УДК 591.8:504

[1] Т. Оспан, [1] С.Т.Нуртазин, [2] Б.О.Бекманов, [3]А.С.Кожамжарова
[1] Казахский национальный университет имени аль- Фараби
[2]НИИ общей генетики и цитологии
[3]Казахский Национальный медицинский университет имени С.Д.Асфендиярова

МОРФОЛОГИЧЕСКИЕ И ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ НЕКОТОРЫХ ПОПУЛЯЦИЙ БОЛЬШОЙ ПЕСЧАНКИ *(Rhombomys opimus Licht.,1823)* ЮГО-ВОСТОКА КАЗАХСТАНА

Аннотация. *Большая песчанка (Rhombomys opimus) является основным переносчиком носителей различных бактериологических, вирусных и риккетсиозных заболеваний на территории Средней Азии, Монголии и Китая. В основном населяет аридные и семиаридные зоны. Межпопуляционные различия и взаимодействия большой песчанки остаются малоизученными, несмотря на их большую роль для понимания и предсказания распространения эпизоотий. Целью работы являлось выявление современного состояния популяций большой песчанки, населяющих Южное Прибалхашье. Приводятся результаты краниометрических измерений и PCR-RFLP анализа митоходриального гена цитохрома В из популяций большой песчанки в исследованном районе. На основании полученных результатов, можно говорить о высоком родстве изучаемых популяций песчанок, а также об их возможном общем происхождении.*
Ключевые слова*: популяции большой песчанки (Rhombomys opimus Licht.,1823), ген цитохрома b, краниометрия, эколого-биологические особенности, аридизация,*

1. Ведение

Большая песчанка (*Rhombomys opimus Licht.,1823*) широко распространена в Казахстане и в сопредельных странах Центральной Азии. Кроме роли данного вида в функционировании пустынных экосистем, занимающих о 44% территории Казахстана, эти грызуны являются носителями особо опасных зоонозных инфекций, представляющих опасность для человека, домашних и диких животных. [1,2]. При этом существует высокая степень сочетанности очагов различных видов особо опасных бактериальных и вирусных инфекций, которая вызвана экологической близостью и совместным существованием в одних ландшафтах нескольких видов возбудителей, наличием общих для них видов переносчиков и носителей, сходством или идентичностью паразитарных систем, а в ряде случаев формированием общей паразитарной системы [3,4].

По классическим представлениям чума в природе существует как сложная трехчленная паразитарная система - возбудитель чумы (*Yersinia pestis*) - членистоногие переносчики (обычно блохи и клещи) - теплокровные носители. Современные данные говорят о наличии четвертого компонента системы - почвенных беспозвоночных [5]. Наиболее распространенная в природных очагах Казахстана паразитарная триада представлена возбудителем чумы *(Yersinia pestis),* переносчиками- блохами рода *Xenopsylla* и основным носителем-большой песчанкой [6,7].

Следует отметить, многие важные в теоретическом и практическом отношении вопросы биологии и экологии большой песчанки остаются малоизученными. Среди них можно назвать подвидовую дифференциацию и межпопуляционные отношения, хорологические особенности в различных частях ареала вида, многие аспекты этологии, генетические и эпигенетические внутрипопуляционные характеристики песчанок, определяющие их резистентность и специфичность взаимоотношений с возбудителями и переносчиками особо опасных инфекций в процессе коэволюции [8,9].

2. Материалы и методы

2.1 Регион обследования и климат

Исследуемая территория представляет собой слабонаклонённую к северу равнину южного Семиречья, (высота 300—500 м над уровнем моря), пересечённая сухими руслами — баканасами, с массивами грядовых и сыпучих песков (Сары-Есик-Отрау, Таукум). Почвенно-растительный покров очень разнообразен. В равнинной части — полупустынная и пустынная, полынно-солянковая растительность с зарослями саксаула; весной характерны эфемеры и эфемероиды на глинистых бурозёмах. Имеются солончаки. Специфика климатических условий территории состоит в резкой континентальности и аридности климата. Это выражается в значительных суточных и годовых колебаниях температуры и в малом количестве атмосферных осадков (100-280 мм/год) при высокой испаряемости (до 1000-1200 мм/год) и в значительной сухости воздуха. Сумма активных температур выше 10^0С в описываемом природном очаге колеблется от 3100^0С до 3860^0С [10, 11].

Рисунок 1 - Карта популяций большой песчанки в Балхаш -Алакольской впадине

2.2 Краниометрические исследования

Краниометрические данные изучаемых популяций анализировались с помощью критерия типа Колмогорова-Смирнова [12] и метода главных компонент [13] по следующим показателям черепа: *L1*- общая длина черепа, *L2*-кондило-базальная длина черепа, *L3*-длина лицевой части, *L4*- длина мозговой части, *L5*- длина носовой части, *L6*-длина ряда коренных зубов, *S1*- ширина межглазничного промежутка, *S2*- скуловая ширина, *S3*- максимальная ширина черепа, *Hm* - максимальная высота черепа, *H*- высота черепа от затылочной кости. Все данные записывались в бланки, затем переносились в электронную базу данных, статистический анализ производился в программе MC Excel. Вышеуказанные промеры черепа измерялись штангенциркулем.

2.3 PCR-RFLP analysis

Выделение образцов ДНК. Для экстракции тотальной ДНК использовали комплект реагентов *QIAamp DNA MiniKit* (*Qiagen,* США). ДНК выделены с помощью протокола фирм производителей. Количественную и качественную оценку выделенных ДНК проводили с помощью ДНК-фотометра (*BiofotometerPlus, Eppendorf,* Германия) и агарозного электрофоретического анализа. Для фотометрического анализа проводили измерение адсорбции водных растворов ДНК при трех длинах волн: 260 нм, 280 нм и 320 нм. Размер молекул ДНК, также как наличие примесей РНК определяли методом электрофореза в 0,7% агарозном геле после окрашивания бромистым этидием. Визуализация ДНК, РНК проводилась с помощью гельдокументирующей системы *Quantum-ST5* (*Vilber Lourmat*, Франция).

ПЦР анализ. Для проведения амплификации ДНК исследуемых проб использовали ПЦР-смесь с *Taq*-полимеразой, *PCR Master Mix* (*ThermoScientific,* США). Амплификацию проводили в автоматическом режиме на программируемом амплификаторе *Mastercycler nexus Gradient* (*Eppendorf*, Германия) с использованием приема «горячий старт». При этом пробирки с реагентами помещали в амплификатор, нагретый до температуры 93-94°С. Данный прием позволяет избежать неспецифического отжига праймеров.

Для анализа были использованы праймеры $UN_{FOR}403$ (5-TGA GGA CAA ATA TCA TTC TGA GG-3) и $UN_{REV}1025$ (5-GGT TGT CCT CCA ATT CAT GTT A-3). Праймеры были синтезированы на синтезаторе олигонуклеотидов ASM800 (Новосибирск, Россия) в лаборатории молекулярной генетики Института общей генетики и цитологии (Алматы, Казахстан). Условия ПЦР реакции были следующими: начинающий 95°С 5 минут, после этого 35 циклов содержащий 95°С 1 минута, 58°С 1 минута и 72°С 1 минута. После этого завещающий этап содержал 72°С 7 минут. Продукты ПЦР реакции анализировали в 1% агарозном геле при окрашивания бромистым этидием и визуализации с использованием трансиллюминатора в ультрафиолетовом свете. Размер исследуемого митохондриального гена цитохром*b* (Cyt*b*) составляло 624 п.н.

Рестрикционный анализ.

Для рестрикционного анализа использовали эндонуклеазы *HaeIII*, *HinfI*, *AluI* и *SspI* (*ThermoScientific,* США). Каждый полученный ПЦР продукт (по 5 µl) был разделен на 4 пробирки для проведения рестрикции отдельно четырьмя эндонуклеазами. Для *HaeIII* рестрикция проводилась в присутствии 0,5 µl эндонуклеазы *HaeIII* (10/µl), 1µl 1x *BufferR*, 8,5 µl ddH_2O; для *HinfI* – 0,5 µl эндонуклеазы *HinfI* (10/µl), 1µl 1x *BufferR*, 8,5 µl ddH_2O; для *AluI* – 0,5 µl эндонуклеазы *AluI* (10/µl), 1µl 1x *CutSmart™ Buffer*, 8,5 µl ddH_2O; для *SspI* – 0,5 µl эндонуклеазы *SspI* (10/µl), 1µl 1x *BufferG*, 8,5 µl ddH_2O. Рестрикция для всех эндонуклеаз проводилась 16 ч. при 37ºС. Продукты рестрикции анализировались в 2,5% агарозном геле (*ThermoScientific,* США) с добавлением для визуализации бромистого этидия с помощью гельдокументирующей системы *Quantum-ST5* (*Vilber Lourmat*, Франция).

3. Результаты

3.1. Влияние климатических факторов на популяции большой песчанки

Размножение и выживание большой песчанки зависят от условий окружающей среды. Показано, что плотность популяции, а также размер и структура социальных групп боьшой песчанки меняются ежегодно, в зависимости от изменения условий, в частности, таких как количество атмосферных осадков и температура. Годы со сравнительно высоким количеством зимних и весенних осадков отличаются хорошим развитием растительности, обильной кормовой базой, что стимулирует весеннее размножение и образование больших семейных групп большой

песчанки. Напротив, показано, что двухлетняя засуха обусловливает слабое развитие весенней растительности, а недостаток корма ведет к уменьшение численности и плотности населения колоний большой песчанки вследствие повышенной смертности животных, особенно молодняка. Доступность суккулентов также является фактором выживания грызунов в жаркое лето [14,15, 16].

3.2. Краниометрическое исследование большой песчанки из разных популяций.

Анализ данных, выявил большое сходство между некоторыми популяциями из Балхаш-Алакольской впадины (График 1). Песчанки из Баканасской равнины, правобережья р. Или и Таукумов были наиболее близки друг другу по своим краниологическим особенностям. При этом как самцы, так и самки песчанок Баканасской равнины и правобережья р. Или (Панфиловский р-н) были статистически идентичными. Примечательно, что песчанки из Джунгарских ворот (окрестности о. Жаланашколь) не были столь близки как ожидалось.

Таким образом, было установлено, что в Балхаш-Алакольской впадине в данный исторический отрезок времени существует два региональных комплекса (Прибалхашский и Джунгарский), что подтверждается результатами исследований краниологических особенностей различных популяций и, косвенно, эпизоотической активностью возбудителя чумы на указанных территориях. [17]

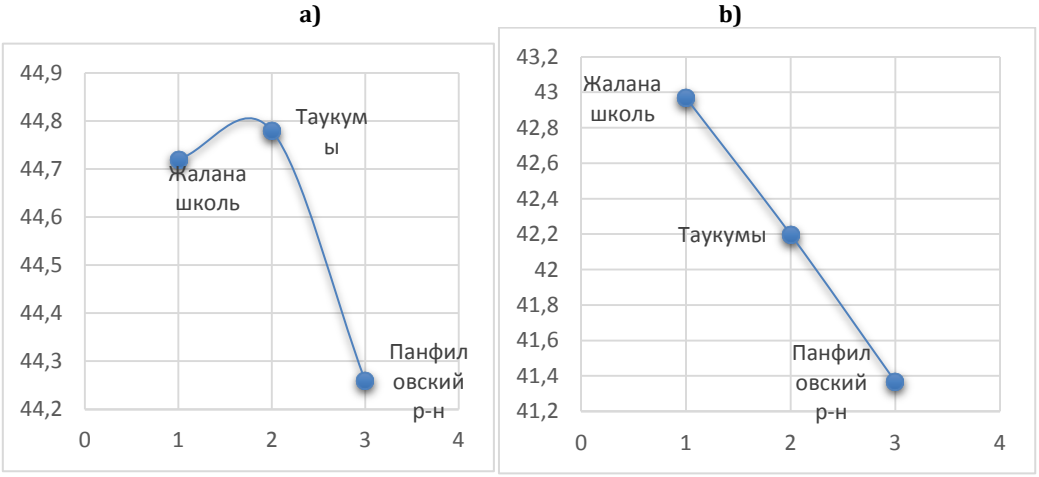

График 1 - Размеры черепов самцов(a) и самок (b) больших песчанок из разных популяций

(c)ПЦР-ПДРФ

Результаты последовательного проведения ПЦР-ПДРФ анализа по четырем эндонуклеазам (*Alu*I, *Hae*III, *Hinf*I и *Ssp*I) 10 популяций песчанок представлены на рисунках 1-4 (рисунки 1-4). Показаны популяции с наибольшей вариабельностью.

А) Б)

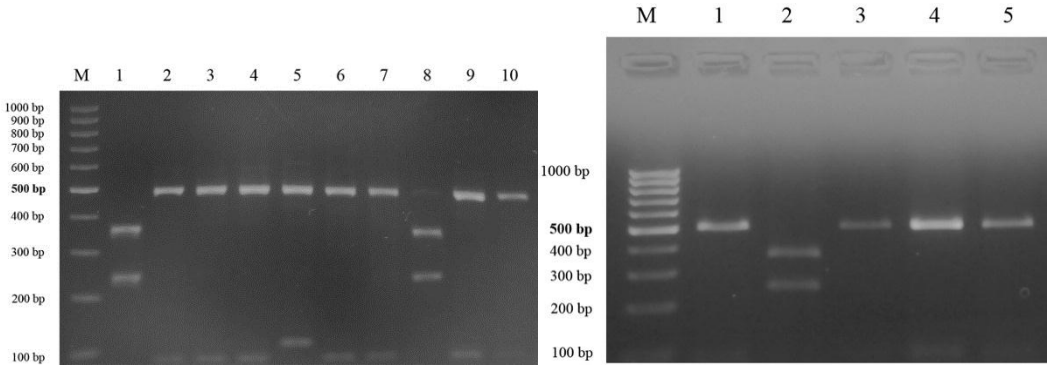

Рисунок 2 - Анализ мтДНК гена *Cyt b* методом ПЦР-ПДРФ Казахстанских популяций *Rhombomys opimus* с использованием эндонуклеаз *Alu*I. М – молекулярный маркер; 1-10 – образцы. А – популяция Сарыесикатрау; Б – популяция Карадалинская

Ген *Cyt b* обработанный эндонуклеазой *Alu*I показывает два специфических ДНК-профиля для популяции Сарыесикатрау (рисунок 2 (А)) и один ДНК-профиль для популяции Карадалинская (рисунок 2 (Б)). В остальных исследованных популяциях продукты рестрикционного анализа оставались интактными или демонстрировали один профиль.

А) Б)

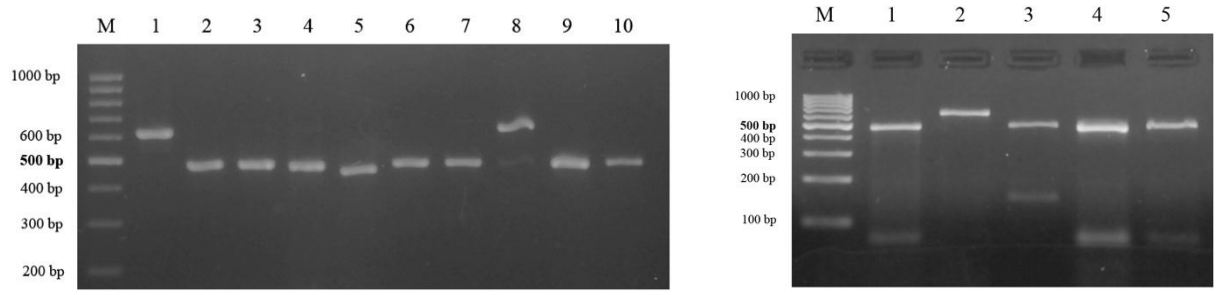

Рисунок 3 - Анализ мтДНК гена *Cyt b* методом ПЦР-ПДРФ Казахстанских популяций *Rhombomys opimus* с использованием эндонуклеаз *Hae*III. М – молекулярный маркер; 1-10 – образцы. А – популяция Сарыесикатрау; Б – популяция Карадалинская

Ген *Cyt b* обработанный эндонуклеазой *Hae*III показывает два специфических ДНК-профиля для популяции Сарыесик-отрау (рисунок 3 (А) и три ДНК-профиля для популяции Карадалинская (рисунок 3 (Б)). В остальных исследованных популяциях продукты рестрикционного анализа оставались интактными или показали один профиль.

А) Б)

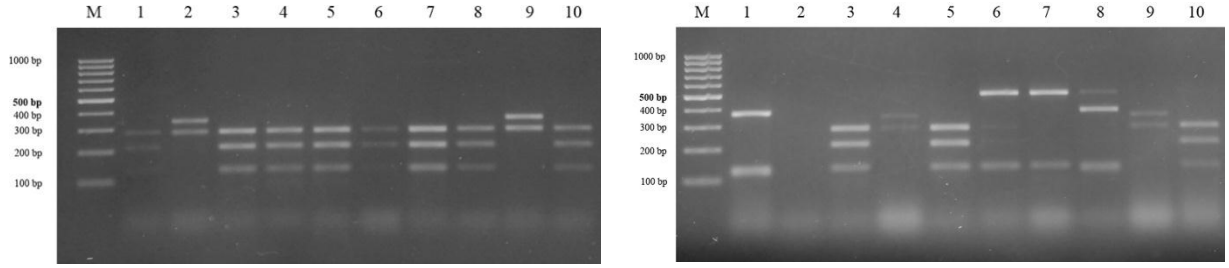

Рисунок 4 - Анализ мтДНК гена *Cyt b* методом ПЦР-ПДРФ Казахстанских популяций *Rhombomys opimus* с использованием эндонуклеаз *Hinf*I. М – молекулярный маркер; 1-10 – образцы. А – популяция Таукумская; Б – Сарыесикатрау

Ген *Cyt b* обработанный эндонуклеазой *Hinf*I показывает два специфических ДНК-профиля для популяции Таукумская (рисунок 4 (А)) и пять ДНК-профилей для популяции Сарыесикатрау (рисунок 4 (Б)). В остальных исследованных популяциях продукты рестрикционного анализа оставались интактными или показали один профиль.

А) Б)

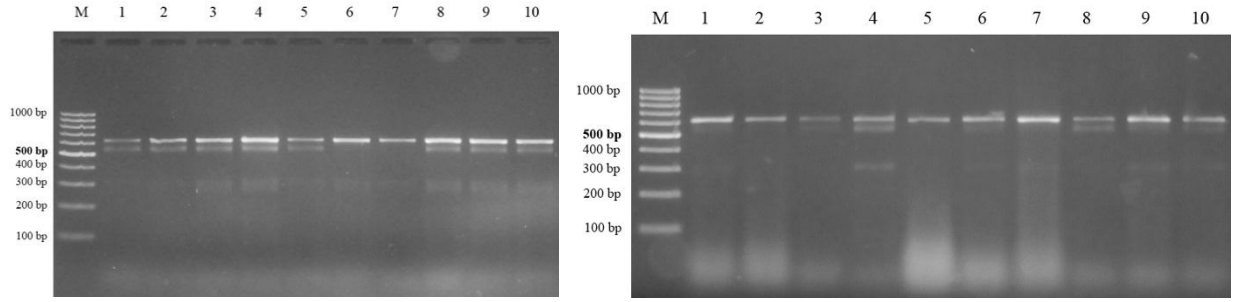

Рисунок 5 - Анализ мтДНК гена *Cyt b* методом ПЦР-ПДРФ Казахстанских популяций *Rhombomys opimus* с использованием эндонуклеаз *Ssp*I. М – молекулярный маркер; 1-10 – образцы. А – популяция Люккумская; Б – популяция Каракумская

Ген *Cyt b* обработанный эндонуклеазой *Ssp*I показывает два специфических ДНК-профиля как для популяции Люккумская (рисунок 5 (А)), так и для популяции Каракумская (рисунок 5 (Б)). В остальных исследованных популяциях продукты рестрикционного анализа оставались интактными или показали один профиль.

4. Обсуждение

Известно, что физико-географические и экологические барьеры могут препятствовать обмену особями между поселениями песчанок одного вида, вследствие чего возможно возникновение независимых популяций, представители которых различаются между собой как генетически, так и, естественно, фенетически. Так в Балхаш-Алакольской впадине [18, 19], выделяют 10 независимых популяций большой песчанки, основанные на

морфометрических данных, разделенных естественными географическими барьерами в виде рек, горных хребтов и т.п. (Рис. 1).

Пять популяций обитают в Южно-Прибалхашской впадине и их северная граница ограничена оз. Балхаш. При этом поселения Таукумской популяции находятся на левобережье нижнего течения реки Или, в песках Таукумы, напротив, на правобережье реки Иле, располагается наиболее обширная по площади и особенно активная в энзоотичном отношении Сары-Есикотраусская популяция, восточнее ее, отделенная р. Каратал на западе и р.Аксу на востоке-Люккумская популяция, еще восточнее, ограниченная реками Аксу и Лепсы, Аралкумская популяция, а за ней- Лепсы-Аягузская. Южнее от Прибалхашской группы популяций выделены четыре популяции большой песчанки, расположенные по реке Или выше Капшагайского водохранилища: на правобережье р. Или Приалтынэмельская и отделенная от нее Каракумская, а на левобережье Сюгатинская и Карадалинская, разделенные р. Шарын. Третьей группировкой является десятая популяция большой песчанки-Джунгарская, которая находится юго-восточнее оз. Алаколь. Все три региональные группировки, особенно Джунгарская, отделены друг от друга десятками и сотнями километров, включая горные системы. Такое мозаичное расположение трех группировок популяций большой песчанки в Балхаш-Алакольской впадине на значительном удалении друг от друга можно считать свидетельством прежнего, более широкого распространения песчанки в регионе.

Также известно, что полиморфизм длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ) может применяться для анализа гентического разнообразия и определения степени родства [20,21]. При этом наиболее часто используемыми ДНК-маркерами для идентификации внутривидовых и межвидовых различий в семействе *Muridae* являются митохондриальные гены *16S* и *Cyt b,* однако согласно данным исследований, ген *Cyt b* в 2,5 раза более вариабелен чем ген *16S* и, следовательно, более точно отражает генетическое расстояние между популяциями [22].

В нашем случае можно говорить о высоком родстве изучаемых популяций песчанок, поскольку преобладающее количество особей популяций показали сходные ДНК – профили, а также о возможном общем происхождении. Особи популяций Сары-есик-атрау и Карадалинския оказались наиболее полиморфными. Генетическое разнообразие, вызванное относительно высоким уровнем гетерогенности, имеет большое значение для экологической пластичности этих популяций [23]. Популяция Джунгарская, проявила гомогенность по отношению ко всем исследованным 4 эндонуклеазам, показывая один ДНК-профиль. В данном случае гомогенность может быть вызвана географической изоляцией и низким уровнем дрейфа генов. Недавние филогенетические исследования объединили отловленных в Южном Прибалхашье особей большой песчанки в отдельный кластер, который включает 6 гаплотипов [24]. При этом наблюдается корреляция гаплотипов R. opimus с географическим распределением. Краниометрические данные показывают незначительные различия значений между популяциями Южного Прибалхашья и группой популяций, расположенных по реке Или выше Капшагайского водохранилища, Напрашивается вывод о том, что в данный отрезок времени существует два региональных комплекса: Прибалхашский и Джунгарский. Однако, результаты ПЦР-ПДРФ анализа свидетельствуют о том, что наиболее вариабельными оказались особи из популяций Сары-есик-атрау и Карадалинская, в связи с чем, существует настоятельная необходимость уточнения ранга и количества описанных популяций большой песчанки.

Резюмируя вышесказанное, можно сделать вывод о том. что мы имеем несколько географически обособленных, различающихся фенотипически и генетически популяций, которые в процессе коэволюции с соответствующими штаммами возбудителя чумы и видами блох-переносчиков, значительно различаются между собой по устойчивости к различным зоонозным инфекциям. Учитывая непреходящую актуальность непрерывного мониторинга текущего состояния широко распространенных в Казахстане природных очагов особо опасных инфекций и их теплокровных носителей для прогнозирования вспышек и течения эпизоотийных процессов, исследование подвидовой и популяционной дифференциации большой песчанки имеет важное научное и практическое значение.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1 Pavlinov I.Ya., Dubrovskiy Yu.A., Rossolimo O.L., Potapova E.G. - Peschanki mirovoy faunyi. - M.:Nauka: 1990. - 368 p.

2 Burlachenko T.A. Bakterialnyie bolezni peschanok i drugih mlekopitayuschih Turkmenii//Ekologiya i meditsinskoe znachenie peschanok faunyi SSSR: Mater. Vsesoyuz. sovesch. – M.,1977. – S.305-307.

3 Ushakov A.V. Landshaftno-biotsenologicheskaya kontseptsiya sochetannosti prirodnyih ochagov bolezney. Ekologicheskie usloviya, predopredelyayuschie formirovanie abioticheskih i bioticheskih osnov sochetannosti prirodnyih ochagov bolezney // Med. parazitol. i parazitarnyie bolezni. – 2009. – # 4. – P.3–9.

4 N.V.Popov, E.V.Kuklev, V.P.Toporkov, A.K.Adamov i dr. Sochetannyie prirodnyie ochagi bakterialnyih, rikketsioznyih i virusnyih infektsionnyih bolezney v regione severo-zapadnogo Prikaspiya., Problemyi osobo opasnyih infektsiy, vyip. 103, 2010., s. 44-47

5 Litvin V.Yu. Sapronoznyie aspektyi enzootii chumyi//Uspehi sovrem. biol. – 2003. - #6. – S.543-551.

6 Atshabar B.B. Chumnoy biotsenoz kak ekologicheskaya sistema / B.B. Atshabar // Probl. osobo opasnyih infektsiy. — Saratov: Izd-vo «Slovo», 1999. — Vyip. 79.-S. 36-44.

7 Kausrud K. L., Viljugrein H., Frigessi A., Begon M., Davis S., Leirs H., Dubyanskiy V., and Stenseth N. C. Climatically driven synchrony of gerbil populations allows large-scale plague outbreaks // Proc Biol Sci. – 2007. – № 22. – Vol. 274 (1621). – P. 1963-1969.

8 Pavlinov I.Ya., A review of phylogeny and classification of *Gerbillinae* (*Mammalia*: *Rodentia*). M.: Moscow University Publ. 2008., 68 P.

9 Neronov V. M., Luschekina A. A., Karimova T. Yu.// K taksonomii bolshoy peschanki (Rhombomys opimus), Zoologicheskiy zhurnal, 2009, tom 88, # 12, s. 1515–1521.

10 Современное экологическое состояние бассейна озера Балхаш / М.Е. Бельгибаев [и др.]. – Алматы: Изд-во «Каганат», 2002. – 388 с.

11 Бельгибаев М.Е. Диагностические показатели аридизации и опустынивания почв степной зоны Казахстана // Степ. бюл. – 2002. – № 11. – С. 52-54.

12 Орлов А. И. «НЕПАРАМЕТРИЧЕСКИЕ КРИТЕРИИ СОГЛАСИЯ КОЛМОГОРОВА, СМИРНОВА, ОМЕГА-КВАДРАТ И ОШИБКИ ПРИ ИХ ПРИМЕНЕНИИ» Научный журнал КубГАУ, №97(03), 2014 года.
13 Pearson K. «On lines and planes of closest fit to systems of points in space», Philosophical Magazine, (1901) 2, P.559—572.
14 Jan A. Randall,a Konstantin Rogovin,b Patricia G. Parker,c and John A. Eimes Flexible social structure of a desert rodent, Rhombomys opimus: philopatry, kinship, and ecological constraints Behavioral Ecology /Advance Access publication 24 August 2005
15 Agren G, Zhou Q, Zhong W, 1989b. Territoriality, cooperation and resource priority: hoarding in the Mongolian gerbil, Meriones unguiculatus. Anim Behav 37:28–32.
16 Blumstein DT, Armitage KB, 1997. Does sociality drive the evolution of communicative complexity? A comparative test with ground- dwelling sciurid alarm calls. Am Nat 150:181–200.
17 Неронов В. М., Лущекина А. А., Каримова Т. Ю., «К таксономии и филогеографии большой песчанки (*Rhombomys opimusLicht. 1823*)», ЗООЛОГИЧЕСКИЙ ЖУРНАЛ, 2009, том 88, № 12, С. 1515–1521.
18 https://lpdaacsvc.cr.usgs.gov/appeears.
19 Didan, K. (2015). MOD13A1 MODIS/Terra Vegetation Indices 16-Day L3 Global 500m SIN Grid V006. NASA EOSDIS Land Processes DAAC. Accessed 2020-02-17 from https://doi.org/10.5067/MODIS/MOD13A1.006. Accessed February 17, 2020.
20 Abasalt Hosseinzadeh-Colagar*, Mohammad Javad Haghighatnia, Zahra Amiri, Maryam Mohadjerani, Majid Tafrihi Microsatellite (SSR) amplification by PCR usually led to polymorphic bands: Evidence which shows replication slippage occurs in extend or nascent DNA strands Molecular Biology Research Communications 2016;
21 Du X, Chen Z, Li W, Tan Y, Lu J, Zhu X et al. Development of novel microsatellite DNA markers by cross-amplification and analysis of genetic variation in gerbils. J Hered 2010;101:710-716.
22 Nicolas V, Schaeffer B, Missoup AD, Kennis J, Colyn M, et al. (2012) Assessment of Three Mitochondrial Genes (16S, Cytb, CO1) for Identifying Species in the Praomyini Tribe (Rodentia: Muridae). PLoS ONE 7(5): e36586. doi:10.1371/journal.pone.0036586
23 Классовский Н.Л., Поле С.Б., Дубянский В.М. Межпопуляционная и внутрипопуляционная гетерогенность большой песчанки // Материалы научной конференции «Экологические аспекты эпизоотологии и эпидемиологии чумы и других особо опасных инфекций». – Алматы: 1996. - С.131.
24 Нуртазин С.Т., Шевцов А., Луцай В., Раманкулов Е.М., Саякова З.З., Абдирасилова А.А., Жунусова А.С., Кабышева Н.П., Рысбекова А.К., Садовская В.П., Есжанов А.Б., Утепова И.Б., Бердибеков А.Т., Кулемин М.В., Катуова Ж.У., Атшабар Б.Б.//«Морфологические, физиологические и генетические особенности популяций основного носителя чумы Rhombomys opimus Licht., 1823 в Центрально-Азиатском пустынном природном очаге чумы» ACTA BIOMEDICA SCIENTIFICA. - 2019. - Том 4. - № 5.

[1]Ospan T., [1]Nurtazin S.T., [2]Bekmanov B.O., [3]Kozhamzharova A.S
[1] Al-Farabi Kazakh National University, Kazakhstan, Almaty
[2] Research Institute of General Genetics and Cytology
[3]Asfendiyarov Kazakh National Medical University

MORPHOLOGICAL AND GENETIC CHARACTERISTICS OF SOME GREAT GERBIL *(Rhombomys opimus Licht.,1823)* POPULATIONS IN SOUTH-EAST KAZAKHSTAN

Abstract. *The great gerbil (Rhombomys opimus) is the main vector of hosts of various bacteriological, viral, and rickettsionic diseases in Central Asia, Mongolia, and China. They mainly inhabit arid and semiarid zones. Inter-populational differences and interactions of the great gerbil remain poorly understood, despite their important role in understanding and predicting the spread of epizootics. The purpose of our work was to identify the current state of populations inhabiting the southern Balkhash region. The results of craniometric measurements and PCR-RFLP analysis of the cytochrome B gene from populations of the large gerbil in the studied area are presented. Based on the results obtained, we can talk about the high affinity of the studied populations of gerbils, as well as about the possible common origin.*
Key words: *great gerbil populations, cytochrome b gene, ecological and biological features, craniometry*

[1]Оспан Т., [1]Нуртазин С.Т., [2]Бекманов Б.О., [3]Кожамжарова А.С.
[1]әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті
[2]Жалпы генетика және цитология ғылыми-зерттеу институты
[3]С.Ж. Асфендияров атындағы Қазақ ұлттық медицина университеті

ОҢТҮСТІК-ШЫҒЫС ҚАЗАҚСТАНДАҒЫ ҮЛКЕН ҚҰМТЫШҚАННЫҢ *(Rhombomys opimus Licht.,1823)* КЕЙБІР ПОПУЛЯЦИЯЛАРЫНЫҢ МОРФОЛОГИЯЛЫҚ ЖӘНЕ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ЕРЕКШЕЛІКТЕРІ

Түйін. *Үлкен құмтышқан Орталық Азия, Монғолия және Қытай территориясындағы түрлі бактериологиялық, вирустық және риккетсиоздық аурулардың басты тасымалдаушысы болып табылады. Негізінен құрғақ және жартылай құрғақ зоналарын мекендейді. Құмтышқанның эпизоотияларының таралуын түсінудегі маңыздылығына қарамастан, популяция аралық өзгешеліктері мен қарым қатынастары жеткілікті зерттелмеген. Біздің зерттеу жұмысымыздың мақсаты Оңтүстік Балқаш өңірін мекендейтін популяцияларының қазіргі таңдағы жағдайын анықтауы. Зерттеу аймағындағы үлкен құмтышқан популяцияларына жүргізілген краниометриялық көрсеткіштері мен цитохром В генінің шектеу фрагментінің ұзындығының полиморфизмі (PCR-RFLP) анализінің нәтижелері келтіріледі. Аталған нәтижелерге сүйене отырып, зерттелінген құмтышқан популяцияларының жоғары туыстығы , сонымен қатар олардың шығу тегі бір болуының мүмкіндігі қарастырылады.*
Түйінді сөздер: *үлкен құмтышқан популяциясы, цитохром В гені, экологиялық және биологиялық ерекшеліктер, краниометрия.*