

ҚАЗАҚСТАН МЕН ОРТА АЗИЯНЫҢ БИІК ТАУЛЫ АЙМАҚТАРЫНДАҒЫ ЖЕРГІЛІКТІ ПОПУЛЯЦИЯЛАРДЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ АРАҚАШЫҚТЫҚТАРЫ

Жергілікті популяцияларды серологиялық зерттеу үрдістерінің логикалық жалғасы болатын – популяциялардың генетикалық арақашықтарын зерттеу. Бұндай зерттеу, мысалы, жергілікті популяциялардың көптеген генетикалық маркерлеріне қоршаған ортаның әсер ету ұқсастығына негізделген генетикалық жақындық дәрежесі бойынша алынған нәтижені нақтылауға және сол популяциялар жөнінде қосымша нәтижелерді алуға мүмкіндік береді.

Сонымен, Қазақстандағы Тянь-Шань тау етегінен Қырғызстанның Памир тау басына дейін жайылған бірлескен таулы ортасында мекендейтін қазақ, ұйғыр және қырғыз жергілікті популяцияларды жеті генетикалық полиморфтық жүйелері бойынша серологиялық зерттеу нәтижелерінде аталмыш популяциялары аралығындағы генетикалық жақындық дәрежелері әр түрлі екені анықталды [1].

Осы жұмыста серология бойынша алынған нәтижелерді растау немесе теріске шығару мақсатымен аталмыш популяциялардың генетикалық арақашықтықтарын зерттеуі жүргізіліп отыр.

Материалдар мен әдістер

Зерттеуге алынған объект ретінде Жетісудегі Кеген аймағының (биіктігі теңіз деңгейінен 2100 м жоғары) қазақ популяциясы, салыстырмалы популяциялары ретінде Алматы облысы Пянь ауылының (биіктігі теңіз деңгейінен 600 м жоғары) ұйғыр, Қырғызстанның Талас (биіктігі теңіз деңгейінен 900 м жоғары) және Сары-Таш (биіктігі теңіз деңгейінен 3200 м жоғары) аймақтарының қырғыз популяциялары. Популяциялар мекендейтін аймақтар әртүрлі климаттық-географиялық сипаттамаларымен белгіленеді [2].

Генетикалық ара қашықтықтарды зерттеу үшін бастапқы мәліметтері ретінде Hр, Сх3, Gc, PGM1, GLO1, EsD, AcP генетикалық полиморф-тық жүйелері бойынша жергілікті популяцияларды серологиялық зерттеу кезеңінде анықталған генотиптік жиіліктерінің анықтамалары және оларды талдау арқылы алынған нәтижелері пайдаланылды [1, 3].

Генетикалық арақашықтықтар әр түрлі әдістер арқылы анықталады: олардың авторлары M. Nei (1972), R. Knussmann (1962), M. Б. Малюттов және В. П. Пасеков (1971) [4–6]. Ней әдісі арқылы анықталған генетикалық арақашықтықтары қос популяциялары үшін локустардың полиморфизмі жөнінде генетикалық сәйкестіктің өлшемін сипаттайды. X және Y жергілікті популяциялары үшін Нейдің формуласы төмендегідей түрде [4]:

$$D = -\ln(I_{xy} / \sqrt{I_x \cdot I_y}),$$

(1)

мұнда I_x , I_y және I_{xy} – X және Y популяцияларында кездейсоқ түрде таңдалған екі гендер бойынша сәйкестіктің бірыңғайланған ықтималдықтары; x , y – X және Y популяцияларындағы локустардың аллельдік жиіліктері.

Нейдің пікірі бойынша (1) формуланың көмегімен популяциялар аралығындағы локусқа қатысты жалпы кодондық айырмашылықтары өлшенеді. Осылай болғандықтан бұл формула биологиялық маңыздылықты көрсетеді.

Алынған нәтижелер және оларды талқылау

Жергілікті қазақ, ұйғыр және қырғыз популяциялары аралығындағы генетикалық қашықтықтарын анықтау жолын гаптоглобин Hр локусы бойынша мысалымен көрсетіліп отыр.

Қазақ популяциясындағы гендік сәйкестіктің бірыңғайланған ықтималдығын (I_x) анықтау үшін Hр локустың Hr^1 және Hr^2 аллельдік жиіліктерінің анықтамалары (x_1 және x_2) есепке алынады [1]. Сонымен (1) формула арқылы анықтаманың көрсеткіш деңгейлері қазақ популяциясы үшін $I_x=0,580802$, ұйғыр популяциясы үшін $I_{y1}=0,608578$, Сары-Таштың қырғыздары үшін $I_{y2}=0,544301$, Таластың қырғыздары үшін $I_{y3}=0,555778$ тең болып табылды.

Қазақ популяциясы мен салыстырмалы популяцияларындағы екі кездейсоқ таңдалған гендердің сәйкестігі (I_{xy}) қалыпты түрдегі ықтималдық арқылы көрсетіледі. Сонымен, қазақ және ұйғыр популяциялары үшін $I_{xy}=0,593666$, қазақтар мен Сары-Таштың қырғыздары үшін $I_{xy}=0,560001$, қазақтар және Таластың қырғыздары үшін $I_{xy}=0,567134$ тең

болып табылды.

Сонымен Кегеннің қазақ және салыстырмалы ұйғыр популяцияларының арақашықтығы төмендегідей түрде анықталады:

$$D_{K-Y} = -\ln \left(\frac{I_{xy} = 0,593666}{\sqrt{(I_x = 0,580802) \cdot (I_y = 0,608578)}} \right) = 0,001451.$$

Осылайша Кегеннің қазақ популяциясы және Сары-Таш пен Таластың қырғыз популяциялары аралықтарындағы генетикалық қашықтықтар, сәйкесінше $D_{K-C-T} = 0,004018$ және $D_{K-T} = 0,001793$ тұрады.

Сонымен, Кегеннің қазақ популяциясы мен салыстырмалы популяциялары үшін 17 аллельдерге иеленген 7 тәуелсіз полиморфтық локустары бойынша генетикалық ара қашықтық деңгейлері қалыптама түрде кестеде жүйеленді.

Кеген қазақтарының салыстырмалы популяцияларына қатысты генетикалық ара қашықтықтар қалыптамасы

Генетикалық локус	Қазақ популяциясының генетикалық арақашықтығы		
	ұйғырлармен (Пянь)	қырғыздармен (Сары-Таш)	қырғыздармен (Талас)
Hр	0,00145	0,00402	0,00179
EsD	4,026E-5	9,920E-6	3,481E-4
GLO1	7,023E-4	0,00548	0,00180
PGM1	0,00431	0,01344	0,01222
C'3	0,00848	0,00005	0,00548
Gc	0,03406	0,00268	0,00304
AcP	0,01982	0,00002	0,01031
Орташа мәндері	0,00984	0,00367	0,00499

Қалыптамадан көрініп тұрғандай, Кегеннің қазақ популяциясы және ұйғыр мен қырғыз популяциялары аралықтарындағы генетикалық қашықтықтары әртүрлі деңгейлермен сипатталады. Сонда да жеке локус бойынша генетикалық арақашықтықтары серологиялық зерттеу барысында жиіліктердің байқалған деңгейлерімен сәйкестеніп тұр. Мысалы, Hр локусы бойынша қазақтардың салыстырмалы популяциялармен генетикалық арақашықтықтары мынадай қатар бойынша өседі: 0,00145 (Пянь) ® 150,00179 (Талас) ® ® >0,00402 (Сары-Таш). Бұл қатар аталмыш популяциялардың Hр локустың Hr^1 аллелінің жиілік деңгейлерінің өсу бағытына

сәйкес: 0,267 (Пянь) \otimes 0,333 (Талас) \otimes 0,349 (Сары-Таш) [3]. EsD локусы бойынша қазақ популяциясы Сары-Таштың қырғыздарына өте жақын – аталмыш популяциялардың осы локус бойынша EsD¹ аллелінің орташа жиіліктері тәжірибелі бірдей: қазақтар үшін 0,793 және Сары-Таштың қырғыздары үшін 0,796 тең [1]. Gc локусы бойынша қазақтардың салыстырмалы популяциялармен генетикалық арақашықтықтардың өсу қатары мынадай: 0,00268 (Сары-Таш) \otimes >0,00304 (Талас) \otimes \otimes 0,03406 (Пянь). Бұл қатар аталмыш популяциялардың Gc локустың Gc² аллелінің жиілік деңгейлерінің өсу бағытына сәйкес: 0,186 (Сары-Таш) \otimes \otimes 0,217 (Талас) \otimes 0,328 (Пянь). PGM1 локусы бойынша қазақтардың салыстырмалы популяциялармен генетикалық арақашықтықтардың өсу қатары 0,00431 (Пянь) \otimes 0,01222 (Талас) \otimes \otimes 0,01344 (Сары-Таш) аталмыш локустың PGM²₁ аллелінің жиілік деңгейлерінің өзгерілу қатарына сәйкес келеді: 0,178 (Пянь) \otimes 0,217 (Талас) \otimes \otimes 0,226 (Сары-Таш) [1, 3].

Жалпы айтқанда, Кегеннің қазақ популяциясы мен салыстырмалы популяциялардың генетикалық арақашықтық бойынша деңгейлерінің барлық локустар бойынша жалпыланған орташа деңгейі қазақ популяциясының қырғыз популяцияларына жақын екенін көрсетті. Серологиялық зерттеу нәтижесінде аталмыш популяциялардың ұқсастығын популяциялар мекендейтін аймақтардың климаттық-географиялық факторларының әсер ету дәрежесімен, алдымен географиялық бір ендікте орналасумен байланыстырылған. Дәлдікке келтірсек, сол қырғыз популяциялары арасынан Кегеннің қазақ популяциясына ең жақын Сары-Таштың қырғыздары болып тұр – арақашықтығы шамамен 0,004 тең, содан соң Таластың қырғыздары (арақашықтығы шамамен 0,005 тең). Серологиялық зерттеу үрдісінде Кеген мен Сары-Таш аймақтардың биіктік деңгейлері біркелкі және бұл аймақтарда мекендейтін популяциялар жуық бірдей қысылтаян жағдайларда тіршілік жасайтыны анықталған. Көрініп тұрғандай, популяциялардың генетикалық арақашықтарын зерттеу барысында қоршаған ортаның генетикалық деңгейде популяцияларға әсер ету мәселесі қозғалып тұр.

Сонымен, биік таулы аймақтарда мекендейтін жергілікті популяциялардың генетикалық арақашықтығын талдау барысында алынған нәтиже сероло-

гиялық зерттеу арқылы анықталған қазақ және салыстырмалы популяциялардың жақындық дәрежесі толық расталды.

ӘДЕБИЕТ

1. Сейітов С.Б., Смағұлов О. Популяциялардағы гендердің жиіліктерін бағалау (биік тауды мекендейтін қазақ популяциясының үлгісіне орай) // ҚҰУ Хабаршысы. Биология сериясы. 2006. №2(28). Алматы: ҚазҰУ баспасы, 2006. 51–55-бб.
2. Чупахин В.М. Высотно-зональные геосистемы Средней Азии и Казахстана. Алма-Ата: Наука, 1987. 256 с.
3. Сейітов С., Смағұлов О., Берсімбаев Р., Смағұлова А., Фақкини Ф., Фиори Дж. Жергілікті популяцияларды серологиялық зерттеу бойынша нәтижелер (әр түрлі биіктіктегі аймақтарды мекендейтін жергілікті популяцияларының үлгісіне орай) // ҚазҰУ Хабаршысы. Биология сериясы. 2006. №3(29).
4. Nei M. Genetic distance between population // Amer. Nat. 1972. V. 106.
5. Knussmann R. Moderne statistische verfahren in der Rassenkunde // Die neue Rassenkunde. Stuttgart, 1962.
6. Малютков М.Б., Пасеков В.П. Реконструкция родословных деревьев изолированных популяций. М., 1971. Препринт № 19.

Резюме

С целью уточнения результатов серологического исследования по множеству генетических маркеров локальных популяций, обитающих в горных районах, проводится исследование генетических расстояний популяций.

Summary

With aim to define results of serological research on genetic markers variety of local populations inhabiting in mountain regions populations' genetic length was put into investigation.

ЭОЖ 575

¹Әл-Фараби атындағы

Қазақ Ұлттық университеті;

²ҚР БҒМ жалпы генетика

және цитология институты;

³Ш. Уәлиханов атындағы тарих

және этнология институты 13.10.06 ж. түскен күні