus cryptarum* Densovirus 149

Bekbayeva A., Kozhakhmetova S.S. Genomic characterization of an enterotoxigenic *Bacteroides fragilis* isolate from Kazakhstan 150

Kozhakhmetova S., Bekbayeva A., Zholdybayeva E., Krivoruchko T., Dashevskaya N. qRT-PCR-based analysis of host pro-inflammatory cytokine gene dysregulation during experimental enterotoxigenic *Bacteroides fragilis* infection under meropenem breakpoint exposure 151

AUTHOR INDEX

A

Abdikerim S. 24
Abdimadiyeva A. 14
Abdrakhmanov A. 53, 65
Abdrakhmanova S. 52
Abduakassov A. 13
Abdullaeva M. 16, 17
Abdulloev F. 69
Abeldenov S. 15
Abilda Zh. 43, 45, 51
Abilova Zh. 7, 62
Abugalieva S. 28, 32, 39, 41, 70, 81, 82
Abylkayirova M. 120
Adilbayeva K. 84
Afonin G. 24
Akhmetova A. 7, 62
Akhmetova B. 98
Akilzhanov K. 7, 23
Akilzhanova A. 7, 22, 23, 42, 53, 56, 57, 58, 60, 61, 62, 63, 65, 91, 95
Akilzhanova G. 7, 23
Akishev Zh. 85, 88
Aldyngurova F. 50
Alexyuk M. 149
Alikhanova A. 71, 83
Almerekova S. 28, 71, 72, 81, 82, 83
Alpatieva N. 73
Altaeva N. 67
Altynbayeva M. 43, 51
Altynova N. 8, 16, 17, 66
Amalova A. 29, 7
Amirgaliyeva A. 16
Anarkulova E. 149
Aripova A. 18
Artygalieva D. 17
Asanbaev T. 113
Ashenova A. 58
Ashirbekova I. 122
Askar D. 67
Askarova Sh. 62
Astashov A. 118
Astashova T. 118
Astrakhanov M. 89
Auelbekova A. 20

B

Baboyev S. 76
Baimagambetov A. 76
Baimbetova G. 39
Bakhytuly K. 36, 125
Baltayev N. 24
Baltin K. 88
Barmak S. 90
Basharova D. 86
Batyrbaeva K. 75
Bayanova M. 21
Begaliyeva D. 26
Bekbaeva A. 86, 150, 151
Bekbossynova M. 7, 23, 57, 63
Beketayeva G. 149
Bekmanov B. 16
Bekseitov T. 98, 104
Bektayev R. 56, 58, 67
Berikkhanova K. 52
Bersimbaev R. 54
Bersimbay R. 18
Bikhanov N. 52
Bismildina G. 94
Bissenova G. 50
Bogoyavlenskiy A. 149
Bolatbekova A. 36, 125

Bulgakova I. 49
Bulgakova O. 18
C
Chalaya N. 73, 74
Chamoieva A. 7, 53, 57, 63
Chen L. 79
Cherkasova E. 30, 35
Childebayeva A. 8, 20, 66
Chilimova I. 119, 145
Chinybayeva A. 65
Choi Kh. 45
Chudinov V. 29, 31
D
Dairbekova Z. 87
Dalibayeva A. 126
Daniyarov A. 7, 22, 54, 57, 58, 61, 62, 63, 67
Darmeshova A. 86
Dashevskaya N. 151
Dashkevich S. 119, 145
Daulbayeva K. 46
Daurov D. 43, 45, 51
Daurova A. 38
Davlyatshin T. 90
Didorenko S. 41, 126
Djansugurova L. 8, 16, 20, 66
Duisenova M. 21
Dulat B. 44, 87
Dusibaeva E. 69, 120, 136
Dyussibayeva E. 141
E
Erezhepov D. 91
Ergali K. 17
Eserkenov A. 76
F
Filippova N. 34, 49
G
Gabdulkayum A. 67, 91, 129, 148
Garshin A. 16, 17
Genievskaya Y. 32
Gerlinskaya L. 27
Gritsenko D. 44, 47, 84, 87, 140
Gurina A. 73
I
Ibragimov P. 111
Ibraimov A. 72, 82
Ibrayeva A. 113
Iksan O. 8, 66
Inozemtseva A. 146
Isgandarov I. 43, 45, 51
Ishmuratova M. 127
Ivanova E. 73
J
Jaxybayeva G. 108
K
Kachiyeva Z. 94, 96
Kaidarova D. 24
Kairov U. 7, 22, 42, 54, 56, 57, 58, 61, 62, 63, 67, 95
Kakhbatkyzy N. 8, 66
Kakimzhanova A. 33
Kalendar R. 55, 56, 93
Kalybekova Zh. 143
Kanat R. 25, 26, 45
Kapshakbaeva 104
Karamendin K. 14, 46
Karimov A. 56, 58
Kasenov R. 126
Kasymbekov Y. 46
Kasymbekova A. 17
Kauysbekov A. 94
Keishilov Zh. 36, 125
Kerimov T. 149
Khairullin B. 90

Khamdieva O. 16
Khamzina A. 111
Khan Y. 14, 46
Khapilina O. 15, 34, 80, 130, 139
Kharipzhanova A. 36, 125
Khassenov B. 15, 88, 89
Khusnidinova M. 47
Khussainova E. 8, 66
Kibalnik O. 30, 35
Kipshakbaeva G. 122
Kokhmetova A. 36, 125
Kokhmetova As. 36, 125
Korbozova N. 80
Kostyukova V. 47, 84
Kozhakhmetov S. 52
Kozhakhmetova S. 150, 151
Kozhamkulov U. 7, 23, 58, 62
Kradetskaya O. 119, 145
Krause J. 8, 66
Krivoruchko T. 151
Kruglikova V. 83
Kudaibergenova M. 21
Kulataeva A. 17, 66
Kulmambetova G. 15
Kulyyasov A. 15
Kumar M. 14
Kumarbaeva M. 36, 125
Kumarbekov Zh. 16
Kusainova A. 18
Kushanova R. 126
Kushugulova A. 62
Kydyrmanov A. 14, 46

L

Lebedeva L. 16, 17
Li K. 127

M

Magzumova S. 80, 13
Mahmood Z. 13
Makhambetov A. 87
Makhmadzhanov S. 72
Manabayeva Sh. 37
Mendigalieva K. 75
Mendybayeva A. 84
Mirmanova Zh. 7, 53, 57, 63, 91
Moldakhanov Y. 149
Molkenov A. 58, 61, 62, 95
Molnar F. 67
Morgunov A. 11
Moshkin M. 27
Muddassar 17
Mukantaev K. 15
Mukhametzhanov K. 36
Murzakhmet A. 90
Musafer A. 22
Musralina L. 8, 16, 17, 66
Mussabayeva B. 50
Mussakhmetov A. 89
Mussakulova A. 24, 97
Mustafayeva A. 8, 20, 66
Mutaliyeva A. 14

N

Namet A. 90
Nazarova L. 21
Nuralibekov S. 14, 46
Nuralov A. 129
Nurtaza A. 33
Nurzhuma M. 36, 125
Nusupova A. 83

O

Omarov M. 95
Ombaev A. 9
Orazaliev N. 76

Ordabayeva A. 58, 61
Orkara Sh. 111
Ortaev A. 72
Orynbaev M. 90
Ostapchuk E. 15
Oteuli Zh. 139

P

Paizulla A. 61
Perfilyeva A. 16
Pisarenko G. 74
Pomorgailo S. 113
Popov V. 146
Popova V. 88
Pozharskiy A. 47

R

Raimbekova N. 20
Raizer O. 34, 130, 139
Rakhimbaeva A. 21
Rakhimova S. 7, 22, 23, 53, 56, 57, 58, 60, 61, 62, 63, 65, 95
Rakhmanov D. 75
Rodionov K. 131
Rogozina E. 73
Romanova A. 64
Rsaliev Sh. 76
Rukavitsina I. 49
Rysbekova A. 120, 136, 141

S

Sabyrzhan T. 14, 46
Sagit I. 126
Salikova S. 21
Samatkyzy D. 7, 22, 23, 61, 67
Sandybayev N. 111
Sapakhova Z. 25, 26, 38
Sarbasova N. 120, 136
Sarbassov D. 7, 42, 58, 62
Sarkytbayev K. 58, 61
Sarmurzina Z. 50
Sartbayeva Zh. 13
Satvaldina N. 42, 56, 57, 60, 63, 95
Savin T. 69, 7
Seisenova A. 56
Serikbay D. 79
Serikzhan A. 62
Shaidullayeva A. 50
Shakhmarova T. 7, 57, 63
Shamekova M. 25, 26, 38, 43, 51
Shamsiyeva Y. 85
Sharapatov T. 113
Sharip A. 56, 58, 95
Shevtsov A. 15
Shoken M. 13
Shtilkind M. 20
Sidorik A. 38
Sitnikov M. 131
Skiba Y. 15
Skvortsova L. 16
Slambekova K. 21
Smagulov M. 127
Solovieva A. 74
Stanova A. 27
Sultan N. 39
Sultankulova K. 90
Svyatova G. 86

T

Tagimanova D. 34, 130, 139
Taigulov E. 52
Tanysheva G. 52
Tarlykov P. 15
Taskuzhina A. 140
Tauekelova A. 23
Terletskaya N. 80
Tileules Zh. 96
Tokhetova L. 39

Tokmurzina S. 8, 20, 66
Tolegenkyzy A. 96
Toleuzhanova A. 64
Tsygankov A. 141, 143
Tsygankov V. 141, 143
Tsygankova M. 141
Tsygankova N. 141, 143
Tugunova Y. 25, 43, 51
Tuleutaev M. 58, 95
Tursunbekova A. 85
Turuspekov Y. 12, 28, 29, 32, 39, 41, 70, 71, 72, 81, 82
Turzhanova A. 80
Tusipova A. 90
Tussipkan D. 40

U

Usserbayev A. 14
Utebayev M. 119, 145
Utupova A. 21

V

Valishayeva D. 22, 65
Vassilyeva V. 49
Veselovsky I. 104
Volkov D. 38

Y

Yanin K. 26
Yeltaeva Sh. 21
Yerbay M. 80
Yerbolatov D. 81
Yerezhepov D. 62
Yergali K. 16
Yermagambetova M. 28, 72, 81, 82, 83
Yermekbayev K. 13

Z

Zakharchevny I. 146
Zakirov Y. 52
Zatybekov A. 41
Zeinullina A. 120, 136
Zhakenov D. 50
Zhakupova T. 7
Zhalbinova M. 7, 22, 23, 53, 57, 63, 65
Zhambakin K. 25, 38
Zhanbyrshyna N. 75
Zhaniyazov Zh. 8, 16, 20, 66
Zhansugirova L. 17
Zhapar K. 42, 91
Zhilkaidarov A. 52
Zholdybaeva E. 15, 64, 86, 151
Zhukov Y. 58, 95
Zhumalin A. 129, 148
Zhunussova G. 16, 24, 97
Zinollaeva A. 21
Zotova L. 69, 79, 129, 148
Zuev E. 143

Sponsors:

Advena LLP

010018, Казахстан, Астана, ул. Алихана Бокейхана, 11
+7 705 182 11 07
Telegram: @ADVENA_LSG
Тел: +77051821107
Email: info@advena-bio.com

TechPrime LLP

Есильский район,
Улица Ханов Керея и Жанибека, 18
Алматы, Казахстан
Tel: +77070420841
Email: info@techprime.kz

ZALMA Ltd

ул.Богенбай Батыра, 305 а
Алматы, Kazakhstan
Тел: +77010790603;
Email: info@zalma.org

@ADVENA_LSG
advena
Life Sciences & Biotechnology
Наши направления
Cell Biology
Protein Analysis & Biotechnology
Molecular Biology
Base Equipment
Наши партнеры
logos biosystems
NimaGen.
NEW ENGLAND Biolabs
QIAGEN
MERCK
R&D SYSTEMS
SONY Sony Biotechnology Inc.
hanil
SARSTEDT
KLAB Keen Innovative Solutions
Cell Signaling TECHNOLOGY
MABTECH
AXION BIOSYSTEMS
iCLUEBIO
+7 705 182 11 07
info@advena-bio.com
advena-bio.com

TechPrime — специализированная компания, предоставляющая комплексные решения для лабораторий в области молекулярной биологии, генетики и биомедицины.

Компания осуществляет поставку современного оборудования, реагентов и расходных материалов для научно-исследовательских, медицинских и ветеринарных лабораторий. Основной фокус деятельности — внедрение и сопровождение передовых молекулярно-генетических технологий, включая **long-read секвенирование на платформах Oxford Nanopore Technologies**, цифровую ПЦР (dPCR), а также решения для генотипирования (в том числе системы Genetitan на базе оборудования Thermo Fisher Scientific).

TechPrime является официальным дистрибьютором:

- Oxford Nanopore Technologies
- Diagenode
- SeekGene
- ECOM

Также компания осуществляет поставки продукции следующих производителей:

- New England Biolabs
- Thermo Fisher Scientific (Animal Health)
- NimaGen
- Pluslife
- Shimadzu
- Hanon Instruments

Компания также оказывает экспертную поддержку на всех этапах внедрения и выполнения исследований, включая:

- планирование экспериментов (experimental design)
- подбор и оптимизацию протоколов пробоподготовки
- внедрение методик в лаборатории (workflow setup)
- обучение персонала и методическое сопровождение со стороны FAS-специалистов

TechPrime обеспечивает end-to-end поддержку клиентов — от выбора технологии и запуска метода до его рутинного применения в лабораторной практике.

techprime.kz

info@techprime.kz

TechPrime is a specialized provider of integrated solutions for laboratories in molecular biology, genetics, and biomedicine.

The company supplies advanced equipment, reagents, and consumables for research, clinical, and veterinary laboratories. Its core focus is the implementation and support of advanced molecular genetic technologies, including long-read sequencing on platforms by Oxford Nanopore Technologies, digital PCR (dPCR), as well as genotyping solutions (including Genetitan systems based on Thermo Fisher Scientific platforms).

TechPrime is an official distributor of:

- Oxford Nanopore Technologies
- Diagenode
- SeekGene
- ECOM

The company also supplies products from the following manufacturers:

- New England Biolabs
- Thermo Fisher Scientific (Animal Health)
- NimaGen
- Pluslife
- Shimadzu
- Hanon Instruments

The company provides expert support across all stages of implementation and experimental workflows, including:

- experimental design
- selection and optimization of sample preparation protocols
- workflow setup and method implementation
- user training and ongoing support by Field Application Specialists (FAS)

TechPrime delivers end-to-end support — from technology selection and method launch to routine implementation in laboratory practice.

techprime.kz

info@techprime.kz

ZALMA

Компания "Zalma LTD" - одна из самых быстро развивающихся и надежных компаний на Казахстанском рынке лабораторной техники. Основным направлением нашей деятельности является внедрение передовых лабораторных технологий, подготовка и реализация системных решений для отечественных лабораторий.

Под «системными решениями» мы понимаем комплексное оснащение конкретной лаборатории сложным специализированным и общелабораторным оборудованием, лабораторной мебелью, посудой, аксессуарами и расходными материалами; методическую и сервисную (гарантийную и послегарантийную) поддержку, обучение персонала лаборатории, как на базе заказчика, так и на базе производителя оборудования; проведение проектирования, помощь в получении всех необходимых разрешительных документов и государственной аккредитации лаборатории.

Несомненным конкурентным преимуществом нашей команды является понимание основных задач, стоящих перед нашими заказчиками, и применение максимально эффективного и конструктивного подхода к их успешному решению. Это достигается, с одной стороны, благодаря высокому профессионализму наших сотрудников, с другой стороны, благодаря нашим надежным поставщикам, ведущим зарубежным производителям лабораторного оборудования и материалов, среди которых такие известные во всем мире бренды, как **Applied Biosystems™, Invitrogen™, Affymetrix™, Gibco™, Molecular Probes™, eBioscience™ and Ion Torrent™** и многие другие. Наш главный поставщик - **Thermo Fisher Scientific** - предлагает широкий спектр продукции и услуг, от оборудования до повседневных лабораторных материалов, гарантирует качество и производительность для каждой лаборатории, каждого приложения.

ThermoFisher SCIENTIFIC AB Applied Biosystems

У нас стабильные хорошие отношения с нашими поставщиками, но мы постоянно ищем новые возможности для диверсификации и открыты для сотрудничества с новыми партнерами. Мы плодотворно сотрудничаем с различными лабораториями медицинской, судебной, аграрной и пищевой отраслей, а также с различными научно-исследовательскими институтами, органами контроля качества и стандартизации, международными организациями и фондами. Специалистами нашей компании реализован целый ряд масштабных проектов, которые получили высокую оценку многих государственных структур и корпоративных клиентов.

Сотрудники нашего сервисного отдела проходят регулярное обучение на тренингах компаний-производителей. Наши сервисные инженеры сертифицированы на проведение IQ, OQ/PQ, ремонта и регулярного сервисного обслуживания.

Различные исследования в генетике и клеточной биологии производятся на базе нашей демонстрационной лаборатории, в г. Алматы. Сотрудниками отдела научной и методической поддержки компании разрабатываются новые методики анализа.

Компания «Zalma LTD» регулярно организует научно-практические семинары, посвященные использованию современного генетического и аналитического оборудования. Мы активно участвуем в выставках, семинарах и конференциях, которые соответствуют нашим профессиональным интересам.

Мы знаем и понимаем задачи, стоящие перед нашими заказчиками и внимательно следим за развитием рынка передовых лабораторных технологий, старясь максимально быстро внедрять новейшие технологии в практику работы отечественных лабораторий; всегда готовы оказать максимальное содействие и поддержку в системном и комплексном решении задач, стоящих перед нашими партнерами и заказчиками.

РЕШЕНИЯ ДЛЯ ГЕНОТИПИРОВАНИЯ В АГРОГЕНОМИКЕ

Легкие, гибкие, автоматизированные решения для ускорения наших программ геномного отбора и селекции. Единая платформа для каждого этапа исследования.

Решения для генотипироваия в Агрогеномике от Affymetrix обеспечивает селекционеров и ученых мощным и гибким набором инструментов генотипирования для экономически эффективной идентификации, проверки и скрининга сложных генетических признаков у растений и животных.

Инструменты для генетического анализа Affymetrix дают Вам возможность:

- Определять генетическое разнообразие de novo посредством технологий генетического анализа
- Делать анализ структуры популяции
- Определять генетические маркеры, связанные с желаемыми признаками
- Подтверждать ассоциации маркеров-признаков
- Понимать генетическую адаптацию к окружающей среде
- Использовать генетическую информацию для контроля желаемых результатов
- Проводить отбор растений и животных для желаемых признаков
- Ускорить генетический прогресс с высокой точностью

ПРЕИМУЩЕСТВА ГЕНОТИПИРОВАНИЯ НА ОСНОВЕ МАТРИЦ

Доступность

- Экономичные инструменты генотипирования

affymetrix
Biology for a better world

Упрощенные инструменты для генотипирования

- Объединяйте несколько приложений для генотипирования на одной технологической платформе
- Прост в использовании и простой рабочий процесс
- Получайте точные ответы генотипирования в течение нескольких часов

Гибкость

- Высокопроизводительные инструменты генотипирования для приложений в таргет генотипировании и генотипировании с высокой плотностью
- Анализ для безусловного генотипирования **всех** соответствующих маркеров, представляющих интерес
- Низкая приверженность выборке

Продукция для генотипирования на основе матриц от Affymetrix предлагает комплексные решения для приложений от геномного анализа до рутинного скрининга с высокой точностью и воспроизводимостью, простотой рабочего процесса и низкой стоимостью.

РЕШЕНИЯ ДЛЯ ГЕНОТИПИРОВАНИЯ AXIOM - Ускорьте процесс ассоциации фенотип-признака и их отбора с надежной технологией

Решения для генотипирования для агрогеномики включает матрицы с генотип-тестированным материалом из геномной базы данных Axiom® или de novo маркеры, которые важны для Вас.

Генотип-тестированные или недавно обнаруженные ОНП

Индивидуальная консультация по дизайну

Предварительно сконструированне и пользовательские матрицы Axiom

96 или 384 образцов на планшетее

Решения для подготовки таргета (мишени)Axiom

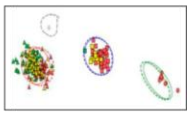
Доступны ручные и автоматические параметры

Набор реагентов Axiom

Прочный и надежный анализ

Инструмент GeneTitan

Обработка матриц без рук и получение снимков

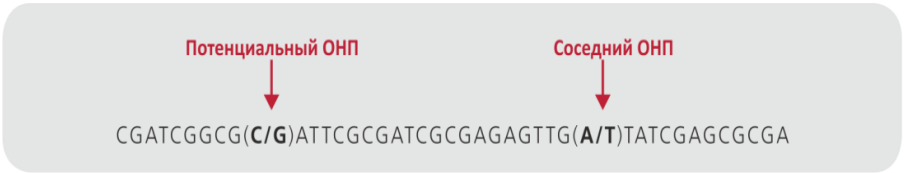


Программное обеспечение генотипирования Console™ и инструменты Affymetrix

Программное обеспечения для анализа генотипирования

Мощный

- Генотипируйте любые виды, любого размера генома и уровня
- Анализ Axiom® определяет инсерции/делеции и гарантирует включение всех потенциальных ОНП с соседними ОНП в пределах 20 н.п., что позволяет более эффективный анализ ЛКП



Обе ОНП можно генотипировать с помощью анализа Axiom

Надежный

- Можно генотипировать с 100 нг выделенного ДНК из различного вида образцов

- Коэффициенты генотипирования ≥99%

Масштабируемый

- Полностью автоматизированный рабочий процесс с возможностью обработки до 8 образцов в неделю с помощью одного прибора GeneTitan® MC
- Высокопроизводительный и гибкий дизайн матрицы для 96 или 384 образцов на планшет

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ РАСТЕНИЙ

Получите доступ к экспертным дизайнам для интересующих вас видов

Affymetrix сотрудничает с учеными из научно-исследовательских институтов и коммерческих семеноводческих компаний для дизайна матриц для различных растений, включая картофель, соя, клубника, пшеница, кукуруза и декоративные растения.

Рабочий процесс Axiom® обеспечивает автоматизированное программное обеспечение для определения генотипов, устраняя утомительный ручной процесс определения генотипов.

- Программное обеспечение Axiom® предлагает адаптивную динамическую кластеризацию, которая использует статистические методы для точного генотипирования диплоидных и полиплоидных видов
- Пользовательские матрицы для генотипирования Axiom myDesign™ могут быть использованы для исслдеований по валидации секвенирования, полного, и рутинного генотипирования для селекционныз целей.

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ ЖИВОТНЫХ

Выберите из нашего каталога матрицу высокой плотности

Матрица для полногеномного генотипирования куриц Axiom®

- Набор для генотипирования с высокой плотностью для куриц, который доступен для общественного использования, предназначен для бройлеров, несушек белых яйц, несушек коричневых яиц и беспородных некоммерческих пород,
- Набор разработан в сотрудничестве с проектом German Synbreed, финансируемый BMBF в рамках частно-государственного партнерства, которое включает проект LINK, финансируемый BBSRC, между Институтом Рослина, Aviagen Ltd, Hy-Line International и Affymetrix.

BOS 1 матрица для полногеномного генотипирования КРС Axiom®

- Наивысший геномный охват для Bos taurus, Bos indicus с большим количеством пород Зебу и более пригодными ОНП для вашего использования,
- Разработанная в сотрудничестве с 10 ведущими исследователями крупного рогатого скота и с помощью базы данных Affymetrix’ по 3 млн. генотип-тестированных ОНП,

- Интеллектуальная матрица, которая использует стратегию выбора ОНП на основе блоков гаплотипов.

Матрица для генотипирования буйволов Axiom

Предназначена для широкого спектра применений: от комплексных исследований признаков и молекулярной селекции до сохранения и биоразнообразия

- Включает общие и редкие маркеры водяного буйвола (*B. Bubalis bubalis*),
- Представлены многочисленные породы — Mediterranean, Murrah, Jaffarabadi, and Nili-Ravi.

ПРИБОР GENETITAN – ПЕРВЫЙ И ЕДИНСТВЕННЫЙ ПОЛНОСТЬЮ ИНТЕГРИРОВАННЫЙ ИНСТРУМЕНТ МИКРОЧИПОВ ДЛЯ БЕЗ РУЧНОЙ ОБРАБОТКИ МАТРИЦ

Трансформируйте свою лабораторию с инструментом GeneTitan и ощутите непревзойденную мощь оптимизации обработки матриц для обнаружения, исследовани и скрининга. Оба инструмента, GeneTitan для экспрессии и GeneTitan® Multi-Channel (MC) Instrument для экспрессии и генотипирования плавно интегрируют процессы гибридизации, промывки и визуализации в единый инструмент для обеспечения без ручной обработки процессов array - независимо от того, выполняете ли вы основные или прикладные исследования.

- **Масштабируемость** – Соответствует потребностям как средне, так и высокопроизводительной способности, обеспечивает самое быстрое получение данных и требует минимальных ресурсов.
- Эффективность – Сокращает время обработки до 30 минут, дает снимки матриц менее чем за пять минут и работает без присмотра в течение ночи.
- Гибкость – Поддерживает исследования экспрессии генов и генотипирования на многоформатных матричных планшетах.
- Точность – Каждый раз обеспечивает высокое качество согласованных данных путем обработки нескольких выборок при одинаковых условиях.
- Адаптационность – Создает гибкие рабочие процессы и регистрацию образцов с помощью Программного обеспечения (AGCC) Affymetrix® GeneChip® Command Console® .

Гибкость, которую Вы желаете – множество форматов и индивидуальные решения для исследований экспрессии генов и генотипирования

GeneTitan® Instruments вместе с индустриально-признанными высокопроизводительными матричными планшетами Affymetrix®) обеспечивает первое не ручное, автоматизированное решение для обработки микрочипов. Благодаря широкому выбору форматов матричных планшетов вы можете легко перейти от открытий с помощью полногеномного генотипирования ОНП, к комплексным исследованиям профилей экспрессии генов, относящихся к важным биологическим фенотипам, таким как ответная реакция на препараты или заболевания.

Предварительно сконструированные и настраиваемые матричные планшеты, для 24- и 96-форматов, обеспечивают высочайшую производительность с масштабируемой производительностью .

GeneTitan Instruments вместе с Affymetrix Array Plates предоставляют широкий ассортимент применения в исследованиях генной экспрессии и генотипирования.

Множество форматов:

- **Affymetrix матричные планшеты для экспрессии** идеально подходят для лабораторий средней и высокой производительности; Доступны в форматах для 16-, 24- 96 образцов;
- **Axiom® матричные планшеты для генотипирования** доступны в нескольких форматах, для обработки от 24 до 96 образцов на планшету.

Масштабируемая производительность :

- **Процесс от 16 до 192 образцов в день.** Позволяет увеличить масштаб производительности без дополнительной рабочей силы или инструментов,
- **Достижение высокой производительности.** Матричные планшеты сокращают время ручной обработки, сводят к минимуму вмешательство пользователя и обрабатываются без присмотра в течение ночи.

Индивидуальные решения:

- **Матричные планшеты для экспресии MyGeneChip™** Индивидуальные решения для человеческих и модельных и прикладных исследовательских организмов,
- **Матричные планшеты генотипирования Axiom® myDesign™** Геномный охват специально сконструированный для человеческих и агрокультурных популяций, с фокусом на интересующие Вас ОНП.