

ӨОЖ 575

С. СЕЙТОВ<sup>1</sup>, Р. БЕРСИМБАЕВ<sup>1,2</sup>, О. СМАҒҰЛОВ<sup>3</sup>**ЖЕРГІЛІКТІ ПОПУЛЯЦИЯНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ЖІКТЕЛУІ**

Алматы облысының биік таулы аймағында мекендейтін жергілікті популяцияның гендік әртүрлілігі гапто-глобин және фосфоглюкомутаза 1 полиморфтық биохимиялық жүйелері бойынша зерттелген.

Жалпы жеке популяциялардың пайда болуымен байланысатын генетикалық жүйелер генотиптік жиіліктерінің деңгейлері бойынша әр қашанда өзгешеленіп тұрады. Бұл жағдай бірлескен биік таулы аймақта мекендейтін жергілікті қазақ және салыстырмалы қырғыз популяцияларымен бірге серологиялық зерттеу үрдістерінде анықталды. Гендік жиіліктердің ауытқушылығын немесе гендік жіктелуді Райттың F-статистика терминімен қатар қазіргі кезде гендік әртүрліліктің немесе гетерозиготалықтың терминдерімен көрсетуге мүмкіндік бар [1].

Жұмыста Алматы облысы биік таулы Кеген аймағында мекендейтін жергілікті қазақ популяциясының генетикалық құрылымын толық анықтау мақсатымен популяцияның гендік әртүрлілігі бойынша зерттеулер жүргізілді. Жалпы бұған дейін Қазақстанда тұратын халықтар мен қазақтар арасында мұндай зерттеу жұмыстары жүргізілмеген.

**Материалдар мен әдістер**

Популяциялардың гендік жіктелуін зерттеу үшін бір популяциядан келесі популяцияға дейін гендік жиіліктері елеулі ауытқушылықтарымен сипатталатын, полиморфизмі айқын көрінетін және сонымен бірге генетикалық, функциялық және құрылымдық жақтарынан тәуелсіз болатын генетикалық жүйелері қарастырылады. Мұндай талаптарға сәйкес келетін (Hr) гаптоглобин және (PGM1) 1 фосфоглюкомутаза биохимиялық полиморфтық жүйелері.

Сонымен гендік жіктелуді зерттеу үшін Кеген өңіріндегі қазақ, Қырғызстанда Сары-Таш пен Талас аймақтарындағы қырғыз популяциялары және әдеби көздерінен алынған қазақ пен қырғыз этникалық топтары бойынша Hr және PGM1 локустарының аллельдік жиіліктері алынды [2, 3]. Зерттеу әдістемесіне сәйкес популяциялар мен этникалық топтар субпопуляцияларға бөлінген.

Гендік жіктелу әдісі популяциялардың ішкі және парлап салыстырмалы популяциялар арасындағы кездейсоқ кездескен екі гендердің сәйкестік ықтималдығына негізделеді. Жалпы по-

пуляцияның ( $H_T$ ) гендік гетерозиготалығы субпопуляцияның ( $H_S$ ) ішкі гендік әртүрлілігіне және субпопуляциялардың ( $D_{ST}$ ) аралық гендік айырмашылығына бөлінеді. Бұл анықтамаларды байланыстыратын қатынастың түрі:  $H_T = H_S + D_{ST}$ . Популяцияның гендік жіктелу коэффициентін анықтайтын қатынас:  $G_{ST} = D_{ST} / H_T$ . Бұл анықтама популяциялардың (этникалық топтардың) окшауланғандық дәрежесін бағалайды [1].

**Алынған нәтижелер және оларды талқылау**

Hr полиморфтық жүйесі бойынша қазақ субпопуляцияларының есеппен анықталған гендік жіктелу анықтамаларының жүйеленген орташа деңгейлері 1-ші кестеде берілген.

1-кесте. Қазақ субпопуляциялары үшін

**Hr локусы бойынша гендік жіктелу анықтамалары**

Ішкі гендік сәйкестіктердің орташа деңгейі	$I_S = 0,5522$
Гендік әртүрліліктердің орташа деңгейі	$H_S = 0,4478$
Аралық гендік айырмашылықтардың орташа деңгейі	$D_{ST} = 0,0092$
Жалпы қазақ популяциясының гендік сәйкестігі	$I_T = 0,5430$
Жалпы қазақ популяциясының гендік әртүрлілігі	$H_T = 0,4570$
Гендік жіктелу коэффициенті	$G_{ST} = 0,0201$

Жалпы қазақ этникалық тобы үшін Hr гаптоглобин бойынша гендік сәйкестіктің деңгейі 0,5144–0,6002 шегінде ауытқиды және оның орташа деңгейі 0,55 тең. Кеген қазақтарының гендік сәйкестік пен гетерозиготалық деңгейлері (сәйкесінше 0,58 және 0,42) анықтамалардың қырғыз популяциясы бойынша деңгейлеріне өте жақын болып келеді (сәйкесінше 0,57 және 0,43 тең). Сонымен, гендік жіктелу бойынша Кегеннің қазақ популяциясы мен қырғыз популяцияларының сәйкестігі мен гетерозиготалықтары жақын көрсеткіш деңгейлерімен сипатталады. Қазақ популяцияларының аралық гендік сәйкестігінің анықтамалары 0,50–0,59 шегінде ауытқиды. Қырғыз популяциялары үшін аталмыш

анықтаманың төменгі шегі сәл жоғары: 0,54–0,59.

Жалпы қазақ пен қырғыз популяцияларының аралық гендік айырмашылықтары өте төмен деңгейлерімен сипатталады, яғни сәйкесінше 0,0092 және 0,0060 тең. Мұндайда гендік айырмашылық гендік сәйкестік пен гетерозиготалықтың анықтамаларымен бірге қазақ пен қырғыз халықтарының этногенез жөніндегі сәйкестіктің белгісі болу керек.

Осылайша PGM1 локусы бойынша анықталған жалпы қазақ пен қырғыз этникалық топтары үшін салыстырмалы анықтамалардың (гомозиготалық және гетерозиготалық бойынша) деңгейлері өте жақын арада байқалды. Қазақ популяцияларының аралық гендік сәйкестіктерінің деңгейлері 0,5552–0,7858 аралығында ауытқиды. Қырғыз популяциялары арасындағы аталмыш анықтаманың деңгейлері жалпы қазақтарға жақын.

Қазақ пен қырғыз этникалық топтарын құрайтын популяциялар үшін гетерозиготалықтың және олардың компоненттерінің орташа деңгейлері төмендегіні көрсетеді: этникалық топтардың әр қайсысы үшін  $H_r$  локусына қатысты орташа гетерозиготалық арқылы анықталған генетикалық гетерогенділігінің деңгейлері өзара бірдей жақындықта. Қазақ этникалық тобындағы гетерозиготалықтың деңгейі 0,4570 тең. Анықтаманы құрайтын популяциялардың ішкі және аралық гендік айырмашылықтардың орташа деңгейлері, сәйкесінше  $H_s=0,4478$  және  $D_{ST}=0,0092$  тұрады. Қазақ этникалық тобы үшін  $H_r$  локусы бойынша гендік жіктелу коэффициенті  $G_{ST}=0,0201$  тең, яғни 2,01%.

Қырғыз этникалық тобындағы жалпы гендік әртүрліліктің орташа деңгейі 0,4368 тең; бұны құрайтын популяциялардың ішкі гендік әртүрлілігі (0,4308) және аралық гендік айырмашылығы (0,0060). Қырғыздар үшін гендік жіктелу коэффициенті  $G_{ST}=0,0137$  тұрады, яғни 1,37 % тең.  $H_r$  локусы бойынша қазақ және қырғыз этникалық топтары үшін жалпы гендік жіктелу коэффициенті 1,69% тең. PGM1 локусы бойынша гендік жіктелу коэффициенті қазақ пен қырғыз этникалық топтары үшін, сәйкесінше 3,45 және 6,87% құрайды. Бұл анықтамаларға қарағанда қазақ пен қырғыз популяциялары арасындағы гендік айырмашылықтарының деңгейлері төмен, яғни жалпы гетерозиготалықта бұл анықтаманың үлесі азғантай. PGM1 локусы бойынша қазақ және қырғыз этникалық топтары үшін жалпы гендік жіктелу коэффициенті 5,16 % тең.

Жалпы екі локус бойынша алынған қазақ пен қырғыз этникалық топтары үшін гендік жіктелудің жалпы гетерозиготалығының деңгейі шамамен 0,41

тең. Бұны құрайтын жалпы популяцияның ішкі гендік әртүрлілігі және аралық гендік айырмашылығы, сәйкесінше 0,39 (96,75%) және 0,01 (3,25%). Көрініп тұрғандай, жалпы гетерозиготалықтың басым үлесін құрайтын этникалық топтардың ішкі гендік әртүрлілігі. Алынған нәтижелер В. А. Спицын тете авторларымен бірге ТМД жерінде тұратын Солтүстік Азия монғолоидтардың әртүрлі этникалық топтарына жататын популяциялардың гендік әртүрлілігін зерттеу арқылы алынған мәліметтерімен жақсы сәйкестенеді. Зерттеу нәтижелері бойынша олар әртүрлі этникалық топтардың ішкі генетикалық гетерогендік деңгейлерін 0,39–0,50 аралығында тапқан болатын [1].

Жалпы гендік әртүрлілікті популяциялардың аралық және ішкі популяциялық компоненттеріне бөлгенде, гендік әртүрліліктің негізгі үлесі ішкі популяциялық деңгейінде белгіленеді және популяциялардың аралық гендік айырмашылықтары ең азғантай компонентін құрайды. Компоненттердің ара қатыстарының орташа деңгейлері, сәйкесінше 96,75 ( $H_s$ ) және 3,25 ( $D_{ST}$ ) пайыздарын құрайды. В. А. Спицынның зерттеу нәтижелерінде бұл анықтамалардың деңгейлері, сәйкесінше 98,82 ( $H_s$ ) және 1,18 ( $D_{ST}$ ) пайыздарға тең [1].

Қазақ этникалық тобы үшін екі локустары бойынша  $G_{ST}=0,0273$  тұрады, қырғыздар үшін  $G_{ST}=0,0412$  тең. Бұл ТМД жеріндегі Солтүстік Азияның этникалық топтары бойынша анықталған көрсеткіштер шегінен жоғары. В. А. Спицынның зерттеуі бойынша, әртүрлі этникалық топтары үшін бұл коэффициенттің деңгейлері 0,0038–0,0198 шегінде болмақ [1].

Екі этникалық топтар үшін жалпы гендік жіктелу коэффициенті 3,42% құрайды. Сонымен, популяциялар аралығындағы генетикалық әртүрлілік деңгейі, мысалы В. А. Спицынның зерттеуі бойынша анықталған 1,19 % тең деңгейінен тәжірибелі 3 есе жоғары, ал жалпы Солтүстік Азия халықтарының жергілікті популяциялары бойынша гендік жіктелу деңгейіне (10,13%) қарағанда айтарлықтай төмен, бірақ сібір этносының «эталон» есебінде қаралатын деңгейіне (3,5%) өте жақын [3].

Гаптоглобин және фосфоглюкомутаза генетикалық жүйелері бойынша қазақ этникалық тобының  $H_T$  жалпы гендік әртүрлілігінің орташа деңгейі (0,4120) Солтүстік Еуразиядағы бұл анықтаманың орташа деңгейінен (0,4069) жоғары, бірақ әлем деңгейінен (0,4205) төмен (2-ші кесте). Яғни қазақтар тұратын аймағы жалпы гендік әртүрлілігінің жоғары деңгейімен сипатталады және бұл аймақ Солтүстік Еуразияда ең генетикалық полиморфтық аймағы деп болжамдауға мүмкіндік бар. Бұл гене-

2-кесте. Қазақтардың жалпы гендік әртүрлілігі мен гетерозиготалығын әлем және Солтүстік Еуразия деңгейлерімен салыстыру

Локустың белгісі	Жалпы гендік әр түрлілік ( $H_p$ )			Гетерозиготалық ( $H_s$ )		
	Әлем бойынша	Солтүстік Еуразия бойынша	Қазақтардың аймағы бойынша	Әлем бойынша	Солтүстік Еуразия бойынша	Қазақтардың аймағы бойынша
Hp	0,4965	0,4412	0,4570	0,4222	0,4310	0,4478
PGM1	0,3446	0,3727	0,3671	0,3268	0,3535	0,3544
Орташа деңгейлері	0,4205	0,4069	0,4120	0,3745	0,3922	0,4011

тиканың мынадай бір тезисін растайды: әлемнің ең жоғары деңгейіне жеткен жалпы гендік әртүрліліктің деңгейі бұрынғы КСРО халқының еурпеоидтық бөлігіне ғана емес, тағы да оның Солтүстік Еуразияның тұрғын халқын құрайтын монғолоидтық бөлігіне де тән қасиет болып табылады. Әрі қазақтардың  $H_s$  гетерозиготалығының орташа деңгейі (0,4011) Солтүстік Еуразиядағы бұл анықтаманың орташа деңгейінен (0,3922) сәл жоғары. Бірақ әлем деңгейінен (0,3745) айтарлықтай артып кеткен [3].

Аталмыш генетикалық жүйелер бойынша нақты гендердің функциялық жүктелуі мен ерекше қасиеттерінен тәуелсіз осы жұмыстың зерттеуіне қатысты бүгінгі қазақ этникалық тобы Солтүстік Еуразия мен әлемнің халықтарына қарағанда көбірек гетерозиготты болып көрінеді. Жұмыстың зерттеу үрдісіне қазақ этникалық тобы кездейсоқ түрде алынғандықтан, ұсынылып отырған түйінді жалпы қазақ халқына тарату мүмкіншілігі бар деп болжамдау. Сонымен бірге тектік қордың гетерозиготалығы бойынша мұндай жоғары және берік деңгейді, ол Қазақстан мен Солтүстік Еуразия халықтарының тарихи-географиялық топтарының көп ғасырлық және көп мыңдаған әрекеттестік шарттарында олардың тектік қор бөліктерінің дәстүрлі және өзгеше сіндісуін бір мағыналы болғандығын көрсетіп тұрғандай.

Сонымен, Кегеннің жергілікті қазақ популяциясының гендік жіктелуін зерттеу үрдісі және жалпы этникалық топтарымен салыстырмалы талдау бұл популяцияның гендік әртүрлілігі жалпы гендік жіктелу бойынша көрініске сай екені анықталып отыр. Олай болса осы жұмыста көрсетілген гендік жіктелудің зерттеу үрдісі қандай болса да қазақ популяциясына таратуға мүмкіндік бар деуге болады.

#### ӘДЕБИЕТТЕР

1. Стилцин В.А., Казаченко Б.Н., Шебан Г.В. Генная дифференциация среди коренного населения северной Азии: степень генного разнообразия на различных уровнях иерархической структуры // Популяционно-генетические исследова-

ования народов южного Урала. Уфа: РИСО БФАН СССР, 1981. С. 72-82.

2. Сейітов С.Б., Смағұлов О. Популяциялардағы гендердің жиіліктерін бағалау (биік тауда мекендейтін қазақ популяциясының үлгісіне орай) // ҚХУ Хабаршысы. Биология сериясы. 2006. № 2(28). Алматы: ҚазҰУ баспасы, 2006. 51-55 б.

3. Генофонд и геногеография народонаселения / Под ред. Ю. Г. Рычкова. Т. 1. Генофонд населения России и сопредельных стран. СПб.: Наука, 2000. 611 с.

#### Резюме

В целях более полного изучения генетической структуры популяции, обитающей в горной местности Алматинской области, исследуется генетическая дифференциация популяции по генетически полиморфным системам гаптоглобина и фосфоглюкомутазы 1.

#### Summary

With aim of detailed study of population genetic structure, which inhabits mountain terrains of Almaty district, genetic differentiation by genetically polymorph systems of haptoglobin and phosphoglucosmutazis 1 was put in research.

<sup>1</sup>Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті;

<sup>2</sup>ҚР БҒМ жалпы генетика және цитология институты,

<sup>3</sup>Ш. Ш. Уәлиханов атындағы тарих

және этнология институты 03.03.06 ж. түскен күні