

ҚАЗАҚСТАН РЕСПУБЛИКАСЫ БІЛІМ ЖӘНЕ ҒЫЛЫМ МИНИСТРЛІГІ  
МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РЕСПУБЛИКИ КАЗАХСТАН  
MINISTRY OF EDUCATION AND SCIENCE OF REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

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

**III ХАЛЫҚАРАЛЫҚ  
ФАРАБИ ОҚУЛАРЫ**

Алматы, Қазақстан, 2016 жыл, 4-15 сәуір

Студенттер мен жас ғалымдардың  
**"ФАРАБИ ӘЛЕМІ"**  
атты халықаралық ғылыми конференция  
МАТЕРИАЛДАРЫ  
Алматы, Қазақстан, 2016 жыл, 11-14 сәуір

**III МЕЖДУНАРОДНЫЕ  
ФАРАБИВЕСКИЕ ЧТЕНИЯ**

Алматы, Қазақстан, 2016 жыл, 4-15 сәуір

МАТЕРИАЛЫ  
международной научной конференции  
студентов и молодых ученых  
**"ФАРАБИ ӘЛЕМІ"**

Алматы, Казахстан, 11-14 апреля 2016 года

**III INTERNATIONAL  
FARABI READINGS**

Almaty, Kazakhstan, April 4-15, 2016

MATERIALS  
of International Scientific Conference  
of Students and Young Scientists

Almaty, Kazakhstan, April 11-14, 2016

Алматы  
"Қазақ университеті"  
2016

### Секция 3. Проблемы генетики, молекулярной биологии и экологии

үшін әр түрлі стресс жағдайларға төзімді сорттар шығарудың маңызы бар. Селекционерлер үшін жылдам пісетін сорттар шығару тиімді. Себебі кеш пісетін сорттар дәннің қалыптасу кезінен құрғақшылық кезеңге тап болады да, олардың сапасы төмендеп, өнімділігі аз болады. Сонымен қатар жаздық бидайлар кеш пісетін болса, солтүстік аймақтарда күздік суыққа шалынады. Осы мәселелерді шешу селекционерлердің негізгі мақсаты болып табылады. Ол үшін жергілікті жерге бейімделген сорттардың жылдам пісу табиғатына генетикалық зерттеулер жүргізу қажет. Өйткені, кеш пісетін сорттардың жоғары сапасы мен дән қалыптасуы төмендейді. Ауыл шаруашылығына құнды белгілердің барлығының бір сортта қалыптасуы мүмкін емес. Кейбір белгілер арасында кері корреляция жүреді. Сондықтан, селекцияда жергілікті сорттардан ең жақсысын сұрыптап алуға, содан кейін әлемдік бидай үлгілеріне енгізуге және индукциялық мутагенезді қолдануға байланысты, будандастыру үшін алғашқы материалды қолдану шегі кеңідейді. Бағытталған мутацияны алу қазіргі селекцияның маңызды міндеттерінің бірі. Өсімдіктер селекциясында химиялық мутагенез будандастыру үшін алғашқы материалдың әртүрлілігін кеңейтуге арналған тәсіл ретінде қолданылады. Эксперименталды мутагенез негізінде алынған түрлі коммерциялық сорттардың шығуы туралы мәліметтер дүние жүзілік ғылыми селекция тәжірибелерінде айтарлықтай жеткілікті. Сондықтан, мутагенездің бидай селекциясында келешегі зор.

Зерттеу жұмысымыздың мақсаты: хлорлы кадмий әсерінен алынған мутантты формаларға аллельділік тест жүргізу және шаруашылыққа құнды белгілері бар гендерді локализациялау.

Казахстанская 3 және Шағала сорттарынан өзгерген белгілерімен өсімдіктерді алғашқы сорттармен талдаушы будандастыру жүргізілді. Казахстанская 3 сортының зерттелген белгілерінің өзгерген және қарапайым өсімдіктерге ажырауы 1:1 болып,  $F_2$  ұрпағындағы 3:1 қатынасында ажырауы мутантты белгілердің моногенді тұқым қуалайтындығын дәлелдейді. Керісінше, сабақтың күштеуі мен масақтың ұзаруынан талдаушы будандастыру нәтижесі 3:1 қатынасына, ал  $F_2$  популяциясындағы ажырау 15:1 және 13:3 қатынастарын көрсетті. Бұдан, мутантты линиялардың келтірілген белгілерінің күрделі, аллельді емес гендердің әсерінен (полигенді және эпистазды) туындағанын айтуға болады.

Екі көп гүлді мутанттарды М22 x М23 будандастырғанда  $F_2$  ұрпағында мутантты және алғашқы сорт фенотиптерінің қатынасы 9 қалыпты және 7 көпгүлді болып шығуы мутантты белгілердің аллельді еместігін және олардың көрінуіне жауапты гендер 5А хромосомасының әртүрлі локуста орналасқандығын көрсетеді.

Казахстанская 126 сортының моносомалық сериясын Л1 линиямен будандастыру нәтижесінде 7А хромосомадан 202 зерттелген өсімдіктің 186 масақтың ұзын, ал 16 қалыпты қабықшасымен болып,  $F_2$  ұрпағындағы ажырау бақылау вариантындағы 3:1 ( $\chi^2=1,91$ ) қатынасынан едәуір ауытқығандығы ( $\chi^2=31,4$ ), байқалды. Осыдан, Л1 линияның масақ қабықшасының ұзындығына жауапты ген 7А хромосомада орналасқанын, ал 3А хромосомадан көрінген ауытқу ( $\chi^2=4,84$ ) негізгі геннің күшін жоғарлататын модификаторлы геннің әсері екендігі анықталды.

*Ғылыми жетекші: б.ғ.к., доцент Чунетова Ж.Ж.*

### **МЕДИЦИНАЛЫҚ ГЕНЕТИКА БІЛІМІНІҢ РЕПРОДУКТИВТІ САУЛЫҚТЫ ҚАЛЫПТАСТЫРУДА МАҢЫЗДЫЛЫҒЫ ✓**

Оразбасва А.О.

әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан  
arailym003@mail.ru

Қазіргі таңда еліміздің репродуктивті саулығын қалыптастыру, дені сау ұрпақ қалдыру өзекті мәселелердің бірі болып отыр. Репродуктивті саулық – адамның ұрықтану қабілеті мен дені сау баланың туылуын сипаттайтын толық физиологиялық, психологиялық және әлеуметтік саулығының жағдайы. Ол жағдайлар: ана саулығы, жүктіліктің қауіпсіздігі, қалыпты босануы, баланың денсаулығы мен тірі қалуын қамтамасыз ету, келесі жүктіліктерді жоспарлау болып табылады. Репродуктивті жүйенің патологиясы көптеген факторлар әсерінен (әлеуметтік-экономикалық, шімдік, нашарқорлық, шылым шегу, экологиялық факторлар және т.б.) пайда болуы мүмкін. Сонымен бірге репродуктивті саулықты қалыптастыруда адам генетикасынан қажетті білімдері болуы керек.

### Секция 3. Проблемы генетики, молекулярной биологии и экологии

Жұмыстың мақсаты: репродуктивті саулықты қалыптастыруда медико-генетикалық білім алудың тиімділігін анықтау.

Зерттеу жұмысында 20 сұрақтан тұратын сауалнама құрастырылды. Онда белгілердің тұқымқуалау механизмдеріне, адам репродуктивті саулығына әсер ететін факторларға және жанұяда репродуктивті саулықты сақтау шараларына, негізгі биологиялық білімдеріне қатысты сұрақтар қойылды. Сауалнама әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университетінің биология және биотехнология факультетінің 1 (50 адам) және 4 (50 адам) курс студенттер арасында өткізілді. Сонымен бірге, сауалнамаға арнайы элективті «Медициналық генетика» пәні оқылған «Биология» мамандығының 3 курс студенттердің бір тобы (13 адам) қатысты. Сұрақтарға берілген жауаптардың сапалығы, дұрыс жауаптар жиілігі, пайыз бойынша анықталды. Сонымен қатар статистикалық талдауда бір анкета бойынша дұрыс жауаптар деңгейінің сенімділігі Манн-Уитнидің  $U_{\text{ман}}$ -критерийі бойынша анықталды.

1 және 4 курс студенттердің дұрыс жауаптар деңгейі 54,5% және 64,6% құрады, ал 3 курс студенттердің дұрыс жауаптар деңгейі - 73,1%. Анкета бойынша 1 және 4 курстардағы студенттердің дұрыс жауаптарының орташа жиілігі  $10,86 \pm 0,45$  және  $12,92 \pm 0,37$  сәйкес болды. Арнайы «Медициналық генетика» пәні оқылған 3 курс студенттердің дұрыс жауаптарының орташа жиілігі  $14,62 \pm 0,65$  құрады. 1 және 4 курс студенттердің дұрыс жауаптарының деңгейімен салыстырғанда айырмашылығы сенімді болды: 1 мен 3 курстар арасындағы айырмашылығы -  $U_{\text{ман}} = 112,5$  ( $p < 0,01$ ) және 4 мен 3 курстар арасындағы айырмашылығы -  $U_{\text{ман}} = 202,0$  ( $p < 0,05$ ).

Сонымен, зерттеу жұмыста алынған нәтижелер бойынша репродуктивті саулықты қалыптастыруда медико-генетикалық білім алудың тиімділігі зор деп қорытынды жасауға болады.

Ғылыми жетекшісі: б.ғ.к. Қашпағамбетов А.М.

### **СВЯЗЫВАНИЕ miR-3187-5p 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 500-800 кДа, ассоциированный в скелетных мышцах с тонкими нитями и играющий значительную роль в их сокращении. На экспрессию гена небулина из всех микроРНК наиболее сильно влияет miR-3187-5p. МикроРНК – это молекулы РНК длиной около 22 нуклеотидов, связывающихся с мРНК генов различных белков и блокирующие их синтез. Предстояло выяснить, у каких видов млекопитающих и в какой степени miR-3187-5p воздействует на синтез небулина. Нуклеотидные последовательности мРНК генов небулина млекопитающих были взяты из базы данных Genbank ([www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/)), а последовательности нуклеотидов микроРНК — из базы данных miRBase ([www.mirbase.org](http://www.mirbase.org)). Сайты связывания микроРНК с мРНК и свободная энергия гибридизации были найдены с помощью программы miRTarget. Специфичность (score) оценивалась величиной отношения  $\Delta G / \Delta G_m$ , где  $\Delta G$  – энергия взаимодействия микроРНК с мРНК и  $\Delta G_m$  – максимальная величина энергии гибридизации микроРНК с полностью комплементарной последовательностью. Уровень достоверности (p) был рассчитан на основании средних величин и стандартного отклонения энергии связывания:  $p < 0,005$ . Было изучено взаимодействие miR-3187-5p с мРНК ортологичных генов небулина всех 30 видов млекопитающих, у которых эти гены представлены в базе Genbank с минимальной специфичностью 80%. Установлено, что только 14 видов млекопитающих, из которых 12 видов — приматы, имеют абсолютно гомологичные сайты связывания miR-3187-5p в мРНК генов небулина, кодирующие олигопептид PLLHTAQ. У человека (*Homo sapiens*), шимпанзе (*Pan troglodytes*), гиббона (*Nomascus leucogenys*), суматранского орангутана (*Pongo abelii*), гориллы обыкновенной (*Gorilla gorilla*) и двух видов лошади (*Equus asinus* и *Equus caballus*) miR-3187-5p связывается с мРНК гена небулина со степенью связывания 86% и энергией связывания 111 кДж/моль в позициях 17894, 16446, 16409, 12767, 12791, 14961 и 16416, соответственно. У *Macaca fascicularis*, *Macaca mulatta*, *Macaca nemestrina*, *Cercocebus atys*, *Mandrillus leucophaeus*, *Colobus angolensis* и *Chlorocebus sabaeus* miR-3187-5p связывается с мРНК гена небулина со степенью связывания 82% и энергией связывания 108 кДж/моль в позициях 14991, 14993, 14265, 14995, 12791,