



National Institute of Genetics

27 February, 2024

REVIEW

of the scientific consultant on the dissertation work of PhD-doctorate student Amandykova Makpal on the topic "Genetic diversity and genome variation study of populations of Kazakhstan camels", submitted to the competition for the degree of Doctor of Philosophy (PhD) in the specialty 6D070100 Biotechnology

The dissertation is devoted to the study of the genetic diversity and genome of camel populations in Kazakhstan, assessment of their interspecific distance, and comparative analysis of their genealogy.

The study of camel genetics holds significant relevance in various aspects of agriculture, biodiversity conservation, and human welfare. Understanding the genetic makeup of camels not only enhances our comprehension of their evolutionary history but also informs efforts to improve their resilience, productivity, and welfare. One crucial area of research within camel genetics is the identification and characterization of genes responsible for milk production. Camel milk, renowned for its nutritional value and medicinal properties, serves as a vital source of sustenance and income for many communities in arid regions. By elucidating the genetic basis of milk production traits, researchers aim to facilitate selective breeding programs aimed at enhancing camel milk yield and quality, thereby bolstering food security and economic development in camel-rearing regions. Camel milk casein protein genes (*CSN2*, *CSN3*, *CSN1S1*) are an excellent model for studying camel milk production traits.

Advancements in whole-genome sequencing technology have revolutionized our ability to explore the genetic architecture of camels at unprecedented resolution. By comparing the whole genome sequencing data of distinct camel species, including the dromedary camel (*Camelus dromedarius*), the Bactrian camel (*Camelus bactrianus*), the critically endangered wild camel (*Camelus ferus*), and hybrids resulting from interspecific crosses, researchers can unravel the intricate patterns of genetic variation, population structure, and evolutionary relationships among these taxa. Comparative genomic analyses provide valuable information on genomic regions under selection, genes associated with adaptive traits, and genetic mechanisms underlying phenotypic variation, such as heat tolerance, disease resistance, and milk production. This is especially important when studying hybrid camels. Investigating the genetics of hybrid camels contributes to our understanding of speciation processes, genetic exchange between divergent lineages, and the potential for harnessing hybrid vigor in livestock breeding programs.

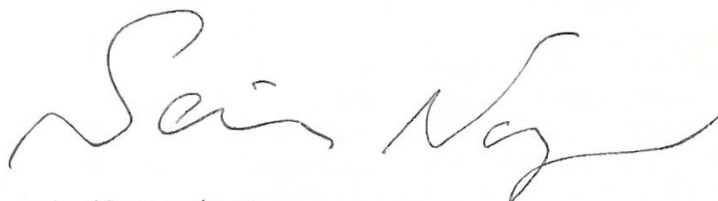
In this regard, I believe that the presented topic of the dissertation work "Genetic diversity and genome variation study of populations of Kazakhstan camels" is relevant and is of great scientific and practical importance.

The presented work is complex, as it consists of several stages including genotyping of camels for three genes of milk production, statistical processing of genotyping data, bioinformatics analysis of whole-genome sequencing of one-humped, two-humped, hybrid, and wild camels, description of their genetic structure and phylogeny.

The dissertation work demonstrates a thorough approach to data collection, utilizing both traditional and modern molecular techniques. The inclusion of samples from various regions of Kazakhstan provides a representative sample set for analysis, enhancing the robustness of the findings. The use of advanced bioinformatics tools and statistical analyses is commendable. The application of population genetics methods such as allele frequency analysis, genetic distance measurements, and phylogenetic reconstruction allows for a detailed examination of genetic relationships among camel populations. The presentation of results is clear and concise, facilitating easy comprehension of complex genetic concepts. The dissertation work titled "Genetic diversity and genome variation study of populations of Kazakhstan camels" by Amandykova M.D. represents a commendable effort to investigate an important aspect of biodiversity in Kazakhstan. The study offers valuable insights into the genetic makeup of camel populations and lays the groundwork for future research in this field. The thesis has the potential to make a significant contribution to both scientific knowledge and conservation efforts related to Kazakhstan camels.

It should also be noted that the completed dissertation work is of great theoretical and practical importance, which is confirmed by the presence of 7 published printed works, including 2 articles in peer-reviewed scientific journals included in the Web of Science and Scopus databases with a Q2 index; 2 articles in domestic periodical journals recommended by the Committee for Quality Assurance in the Field of Science and Higher Education of the Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan; 3 theses were published in the proceedings of the international conferences. Based on the results of the dissertation work, 2 implementation certificates were received.

Thus, I believe that the dissertation under consideration meets all the requirements for a PhD dissertation for the degree of Doctor of Philosophy (PhD). The presented dissertation is completely ready for defense.



Scientific consultant:

Saitou Naruya

Specially Appointed Professor, SAITOU Naruya Laboratory,
National Institute of Genetics, Mishima, Japan

Visiting Professor, the University of Ryukyus Medical School

Address: 1111 Yata, Mishima, 411-8540, Japan

Phone/Fax: +81-55-981-6790/6789

Email: saitounr@nig.ac.jp

Website: <http://www.saitou-naruya-laboratory.org/>

Генетика ұлттық институты

27 ақпан 2024 жыл

ШОЛУ

PhD докторанты Амандыкова Макпалдың «Қазақстан түйелері популяцияларының генетикалық әртүрлілігі мен геномын зерттеу» 6D070100 Биотехнология мамандығы бойынша Философия Докторы (PhD) ғылыми дәрежесін алу үшін ұсынылған диссертациялық жұмысы бойынша ғылыми кеңесшінің шолуы

Диссертация Қазақстандағы түйе популяцияларының генетикалық әртүрлілігі мен геномын зерттеуге, олардың тұраралық қашықтығын бағалауға және филогенетикасын салыстырмалы талдауға арналған.

Түйелер генетикасын зерттеу ауылшаруашылығында, биоалуантүрлілікті сақтауда және адамның әл-ауқатының әртүрлі аспектілерінде үлкен маңызға ие. Түйелердің генетикалық құрылымын түсіну олардың эволюциялық тарихы туралы түсінігімізді арттырып қана қоймайды, сонымен қатар, олардың сыртқы орта жағдайларына төзімділігін, өнімділік қасиеттерін және тіршілік жағдайларын жақсарту бағытында құндымәліметтер береді. Түйелер генетикасын зерттеудің маңызды бағыттарының бірі - сүтті өнімділікке жауапты гендерді анықтап сипаттау болып табылады. Тағамдық құндылығымен және емдік қасиеттерімен танымал түйе сүті құрғақ аймақтарда азық-түлік пен табыстың маңызды көзі болып табылады. Сүтті өнімділік белгілерінің генетикалық негіздерін түсіндіре отырып, зерттеушілер түйе сүтінің өнімділігі мен сапасын арттыруға, осылайша, түйелерді өсіретін аймақтардағы азық-түлік қауіпсіздігі мен экономикалық дамуды нығайтуға бағытталған селекциялық бағдарламаларды онтайландыруға тырысады. Түйе сүтінің казеин белоктарының гендері (*CSN2*, *CSN3*, *CSN1S1*) түйе сүті өндірісінің ерекшеліктерін зерттеуге арналған тамаша үлгі болып табылады.

Толықгеномдық секвенирлеу технологиясының жетістіктері түйелердің генетикалық құрылымын терең зерттеуге мүмкіндік берді. Дромедар түйелері (*Camelus dromedarius*), бактриан түйелері (*Camelus bactrianus*), жойылып кету қаупі үстіндегі жабайы түйелер (*Camelus ferus*) және тұраралық шағылыстыру жолымен алынғангибрид түйелердің толықгеномдық секвенирлеу нәтижелерін салыстыра отырып, зерттеушілер осы таксондар арасындағы генетикалық әртүрліліктің, популяция құрылымының және эволюциялық байланыстың заңдылықтарын анықтай алады. Салыстырмалы геномдық талдаулар селекцияда пайдаланылатын геномдық аймақтар, сыртқы ортаға бейімділік белгілері, ыстық климатқа және ауруларға төзімділік, сүтті өнімділікпен байланысты фенотиптік әртүрліліктің негізінде жатқан генетикалық механизмдер туралы құнды ақпарат береді. Бұл, әсіресе, гибриді түйелерді зерттеу кезінде өте маңызды. Гибриді түйелердің генетикасын зерттеу түрлердің түр ретінде қалыптасу процесін, түрлер арасындағы генетикалық ақпарат алмасу ерекшеліктерін және мал шаруашылығы бағдарламаларында гибридизацияны пайдалану мүмкіндіктерін түсінуге мүмкіндік береді.

Осыған байланысты «Қазақстан түйелері популяцияларының генетикалық әртүрлілігі мен геномын зерттеу» тақырыбындағы диссертациялық жұмыс өзекті болып табылады және ғылыми-практикалық маңызға ие деп санаймын.

Ұсынылған зерттеу жұмысы күрделі болып келеді және бірнеше кезеңнен тұрады, соның ішінде, түйелерді сүтті өнімділікке жауапты үш ген бойынша генотиптеу, генотиптеу деректерін статистикалық өңдеу, бірөркешті, екіөркешті, гибриді және жабайы түйелердің толықгеномдық секвенирлеу деректерін биоинформатикалық әдістермен талдау, олардың генетикалық құрылымы мен филогениясын сипаттау.

Бұл диссертациялық жұмыста дәстүрлі және заманауи молекулалық әдістер қолданылған және зерттеу материалдарын жинауға мұқият көңіл бөлінген. Зерттеу

материалдарының Қазақстанның әртүрлі өңірлерінен жиналуы оларды талдау үшін пайдалануға тиімді етеді және зерттеу нәтижелерінің сенімділігін арттырады. Биоинформатика мен статистикалық талдаудың озық әдістерін пайдалану диссертациялық жұмысты жоғары бағалауға лайық. Аллельдер жиілігін талдау, генетикалық қашықтықты анықтау және филогенетикалық талдау сияқты популяциялық-генетикалық әдістерді қолдану түйелер популяциялары арасындағы генетикалық қатынастарды терең зерттеуге мүмкіндік береді. Диссертация нәтижелері анық және жинақы сипатталған, күрделі генетикалық ұғымдар түсінікті тілде жеткізілген. М.Д. Амандыкованың «Қазақстан түйелері популяцияларының генетикалық әртүрлілігі мен геномын зерттеу» атты диссертациялық жұмысы Қазақстандағы биоалуантүрлілікті зерттеудегі маңызды аспект болып табылады. Зерттеу нәтижелері түйелер популяцияларының генетикалық құрылымы туралы құнды ақпарат береді және осы саладағы болашақ зерттеулердің негізін қалайды, диссертация нәтижелері ғылымға да, Қазақстан түйелерінің әртүрлілігін сақтау бағытындағы практикалық қолданыста да айтарлықтай үлес қосады.

Диссертациялық жұмыстың үлкен теориялық және практикалық маңызы бар екенін атап өткен жөн, бұл диссертация нәтижелерінің 7 жарияланған баспа жұмыстарында шығуымен расталады, оның ішінде, Q2 индексі бар *Web of Science* және *Scopus* дерекқорларына енгізілген рецензияланатын ғылыми журналдарда 2 мақала; ғылым саласындағы сапаны қамтамасыз ету Комитеті ұсынған отандық мерзімді басылымдарда 2 мақала; халықаралық конференциялар материалдарының жинақтарында 3 тезис жарияланды. Диссертациялық жұмыстың нәтижелері бойынша 2 қолданысқа енгізу туралы шешім алынды.

Осылайша, қарастырылып отырған диссертация философия докторы (PhD) ғылыми дәрежесін алу үшін диссертацияларға қойылатын барлық талаптарға сәйкес келеді деп санаймын. Ұсынылған диссертация қорғауға толығымен дайын.

Ғылыми кеңесші: / қолы/

Сайто Наруя

Арнайы тағайындалған профессор, САЙТО Наруя зертханасы,

Генетика ұлттық институты, Мисима, Жапония

Қонақ профессор, Рюкю Университетінің Медицина мектебі

Мекенжайы: 1111 Ята, Мишима, 411-8540, Жапония

Телефон / факс: +81-55-981-6790 / 6789

Электрондық пошта: saitounr@nig.ac.jp

Веб-сайт: <http://www.saitou-naruya-laboratory.org/>

Осымен орыс тілінен ағылшын тіліне аударманы мен, ЖК «М КОНСАЛТ» аударма бюросының аудармашысы Утегенова Аналық Кабдрахмановна, ИИН790901400344, ҚР, Астана қаласы, Есіл ауданы, Ақ мешіт к-сі, 9/2, 9п 9, жасағандығым расталады.

Утегенова Аналық Кабдрахмановна



"06" наурыз 2024 жылы.

Мен Тойкина Асем Абзаловна, Алматы қаласы нотариаттық аумағының, мемлекеттік лицензия №0000392 Қазақстан Республикасы Әділет Министрлігінің Тіркеу қызметі және құқықтық көмек көрсету комитетімен 01.02.2006 жылы берген, нотариусы аудармашы Утегенова Аналық Кабдрахмановнаның қолының түпнұсқалығын куәландырамын.

Аудармашының жеке басы анықталды, әрекетке қабілеттілігі және өкілеттілігі тексерілді.

Тізілімде №226 тіркелді
Өндірілді: 111+1846 теңге
Нотариус: _____ Тойкина А.А.



ES0906881070009105832V7590178

Нотариаттық іс-әрекеттің бірегей нөмірі / Уникальный номер нотариального действия