

ӘЛ-ФАРАБИ АТЫНДАҒЫ ҚАЗАҚ ҰЛТТЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ
КАЗАХСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ АЛЬ-ФАРАБИ
AL-FARABI KAZAKH NATIONAL UNIVERSITY

Биология және биотехнология факультеті
Факультет биологии и биотехнологии

VI ХАЛЫҚАРАЛЫҚ
ФАРАБИ ОҚУЛАРЫ
Алматы, Қазақстан, 2-12 сәуір, 2019 жыл

Студенттер мен жас ғалымдардың
"ФАРАБИ ӘЛЕМІ"
атты халықаралық ғылыми конференция
МАТЕРИАЛДАРЫ
Алматы, Қазақстан, 9-10 сәуір 2019 жыл

VI МЕЖДУНАРОДНЫЕ
ФАРАБИЕВСКИЕ ЧТЕНИЯ
Алматы, Казакстан, 2-12 апреля 2019 года

МАТЕРИАЛЫ
международной научной конференции
студентов и молодых ученых
"ФАРАБИ ӘЛЕМІ"
Алматы, Казахстан, 9-10 апреля 2019 года

VI INTERNATIONAL FARABI READINGS
Almaty, Kazakhstan, 2-12 April 2019

MATERIALS
of International Scientific Conference
of Students and Young Scientists
Almaty, Kazakhstan, April 9-10, 2019

Алматы
"Қазақ университеті"
2019

Бірақ оны зерттеуге технологиялар дамуымен ғана - ДНҚ-амплификацияның (ПТР әдісі) пайда болуымен, кейін мүлдем басқа деңгейде көруге толық геномды секвенирлеу әдісімен байланысты.

Ежелгі патогендерді зерттеу, олардың эволюция жолдарын түсініп қана қоймай, микроскопиялық жауымызға болашақта төтеп беру үшін маңызды. Молекулярлы генетиканың ДНҚ зерттеудің жаңа технологиялар дамуымен, биоинформатика мен статистикалық әдістерді қолдана отырып, археологиялық материалдарды зерттеуде палеогенетика атауымен белгілі пәнаралық саласы дамып келуде. Адамдарда эпидемиялық инфекциялық ауруларды тудыратын микроағзаларға қатысты қызығушылық тек палеонтологиялық қана емес, археологиялық материалдармен өте тығыз байланысты. Анықталғандай, инфекциялық аурулар бактеремиямен (яғни қоздырғыштың қанға енуі), мысалы, оба патогендері, іш сүзегі және т.б. сияқты патогендер, қан арқылы тістің пульпасына енеді. Осы патогенділердің ДНҚ науқастың қайтыс болғаннан кейін пульпада сақталынады. Тістің анатомиялық құрылым ерекшелітерінен бөтен микроағзалардың енуіне кедергі болады. Соған байланысты, тістер - патогендік микроағзалардың ежелгі ДНҚ зерделеу үшін керемет үлгі.

ДНҚ фрагментациясын заманауи зерттеулер көмегімен ұзындығы 50-70 нуклеотидті қысқа фрагменттерді талдау арқылы жеңді. Сонымен қатар, Институтымыздағы толық геномды секвенирлеуге мүмкіндік беретін қондырғының болуы ежелгі ДНҚ талдауда маңызы сөзсіз. Алайда, ежелгі ДНҚ қазіргі ДНҚ-мен контаминациясы үлкен проблеманы құрайды. Біз олармен, үлгіні алудан бастап, зертханамызды жұмыс істеуге сәйкестендіріп, жұмыс орнын тазалауы, үлгінің механикалық және химиялық әдістермен деконтаминациялауы т.б. жолдармен күресеміз.

Әртүрлі микроағзалардың ежелгі патогендік штамдары мен заманауи штамдардың геномдары арасындағы айырмашылықтарды табу ықтималдығын арттыратын ежелгі ДНҚ зерттеу жоспарлануда. Қазіргі кезде антропологтар мен археологтардан Орталық Азия мен Қазақстанда табылған 200 жуық б.з.д. III ғасыр мен б.з. IV ғасырдың ежелгі адамдардың тіс үлгілері жиналды.

Ғылыми жетекшісі: б.ғ.к., профессор Жансүгірова Л.Б.

ЕЖЕЛГІ ДНҚ ЗЕРТТЕУДІҢ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ

^{1,2} Мусралина Л.З., ¹Жүнісова Г.С., ¹Хусаинова Ә.М., ^{1,2}Жансүгірова Л.Б.

¹Әл-Фараби атындағы Қазақ Ұлттық Университеті, Биология және биотехнология факультеті, Қазақстан Республикасы, Алматы қаласы

²Жалпы генетика және цитология институты, Қазақстан Республикасы, Алматы қаласы
musralinal@gmail.com

Мұражай үлгілері, археологиялық және палеонтологиялық зерттеулерден алынған ежелгі ДНҚ-дан митохондриялық ДНҚ қысқа фрагменттерінің нуклеотидтердің тізбегін анықтау арқылы 25 жыл бұрын дами бастады. Нуклеин қышқылдарын алу және талдау әдістерін әзірлеу, ежелгі қалдықтардағы толық митохондриялық геномдарды қалпына келтіруге мүмкіндік берді. Бұл организмдердің өздері туралы ғана емес, ондаған мың жыл бұрын жойылған, сонымен қатар олардың популяциясы мен эволюциясы туралы тұжырымдар жасалынды. Қазіргі кезде жойылған организмдердің ядролық геномын зерттеуге мүмкіндік туып (мамонт, неандертальдық), және олардың фенотиптік белгілері туралы қорытынды жасауға болады екен. Ежелгі ДНҚ-ның зерттелуі эволюциялық гипотезаларды тексеруге ыңғайлы құралы болып қалды. Адамның қалдықтарынан ДНҚ зерттеуіне айрықша көңіл бөлінеді, бұл ежелгі адамдардың әртүрлі популяциясы арасындағы қарым-қатынас тарихын қалпына келтіруге мүмкіндік береді. Сонымен қатар, ол кездегі адамдардағы патогенді микроағзаларды зерттеудің басты құралы.

Ежелгі ДНҚ пәнаралық зерттеуде маңызы зор. Ол археология, антропология, тарих, криминалистика, медицина т.б. салаларын молекулалық генетика әдістерін қолдана отырып, көптеген сұрақтарға жауап беруге мүмкіндігі туындады. Әсіресе заманауи технологиялар дамуымен және осы салада үлесі зор ғалымдардың жұмыс істеу нәтижелері, биоинформатика саласының дамуы және ежелгі ДНҚ мен қазіргі ДНҚ бөлу бойынша зертханалардың дұрыс орнықтыру нәтижесінде контаминациядан қорғануға мүмкіндік берді.

Ежелгі ДНҚ зерттеудің басты проблемаларының бірі оның деградациясы болып табылады. Әдетте, ежелгі ДНҚ микробтық ДНҚ-мен ластанған және химиялық түрлендірілген. Оның үстіне, деградация дәрежесі ежелгі үлгінің жасынан гөрі оның ортадағы жағдайға (температура, ылғалдылық) көбірек тәуелді. Жақында жүргізілген зерттеулер ДНҚ алынатын үлгідегі жастың теориялық шегі 1-1,5 млн. жыл екенін көрсетті.

Тағы бір айта кететін нәрсе, гидролиз бен тотығыуынан ДНҚ нуклеотидтер деаминациясы ПТР әдісінің жалған нәтижелерге әкелуі мүмкін. Алайда, ежелгі ДНҚ үлгілерінің саны көбеюіне байланысты ежелгі генетикалық өзгергіштікті популяциялық деңгейде зерттеуге мүмкіндік туып, заманауи ДНҚ үлгісімен салыстыруға болады. Қазіргі кездегі популяцияларды зерттеуге арналған түрлі әдістер (PCA, STRUCTURE, ADMIXTURE, SPAMIX, SPA, ADMIXTOOLS, GPS, LAMP, HAPMIX, reAdmix, MUTLIMIX, mSpectrum, SABER және т.б.) ежелгі популяцияларды зерттеуге қолданады.

Ғылыми жетекшісі: б.ғ.к., профессор Жансугурова Л.Б.

ФОЛАТ ЦИКЛІ ЖҮЙЕСІНІҢ ГЕНДЕР ПОЛИМОРФИЗМІНІҢ ҮЙЛЕСІМ НҮСҚАЛАРЫНЫҢ ЖҮКТІЛІКТІ АЯҒЫНА ДЕЙІН КӨТЕРМЕУ ЖАҒДАЙЫМЕН АССОЦИАЦИЯСЫ

*Мұхамедиярова С.Қ.¹, Бекимбаек А.Т.¹, Коккузова У.Н.²

¹әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Қазақстан, Алматы

²ЖШС «Tree Gene» генетикалық зертханасы, Қазақстан, Алматы

*samal.mukhamediyarova@mail.ru

Жүктілікті аяғына дейін көтермеу жағдайымен байланысты генетикалық маркерлер арасынан фолат циклі гендер полиморфизмінің рөлі ерекше орын алады. Фолат циклі гендеріне A2756G rs1805087 метионин-синтаза (MTR) гені, A66G rs1801394 метионин-синтаза-редуктаза (MTRR) гені, C677T rs1801133 5,10-метилентетрагидрофолатредуктаза (MTHFR) гендері жатады. Гендердің полиморфизмі (патологиялық генотиптер) фетоплацентарлы жетіспеушілікке, жүйке түтігінің ақауы, мейоз кезінде хромосомалардың бұрыс ажырауы және ұрықтың т.б. патологияларына бейімділігін анықтауға мүмкіндік береді. Фолат циклінің ферменттерінің белсенділігінің төмендеуі гомоцистеиннің жиналуына, коагуляция процесстерінің басталуына әкеледі. Коагуляциялық процесстер жатыр мен плацентаның тіндерінде микроциркуляцияны бұзады, ал бұл өз кезегінде жүктіліктің ерте және кеш мерзіміндегі асқынуларды туғызады.

Зерттеу жұмысының мақсаты - қазақ этникалық тобындағы әйелдердің фолат циклі жүйесінің гендерінің үйлесім нұсқаларының жүктіліктің асқыну жағдайымен байланысын зерттеу болып табылады.

Зерттеу бойынша, қазақ этникалық тобындағы репродуктивті жастағы 394 жүкті әйелдердің сауалнамалық деректеріне талдау жүргізілді. Зерттеуге қатысқан тәуекел тобындағы әйелдердің (196 әйел) орташа жасы – 31,8±0.5, бақылау тобындағы әйелдердің (198 әйел) орташа жасы – 32,6±0.5 құрады.

Зерттеу объектісі ретінде - әйелдердің перифериялық қанынан бөлініп алынған ДНҚ қолданылды.

ДНҚ алынған үлгісі аллель-спецификалық праймерлерді қолдану арқылы RealTime режиміндегі ПТР-талдау әдісімен, CFX96 амплификаторында амплификациялаудан өтті және нәтижелер кейіннен агарозды геледе («SNPexpress» Lytech, Мәскеу, РФ) анықталды.

Статистикалық талдау Software GraphPad Instat™ бағдарламасы мен стандартты әдістемелерді қолдану арқылы орындалды. Жүктіліктің асқынуларымен аллельдер мен генотиптердің ассоциациясын тексеру мақсатында мүмкіндіктер қатынасы OR (95% CI) көрсеткішінің көмегімен тұқым қуалаудың 4 моделі (мультипликативті, жалпы, доминантты және рецессивті) қарастырылды. Салыстырмалы талдауда жүкті әйелдердің тәуекел және бақылау топтары арасында аллельдер мен генотиптердің тұқым қуалауында айтарлықтай статистикалық мәнді айырмашылық анықталған жоқ.

Мысалы, тұқым қуалаудың рецессивті моделінде гетерозиготалы және рецессивті гомозиготалы генотиптері (патологиялық генотиптер) бойынша келесі нәтижелер анықталды: MTR+MTRR гендер полиморфизмінде (A/G+G/G)+(A/G+G/G) генотиптер бойынша OR=1,29 (0,97-1,71), $\chi^2=3,093$, $p=0,079$; MTR+MTHFR гендер полиморфизмінде (A/G+G/G)+(C/T+T/T) генотиптер бойынша OR=0,93 (0,70-1,23), $\chi^2=0,287$, $p=0,592$; MTRR+MTHFR гендерінің полиморфизмінде (A/G+G/G)+(C/T+T/T) генотиптер бойынша OR=1,01 (0,76-1,34), $\chi^2=0,006$, $p=0,936$; MTR+MTRR+MTHFR гендер полиморфизмінде (A/G+G/G)+(A/G+G/G)+(C/T+T/T) генотиптер бойынша OR=1,06 (0,85-1,34), $\chi^2=0,276$, $p=0,599$ құрады.

Касымбеков Е.Т., Сейдалина А.Б., Карамендин К.О., Саятов М.Х. ИЗОЛЯЦИЯ НОВОГО ПТИЧЕГО ПАРАМИКСОВИРУСА-13 В КАЗАХСТАНЕ	196
Керімбек Н.М., Каражанова А.Б. ИЗУЧЕНИЕ МУТАГЕННЫХ СВОЙСТВ ВОДЫ ИЗ РЕК УЛКЕН АЛМАТЫ И ЕСЕНТАЙ МЕТОДОМ ЩЕЛОЧНОГО ГЕЛЬ-ЭЛЕКТРОФОРЕЗА	197
Ким А. В., Семёнова Н. Ю., Бегимбаева А. А., Сарсенбаева Ж. К. ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СУПРУЖЕСКИХ ПАР ПРИ ВТОРИЧНОМ БЕСПЛОДИИ	198
Қалиолданова Т. Б. ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ (<i>P.RECONDITA TRITICI</i>) ОБРАЗЦОВ МИРОВОЙ КОЛЛЕКЦИИ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ	199
Мелисбек А.М. БЕДЕУЛІКТІҢ СЕБЕБІНЕ ТӘУЕЛДІ ӘЙЕЛДЕРДІҢ КАРИОТИНДЕГІ ЖИИ КЕЗДЕСЕТІН ПАТОЛОГИЯЛАРДЫ ЗЕРТТЕУ	199
Молдабекова А., Токубаева А. ИНТРОГРЕССИВТІ ЛИНИЯЛАРДЫҢ ҚОҢЫР ТАТ АУРУЫНА ТӨЗІМДІЛІГІНЕ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ТАЛДАУ	200
Мусабаев Р.У. ЭНХАНСЕРЫ ПРОКАРИОТИЧЕСКОЙ ТРАНСЛЯЦИИ В УСЛОВИЯХ ТЕМПЕРАТУРНОГО СТРЕССА	201
Мусабаева Г.К., Алдабергенов Ж.М. ПАЙДАЛАНУҒА ТЫЙЫМ САЛЫНҒАН ПЕСТИЦИД ҚАЛДЫҚТАРЫНЫҢ ҚОЙЛАРҒА ЦИТОГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘСЕРІН ЗЕРТТЕУ	201
Мусралина Л.З., Нұржібек, Жүнісова Г.С., Хусаинова Э.М. МИКРОАҒЗАЛАРДЫ ЗЕРТТЕУДЕ ПАЛЕОГЕНЕТИКАНЫҢ МҮМКІНШІЛІКТЕРІ	202
Мусралина Л.З., Жүнісова Г.С., Хусаинова Э.М., Жансүгірова Л.Б. ЕЖЕЛГІ ДНҚ ЗЕРТТЕУДІҢ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ	203
Мұхамедиярова С.Қ., Бекимбек А.Т., Коккузова У.Н. ФОЛАТ ЦИКЛІ ЖҮЙЕСІНІҢ ГЕНДЕР ПОЛИМОРФИЗМІНІҢ ҮЙЛЕСІМ НҮСҚАЛАРЫНЫҢ ЖҮКТІЛІКТІ АЯҒЫНА ДЕЙІН КӨТЕРМЕУ ЖАҒДАЙЫМЕН АССОЦИАЦИЯСЫ	204
Мынбаева Д.О. ЖҰМСАҚ БИДАЙДЫҢ (<i>TRITICUM AESTIVUM L.</i>) ҚОҢЫР ТАТҚА ТӨЗІМДІЛІГІНЕ МОЛЕКУЛАЛЫҚ – БИОЛОГИЯЛЫҚ ТАЛДАУ	205
Нарынбай А.С. КАПУСТИН ЯР ПОЛИГОНЫНЫҢ ЛАСТАНҒАН АЙМАҚТАРЫНЫҢ ҚОРШАҒАН ОРТА КОМПОНЕНТТЕРІНДЕГІ АУЫР МЕТАЛДАРДЫҢ МӨЛШЕРІ	205
Олжабаева Ж.Б. ВЛИЯНИЕ КУРЕНИЯ НА ДЫХАТЕЛЬНУЮ СИСТЕМУ ОРГАНИЗМА	206
Омирбек Н.А., Черикбаева К.Ш., Иксан О.А., Жунусова Г.С. ОПРЕДЕЛЕНИЕ ГАПЛОГРУПП-СПЕЦИФИЧНЫХ SNP-МАРКЕРОВ Y-ХРОМОСОМ КАЗАХОВ	207
С.М.Бармак, А.А.Серикбай ВЫЯВЛЕНИЕ БАКТЕРИИ САЛЬМОНЕЛЛА В ПРОДУКТАХ ПИТАНИЯ МЕТОДОМ ПЦР	208
Сағымбай А.Б., Тлеумбетова Н.Ж., Джусупова Д.Б. ИЗУЧЕНИЕ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К ПРОТИВОВИРУСНЫМ ПРЕПАРАТАМ ШТАММОВ ВИРУСОВ ГРИППА А, ВЫДЕЛЕННЫХ В ЭПИДЕМИЧЕСКИЙ СЕЗОН 2017 – 2018 ГГ. НА ТЕРРИТОРИИ РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН	208
Сарыбай Н., Токубаева А.А. ЖҰМСАҚ БИДАЙДЫҢ САРЫ ТАТ (<i>Puccinia Westend. striiformis f. Sp. tritici Eriks.</i>) АУРУЫНА ТӨЗІМДІЛІГІНЕ МОНОСОМАЛЫҚ ТАЛДАУ	209
Сейдалина А.Б., Хан Е.Я., Карамендин К.О., Кыдырманов А.И. СЛУЧАЙ РЕИЗОЛЯЦИИ НОВОГО СЕРОТИПА ПАРАМИКСОВИРУСОВ-16 В КАЗАХСТАНЕ	210
Сейдалы Ж., Токубаева А.А. ҚАЗАҚСТАННЫҢ ЖҰМСАҚ БИДАЙ КОЛЛЕКЦИЯЛАРЫНЫҢ ҚОҢЫР ТАТ АУРУЫНА (<i>PUCCIANA RECONDITA</i>) ТӨЗІМДІ ГЕНДЕРІН МОЛЕКУЛАЛЫҚ МАРКЕРЛЕУ	211
Семёнова Н. Ю., Ким А. В., Сарсенбаева Ж. К., Бегимбаева А. А. ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СУПРУЖЕСКИХ ПАР ПРИ ПЕРВИЧНОМ БЕСПЛОДИИ	211