

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫНЫҢ БІЛІМ ЖӘНЕ ФЫЛЫМ МИНИСТРЛІГІ
ӘЛ-ФАРАБИ АТЫНДАҒЫ ҚАЗАҚ ҰЛТТЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ
БИОЛОГИЯ ЖӘНЕ БИОТЕХНОЛОГИЯ ФАКУЛЬТЕТІ



III ХАЛЫҚАРАЛЫҚ ФАРАБИ ОҚУЛАРЫ

Алматы, Қазақстан, 4-15 сәуір, 2016 жыл

Студенттер мен жас ғалымдардың

«ФАРАБИ ӘЛЕМІ»

атты халықаралық ғылыми конференциясының

МАТЕРИАЛДАРЫ

Алматы, Қазақстан, 11-14 сәуір, 2016 жыл



III МЕЖДУНАРОДНЫЕ ФАРАБИЕВСКИЕ ЧТЕНИЯ

Алматы, Казахстан, 4-15 апреля 2016 года

МАТЕРИАЛЫ

международной научной конференции
студентов и молодых ученых

«ФАРАБИ ӘЛЕМІ»

Алматы, Казахстан, 11-14 апреля 2016 года



III INTERNATIONAL FARABI READINGS

Almaty, Kazakhstan, 4-15 April, 2016

MATERIALS

of International Scientific Conference
of Students and Young Scientists

«FARABI ALEMİ»

Almaty, Kazakhstan, 11-14 April, 2016

Секция 3. Проблемы генетики, молекулярной биологии и экологии

Жұмыстың мақсаты: репродуктивті саулықты қалыптастыруды медико-генетикалық тиімділігін анықтау.

Зерттеу жұмысында 20 сұрақтан тұратын сауалнама құрастырылды. Оның түкімкуалау механизмдеріне, адам репродуктивті саулығына эсер етегін факторларға жарақтастырылады. Репродуктивті саулықты сактау шараларына, негізгі биологиялық білімдеріне қойылды. Сауалнама әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің биотехнология факультетінің 1 (50 адам) және 4 (50 адам) курс студенттер арасынан Сонымен бірге, сауалнамаға арнайы элективті «Медициналық генетика» пәні оқылған 3 курс студенттердің бір тобы (13 адам) қатысты. Сұрақтарға берілген жауаптар жиілігі, пайыз бойынша анықталды. Сонымен катарап талдауда бір анкета бойынша дұрыс жауаптар деңгейінің сенімділігі Майн-Уитниде бойынша анықталды.

1 және 4 курс студенттердің дұрыс жауаптар деңгейі 54,5% және 64,6% студенттердің дұрыс жауаптар деңгейі - 73,1%. Анкета бойынша 1 және 4 курстарда дұрыс жауаптарының орташа жиілігі $10,86 \pm 0,45$ және $12,92 \pm 0,37$ сәйкес «Медициналық генетика» пәні оқылған 3 курс студенттердің дұрыс жауаптарының $14,62 \pm 0,65$ құрады. 1 және 4 курс студенттердің дұрыс жауаптарының деңгейімен айырмашылығы сенімді болды: 1 мен 3 курстар арасындағы айырмашылығы - $U_{\text{эмп}} = 202,0$ ($p < 0,05$).

Сонымен, зерттеу жұмыста алғынған нәтижелер бойынша репродуктивті қалыптастыруды медико-генетикалық білім алушын тиімділігі зор деп қорытынды.

Фылыми жетекшісі: б.г.к. Қалимагамбетов А.М.

СВЯЗЫВАНИЕ MIR-3187-5Р С мРНК ГЕНОВ НЕБУЛИНА МЛЕКОПИТАЮЩИХ

И.В. Пинский

КазНУ имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан

ilya.pinskyi@mail.ru

Небулин - гигантский актин-связывающий белок с молекулярной массой 500 кДж/моль, ассоциированный в скелетных мышцах с тонкими нитями и играющий значительную роль в сокращении. На экспрессию гена небулина из всех миРНК наиболее сильно влияет миРНК – это молекулы РНК длиной около 22 нуклеотидов, связывающиеся с различными белками и блокирующие их синтез. Предстояло выяснить, у каких видов млекопитающих этот белок взаимодействует на синтез небулина. Нуклеотидные последовательности мРНК генов небулина млекопитающих были взяты из базы данных (www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/), а последовательности нуклеотидов миРНК – из базы miRBase (www.mirbase.org). Сайты связывания миРНК с мРНК и свободная энергия связывания были найдены с помощью программы miRTarGet. Специфичность (score) оценивалась по соотношению $\Delta G/\Delta G_m$, где ΔG – энергия взаимодействия миРНК с мРНК и ΔG_m – величина энергии гибридизации миРНК с полностью комплементарной последовательностью. Уровень достоверности (p) был рассчитан на основании средних величин и стандартных отклонений энергии связывания: $p < 0,005$. Было изучено взаимодействие miR-3187-5р с мРНК генов небулина всех 30 видов млекопитающих, у которых эти гены представлены в базе данных с минимальной специфичностью 80%. Установлено, что только 14 видов млекопитающих, включая приматов, имеют абсолютно гомологичные сайты связывания miR-3187-5р небулина, кодирующие олигопептид PLLHTAQ. У человека (*Homo sapiens*), шимпанзе (*Pan troglodytes*), гиббона (*Nomascus leucogenys*), суматранского орангутана (*Pongo abelii*), обыкновенной (*Gorilla gorilla*) и двух видов лошади (*Equus asinus* и *Equus caballus*) связывается с мРНК гена небулина со степенью связывания 86% и энергией связывания 12 кДж/моль в позициях 17894, 16446, 16409, 12767, 12791, 14961 и 16416, соответственно. У *Macaca fascicularis*, *Macaca mulatta*, *Macaca nemestrina*, *Cercopithecus atys*, *Mandrillus leucophaeus*, *angolensis* и *Chlorocebus sabaeus* miR-3187-5р связывается с мРНК гена небулина со степенью связывания 82% и энергией связывания 108 кДж/моль в позициях 14991, 14993, 14266, 14268, 14270, 14272 и 14274.

Секция 3. Проблемы генетики, молекулярной биологии и экологии

соответственно. Вывод: сайты связывания miR-3187-5p в мРНК генов небулина
имеют высокой консервативностью.

руководитель: д.б.н., профессор Иващенко А.Т.

ИЗУЧЕНИЕ ЦИРКУЛЯЦИИ ВИРУСОВ ГРИППА А(H1N1) СРЕДИ ЛЮДЕЙ И СВИНЕЙ В СЕВЕРНОМ КАЗАХСТАНЕ В 2014-2015 ГГ

Н.Т. Сактаганов, Н.С. Онгарбаева, М.К. Калкожаева, Н.Г. Кливлесева

на ПХВ «Институт микробиологии и вирусологии» КН МОН РК, Алматы, Казахстан
biochem_vir@mail.ru

工作中 представлена результаты изучения циркуляции вируса гриппа в эпидемический 2014-2015 гг. среди людей и свиней в Северо-Казахстанской и Костанайской областях. Для исследования использовали 212 носоглоточных смыва: 61 проба, собранная от людей в поликлиниках и учреждениях и 151 образец, полученный от свиней в крестьянских хозяйствах. Анализ скрининг образцов, собранных от людей, в РТ-ПЦР с использованием реагентов (г. Москва, Россия) показал, что в семи биопробах (11,7%) выявлена РНК вируса гриппа A в трех образцах (4,9%) - вируса гриппа типа B. Субтиповирование вируса гриппа A обнаружить в четырех смывах (6,6%) РНК вируса гриппа A/H1, в трех пробах (4,9%) - в одном образце (1,6%) обнаружена РНК одновременно к вирусам гриппа A/H1 и A/H3. В результате первичного заражения куриных эмбрионов носоглоточными смывами выявлено пять штаммов в Костанайской области, два – в Северо-Казахстанской. Идентификация в РИНА позволила отнести выделенные изоляты к вирусу гриппа A(H1N1).

Анализ скрининг в РТ-ПЦР носоглоточных смывов, полученных от свиней, показал, что РНК вируса гриппа A/Hsw1 обнаружена в 13 пробах (8,6% от общего числа). В девяти смывах (5,9%) выявлена РНК вируса гриппа A/Hsw1, в четырех образцах (2,6%) - A/H3. В результате первичного заражения куриных эмбрионов носоглоточными смывами от свиней выделено два агента в Северо-Казахстанской области. По результатам идентификации в РТГА и РИНА выделенные изоляты относятся к вирусу гриппа A(H1N1).

Таким образом, изоляция вирусов гриппа A/H1N1 от людей и свиней в одном регионе может свидетельствовать о вероятность трансмиссии вирусов гриппа А от человека к свиням и обратно, что подчеркивает необходимость проведения постоянного надзора за циркуляцией возбудителей гриппа в население тесно контактирует с животными.

АВТОТРАНСПОРТ И ОКРУЖАЮЩАЯ СРЕДА

С.С. Самсоненко

Академический региональный государственный университет им. К. Жубанова, Актобе, Казахстан

Автомобильный транспорт – один из основных загрязнителей атмосферного воздуха. В зависимости от вида транспорта и вида используемого топлива, это может быть различное топливо, такое как бензин, дизельное топливо, керосиновые фракции, природный газ и смесь топлива.

Целью данной статьи является изучение изменения состояния природной среды под влиянием выбросов автотранспорта, а также вводимые меры по охране окружающей среды [1]. Исследователи установили, что один легковой автомобиль ежегодно поглощает из атмосферы в среднем более 4 т кислорода, выбрасывая с отработавшими газами примерно 800 кг окиси углерода, 10 кг оксидов азота и почти 200 кг различных углеводородов [1].

Бензиновые двигатели – сильно загрязняют среду угарным газом, тетраэтилсвинцом, оксидом азота и углеводородами.

Воздействие транспортных средств в атмосферу поступают, не только отработанные газы, но и износ шин [2].