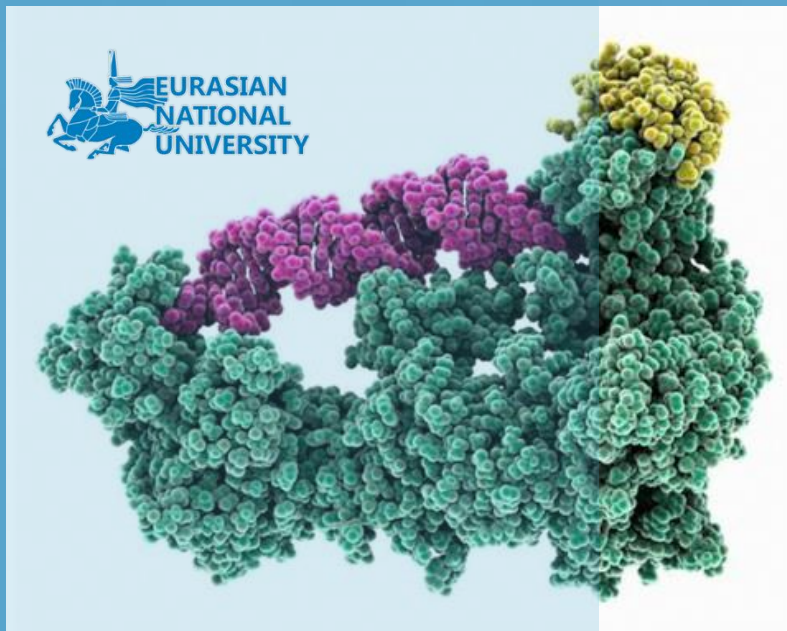


ҒЫЛЫМ ЖӘНЕ ЖОҒАРЫ БІЛІМ МИНИСТРЛІГІ
МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ



Л. Н. ГУМИЛЕВА АТЫНДАҒЫ
ЕУРАЗИЯ ҰЛТТЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ

ЕВРАЗИЙСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ
УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ
Л. Н. ГУМИЛЕВА

АСТАНА, ҚАЗАҚСТАН
14 СӘУІР 2023 ЖЫЛ

АСТАНА, КАЗАХСТАН
14 АПРЕЛЯ 2023 ГОД

"ОМАРОВ ОҚУЛАРЫ: ХХІ
ҒАСЫРДЫҢ БИОЛОГИЯ ЖӘНЕ
БИОТЕХНОЛОГИЯСЫ" АТТЫ
ХАЛЫҚАРАЛЫҚ ҒЫЛЫМИ
ФОРУМНЫҢ БАЯНДАМАЛАР
ЖИНАҒЫ

СБОРНИК МАТЕРИАЛОВ
МЕЖДУНАРОДНОГО НАУЧНОГО
ФОРУМА "ОМАРОВСКИЕ ЧТЕНИЯ:
БИОЛОГИЯ И БИОТЕХНОЛОГИЯ
ХХІ ВЕКА"

УДК 57 (063)
ББК 28.0
Ж 66

Жалпы редакцияны басқарған т.ғ.д., профессор Е.Б. Сыдықов
Под редакцией д.и.н., профессора Е.Б. Сыдыкова

Редакция алқасы:
Редакционная коллегия:

Ж.К. Масалимов, А.Б. Курманбаева, А.Ж. Акбасова, С.Б. Жангазин, Н.Н. Иқсат.

«Омаров оқулары: ХХІ ғасыр биология және биотехнологиясы» халықаралық ғылыми форумының баяндамалар жинағы. – Астана: Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, 2023. – 298 б., қазақша, орысша, ағылшынша.

Сборник материалов международного научного форума «Омаровские чтения: Биология и биотехнология ХХІ века». – Астана. Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, 2023. – 298 с., казахский, русский, английский.

ISBN 978-601-337-847-3

Жинақ «Омаров оқулары: ХХІ ғасыр биология және биотехнологиясы» атты халықаралық ғылыми форумына қатысушылардың баяндамаларымен құрастырылған. Бұл басылымда биология, биотехнология, молекулалық биология және генетиканың маңызды мәселелері қарастырылған. Жинақ ғылыми қызметкерлерге, PhD докторанттарға, магистранттарға, сәйкес мамандықтағы студенттерге арналған.

Сборник составлен по материалам, представленным участниками международного научного форума «Омаровские чтения: Биология и биотехнология ХХІ века». Издание освещает актуальные вопросы биологии, биотехнологии, молекулярной биологии и генетики. Сборник рассчитан на научных работников, PhD докторантов, магистрантов, студентов соответствующих специальностей.



УДК 57
ББК 28
О-58

©Коллектив авторов, 2023
©Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, 2023

Бірінші күні альдегидоксидаза мен каталаза белсенділігі стресске ұшыраған өсімдіктерде бақылау өсімдіктерімен салыстырғанда төмен болды. Алайда, екінші және үшінші күндері стресске ұшыраған өсімдіктерде бұл ферменттердің белсенділігі төмендей берді, ал бақылау өсімдіктерінде жоғарылады.

Температуралық стресске және қалыпты бақылауға ұшыраған арпаға жүргізілген зертханалық зерттеулердің нәтижелеріне сүйене отырып, температуралық стресс арпа өсімдіктерінің тамырлары мен сабақтарындағы альдегидоксидаза мен каталаза белсенділігіне айтарлықтай әсер етті деп қорытынды жасауға болады.

Пайдаланылған әдебиеттер:

1. «Өсімдіктердегі абиотикалық стресс: механизмдер мен бейімделулер» Ахмад П. және Расул С. (2013), 197;205
2. «Арпа: өндіру, жетілдіру және пайдалану» Ульрих С.Е. (2011), 282;563
3. «Температуралық стресстің өсімдік өнімділігі мен төзімділігіне әсері» Wahid A. (2007), 464;467
4. «Өсімдіктердің стресске төзімділігі: әдістер мен хаттамалары» Сункара Р. және Капур А. (2010), 181
5. «Абиотикалық стресске өсімдік реакциясының молекулалық биологиясы» Хирта Х. және Шинозаки К. (2004), 183;323
6. «Жоғары температуралық стресс кезінде механизмдердің өзгеруі; Өсімдіктердің физиологиясы және селекциясы» Киани-Пуя А., Рустей М және Нагави М. (2020),12;20

УДК 2788

**ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОРТРЕТ РОДА МЕРКИТ ПО ДАННЫМ
ПОЛИМОРФИЗМА Y-ХРОМОСОМЫ**

*Файзов Бекжан Қазиханұлы¹, Сабитов Жаксылық Муратович², Жабагин
Максат Кизатович²*

¹Евразийский национальный университет им. Л.Н.Гумилева, Астана,
Казахстан

²ТОО «Национальный центр биотехнологии», Астана, Казахстан
bekzhan.faizov@gmail.com

Введение. Казахи – тюркоязычное коренное население Центральной Азии, генофонд которых окончательно сложился к XIII-XVI векам [1,2]. В его формировании сыграло большое количество родов, память о которых до сих пор частично сохраняется в традиционной родословной казахов - Шежіре. Она представляет собой генеалогическую цепочку предков индивида по прямой мужской линии, которая возводится к единому родоначальнику. Традиция принадлежности индивида к роду наследуется аналогично Y-хромосоме – от отца к сыну.

Наследование Y-хромосомы обеспечивается, во-первых, за счет того, что на Y-хромосоме человека расположен ген SRY – главный фактор детерминации пола. Во-вторых, из-за структурных особенностей Y-хромосомы, которая подразделяется на две функциональные области: 1) псевдоаутосомные области (PAR1 и PAR2), которые гомологичны последовательностям X-хромосомы и отвечают за правильное сопряжение между двумя половыми хромосомами во время мейоза у мужчин; 2) специфическая для мужчин область Y-хромосомы (MSY), в которой вместо классической рекомбинации происходит обильная генная конверсия и внутрихромосомные рекомбинации в палиндром богатых регионах. Таким образом, Y-

хромосома характеризуется низкой эффективной численностью пула, проявляет очень низкий уровень генетического разнообразия, но в тоже время обладает высоким межпопуляционным разнообразием, что в совокупности делает ее высоко восприимчивой к генетическому дрейфу и эффекту основателя [3]. Последний неоднократно был обнаружен для родов в разных популяциях [4-7], подтверждая генеалогические сведения о том, что большинство членов рода действительно являются потомками одного общего родоначальника.

Керей – одно из казахских племен. По данным шежіре племя керей подразделяется на два крупных родовых объединения: ашамайлы и абак. Родовое объединение абак состоит из родов: жантеке, жадык, каракас, шереушы, жастабан, ители, молкы, консадак, **меркит**, итемген, сарбас [8]. Особое внимание на себя обращает род меркит, так как этот этноним фигурирует в разных записях историков исследовавших народы Евразии. В записях Л.Н. Гумилева, меркиты расселились в Саянском или Урянхайском крае и относились к самодийцам. Историки П. Пеллио и Н.И. Пейнтер считают меркитов кераитами. Главная причина такого вывода, является что согласно Вильгельму Рубруку, Унк правил народом, именовавшимся крит и меркит [9, 10]. Рашид-ад-дин считал меркитов древним монгольским племенем, хотя они не перечисляются среди собственно монгольских племен – потомков Борте-Чино или Гоа-Марал. В то время М.П. Алексеев и Г. Юль в своих записях показали меркитов как тунгусы, а не как одним из тюркских или монгольских племен [10].

Целью настоящего исследования является впервые описать генетический портрет рода меркит по данным полиморфизма Y-хромосомы, что позволит в дальнейшем глубже изучить вопросы этногенеза рода меркит, их происхождение и связь с племенем Керей.

Материалы и методы

Материалом для изучения выступила слюна от 63 добровольных участников исследования из рода меркит. Сбор образцов проводился согласно критериям популяционно-генетического биобанка [11], которые обеспечивают проводить отбор не родственных участников исследования, по крайней мере до 3-го колена.

Все участники исследования подписали форму информированного согласия и генеалогическую анкету, одобренных локальной этической комиссией ТОО «Национальный центр биотехнологии» КН МОН РК.

Слюна собиралась в специально предназначенные для забора и транспортировки наборах Oragene•DNA OG-600 (DNA Genotek), позволяющие хранить образцы при комнатной температуре.

Выделение ДНК из слюны проводили с использованием prepIT®•L2P буфера (DNA Genotek) согласно протоколу производителя.

Концентрацию ДНК определяли с помощью прибора Quantus Fluorometer (Promega) и набору QuantiFluor(R) ONE dsDNA System (Promega) согласно протоколу производителя. Качество ДНК определяли с помощью прибора NanoDrop One (Thermo Fisher Scientific) согласно протоколу производителя.

Фрагментарный анализ 23 локусов STR Y-хромосомы проводится с помощью набора для амплификации PowerPlexY23 (Promega) на 8 капиллярном генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 (Thermo Fisher Scientific) и программного обеспечения GeneMapper IDx v.1.6. (Thermo Fisher Scientific). В наборе PowerPlexY23 имеются 17 стандартных локусов Y-хромосомы (DYS19, DYS385 a/b, DYS389I/II, DYS390, DYS391, DYS392, DYS393, DYS437, DYS438, DYS439, DYS448, DYS456, DYS458, DYS635, Y-GATA-H4) и 6 быстро мутирующих локусов Y-хромосомы (DYS481, DYS533, DYS549, DYS570, DYS576, DYS643).

Кластеры гаплотипов характеризующийся близкими значениями были рассчитаны методом главных компонент с помощью программы STRAF 2.0.6: STR Analysis for Forensics (<https://straf.fr/app/>).

Принадлежность гаплотипов к гаплогруппам оценивалось с помощью программы Nevgen Y-DNA haplogroup predictor (<https://www.nevgen.org/>). Номенклатура гаплогрупп приведена в соответствии с ISOGG [Y-DNA Haplogroup Tree 2019–2020 Version: 15.73 Date: 11 July 2020] (<https://isogg.org/>). Возраст гаплогрупп указан согласно YFull (<https://www.yfull.com/tree>).

Результаты и обсуждения

Составлена база данных по анкетным генеалогическим данным 63 добровольных участников исследования из рода меркит. Для всех участников получены профили гаплотипов по 23 локусам STR Y-хромосомы. По этому массиву данных проведена кластеризация генетически близких гаплотипов методом главных компонент (рисунок 1). Обнаружено 6 кластеров родственных между собой образцов.

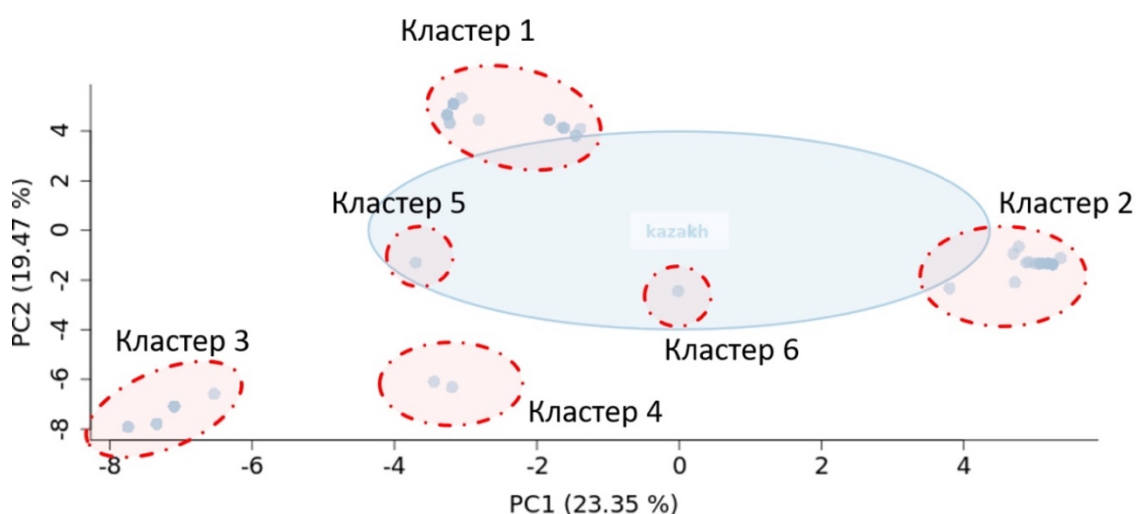


Рисунок 1 - Кластеризация гаплотипов рода меркит в пространстве главных компонент

Согласно предикции гаплотипы относятся к 6 гаплогруппам: C2 – 15,87% (10 индивида), D1a1b1a – 1,59% (1 индивид), I2a1a2b – 41,27% (26 индивид), J2a2 – 3,17% (2 индивида), N1a2 – 25,39% (16 индивида), O2a2 – 12,7% (8 индивида). Распределение гаплотипов по гаплогруппам соответствует полученным ранее кластерам.

Уровень вероятности для гаплогрупп C2, D1a2a1, N1a2, O2a2 составила 100%, для гаплогруппы J2a2 от 66% до 94%, и для гаплогруппы I2a1b3a от 10% до 64%. Полученные данные требуют верификации методом генотипирования SNP маркеров соответствующих гаплогрупп, поэтому к результатам в обсуждениях следует относиться осторожно.

Предковой гаплогруппой для самого распространенного субклада I2a1a2b у меркитов является I2a1a, которая маркируется мутацией R37 и довольно часто встречается в Восточной Европе. Она очень редко встречается в Центральной Азии. Среди казахов гаплотипы предковой I2a1a встречены у некоторых представителей жалайыр, дулат и шанышкылы[12]. Максимальная же частота гаплогруппы I2a1a2b наблюдается у динарских славян - словенцы, хорваты, боснийцы, сербы, черногорцы

и македонцы. Возраст гаплогруппы I2a1a2b 11,5 тыс. лет, с разветвлением на субклады 6,5 тыс. лет.

Второй значимой гаплогруппой среди меркитов является N1a2. Возраст гаплогруппы 14 тысяч лет. Состоит из двух субкладов N1a2a и N1a2b, которые разветвились порядка 9 тысяч лет и охватили разные регионы Евразии [13]. N1a2a представлена в Восточной Азии среди маньчжуров, японцев, сибо, маньчжурских эвенков, корейцев. N1a2b больше всего встречается на Алтае, а также распространён по во всему ареале тюркских народов. Среди казахов варианты гаплогруппы N1a2 встречены редко, порядка 1%.

Гаплогруппы C2 является третьей частой гаплогруппой меркитов. В частности, среди них привалируют гаплотипы субклада C2a1a3, которая маркируется мутацией F1918. Возраст гаплогруппы 7 тыс. лет. Наиболее известной ее субкладом является гаплогруппа C2a1a3a, которая образовалась около 3 тысяч лет назад. Ее происхождение связывают с регионами Южной Сибири и Монголией. В ее составе выделяется «Star Cluster» (ранее известная как C3*), и предполагается, что ее одним из известных носителей был Чингисхан, который внес созданием своей империей широкое распространение этого варианта в Азии (8%). Сегодня гаплогруппа C2a1a3a часто встречается у казахов из племени керей (77%), племени уйсун (43%), а также у баргутов (46%), хазарейцев (38%), узбеков из Афганистана (35%) и монголов (35%). Многие носители этой гаплогруппы по генеалогическим сведениям восходят к средневековым нирун монголам [14].

Еще одной частой гаплогруппой меркитов является O2a2. Она широко распространена на материковой части и островах Юго-Восточной Азии и Океании и связана с австронезийской экспансией [15]. В составе казахов встречается с частотой 8%, преимущественно среди найманов [12].

Гаплогруппы D1a1b1a и J2a2 встречаются реже среди меркитов, однако охватывают широкий ареал: первая распространена по всей Восточной Азии; вторая встречается на Ближнем Востоке и на Кавказе.

Касательно полиморфизма Y-хромосомы кереев к которым относится род меркит, известны лишь обобщающие результаты для родовых объединений ашамайлы и абак [16, 17]. В этих работах описан полиморфизм 17 локусов коротких tandemных повторов Y-хромосомы и ряда однонуклеотидных замен, среди которых наиболее часто встречен F3796 (chrY:16466840 C>T по hg38) маркирующий гаплогруппу C2b1a3a1. Он встречен 76.5% у кереев Казахстана и 80% у казахов Аксаия (провинции Ганьсу (Китай), которые как показало исследование гаплотипов имеют генетическое родство ближе к родовому объединению абак [17]. Наблюдается дифференциация между родовыми объединениями абак и ашамайлы по локусу DYS448, соответственно по значениям 23 и 22 [16]. Гаплотипы гаплогруппы C2b1a3a1 среди меркитов занимают лишь 1/8 часть.

Выводы

Впервые описанный генетический портрет рода меркит по данным полиморфизма Y-хромосомы раскрывает многообразие разных гаплогрупп Y-хромосомы из разных регионов Евразии, что указывает на сложный генезис этого рода без ярко выраженного единственного эффекта основателя, и ставит под сомнение принадлежность рода к казахским кереем. Изучение этих вопросов требует дальнейшего исследования рода меркит по глубоким сиквенсам Y-хромосомы, аутомомных данных и разнообразия мтДНК.

Список использованной литературы:

1. Yunusbayev B. et al. The genetic legacy of the expansion of Turkic-speaking nomads across Eurasia. // PLoS Genet. - 2015. – v.11, №4: e1005068.

2. Gneccchi-Ruscione G. et al. Ancient genomic time transect from the Central Asian Steppe unravels the history of the Scythians. // *Sci Adv.* – 2021. – v.7, №13: abe4414.
3. Jobling M. A., Tyler-Smith C. Human Y-chromosome variation in the genome-sequencing era. // *Nature Reviews Genetics.* 2017. № 8 (18). p. 485–497.
4. Malyarchuk B., et al. Ychromosome diversity in the Kalmyks at the ethnical and tribal levels. // *J Hum Genet.* – 2013. – Т. 58, № 12. – p. 804-11.
5. Chaix R., et. al., The genetic or mythical ancestry of descent groups: lessons from the Y chromosome. // *Hum. Genet.* – 2004. – Т. 75, № 6. – p. 1113–6.
6. Харьков В.Н., и др. Анализ генофонда и родоплеменной структуры шорцев по маркерам Y-хромосомы. // *Медицинская генетика.* – 2016. – Т. 15, № 5 (167). – с. 48–51.
7. Юсупов Ю. М., и др. Родовые объединения северо-восточных 130 башкир в свете данных геногеографии (по полиморфизму Y-хромосомы). // *Вестник Академии наук Республики Башкортостан.* – 2016. – Т. 21, № 4 (84). – с. 16–25.
8. Муқанов М. Этнический состав и расселение казахов Среднего жуза. // Москва: Наука, с. 1974. – 200.
9. В.В. Ушницкий Загадка племени меркитов: проблема происхождения и потомства. // *Вестник Томского государственного университета. История.* 2013. No1 (21) с. 191–195.
10. В.В. Ушницкий Исчезнувшее племя меркитов (мекритов): к вопросу о происхождении и истории. // *Вестник НГУ. Серия: История, филология.* 2009. Том 8, выпуск 3: Археология и этнография с. 212–221.
11. Balanovska E., et al. Population Biobanks: Organizational Models and Prospects of Application in Gene Geography and Personalized Medicine. // *Russian Journal of Genetics.* – 2016. – v.52, №12. – p.1227-43.
12. Khussainova E., et al. Genetic Relationship Among the Kazakh People Based on Y-STR Markers Reveals Evidence of Genetic Variation Among Tribes and Zhuz. // *Front. Genet.* 12:801295.
13. Ilumäe, A. M., et al. Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families. // *American journal of human genetics,* 99(1), p. 163–173.
14. Zhabagin, M., et al, The medieval Mongolian roots of Y-chromosomal lineages from South Kazakhstan. // *BMC Genet.* - 2020. - 21, 87.
15. F. Delfin, et al. Bridging near and remote Oceania: mtDNA and NRY variation in the Solomon Islands. // *Mol. Biol.*- 2012. - v. 29, p. 545–564.
16. Aibilev S., et al. The Y chromosome C3* star-cluster attributed to Genghis Khan's descendants is present at high frequency in the Kerey clan from Kazakhstan. // *Human Biology:* v. 84: Iss. 1, Article 4.
17. Wen, S.-Q., et al. Y-chromosome Evidence Confirmed the Kerei-Abakh Origin of Aksay Kazakhs. // *J. Hum. Genet.* -2020.- 65, p. 797–803.

УДК 616.896

АУТИЗМ ДАМУЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ АСПЕКТІЛЕРІ

Құдайбергенова Назым Қуатқызы, Арыстанова Шолпан Есқуатовна
Л.Н.Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан
nazyeka04@gmail.com

Кіріспе. Аутизм - бұл қарым-қатынасқа, әлеуметтік өзара әрекеттесуге және мінез-құлыққа әсер ететін орталық жүйке жүйесі дамуының бұзылуы. Дегенмен,