

AZƏRBAYCAN ƏHALİSİNİN AUTOSOM STR GENEFONDUNUN MÜQAYİSƏLİ TƏDQIQI

Nurməmməd Mustafayev^{1,2*}, Elşən Məmmədov², Ədalət Həsənov², Elçin Hüseynov³

¹AR ETN Molekulyar Biologiya və Biotexnologiyalar İnstitutu, Bakı

² AR SN "Məhkəmə-Tibbi Ekspertiza və Patoloji Anatomiya Birliyi"

Publik Hüquqi Şəxsi, Bakı

³Azərbaycan Tibb Universiteti, Bakı

*mustafayevn02@yahoo.co.uk

İşin aktuallığı: Hazırda müxtəlif siniflərə aid olan molekulyar-genetik markerlərdən tibbdə müxtəlif xəstəliklərin dəqiq diaqnozunda, kənd təsərrüfatında təsərrüfat əhəmiyyətli əlamətlərin aşkarlanması və qiymətləndirilməsində geniş istifadə olunur. Populyasiyaların etnogenezi tarixi və genefondunun formalaşması hadisələrinin də tədqiqatı autosom və cinsi xromosomlarda, həmçinin mitoxondrial DNT-də yerləşən bir çox molekulyar markerlərin tətbiqi ilə həyata keçirilir. Belə effektiv və informativ markerlərdən biri də qısa tandem təkrarlardan (short tandem repeats, STR) ibarət yüksək polimorfluğa malik mikrosatellit markerlərdir.

Tədqiqatın məqsədi: Bizim tədqiqatımızın əsas məqsədi Azərbaycan populyasiyasının autosom STR genefondunun Orta, Şərqi, Cənubi Asiya, Rusiya, Qafqaz, Avropa və Yaxın (Orta) Şərqdə yaşayan 25 dünya populyasiyası ilə müqayisəli araşdırılmasından ibarət olmuşdur.

Tədqiqatın materialı və metodu: Təhlillərə populyasiyamızın genefondunun formalaşmasında rolu olma ehtimalı olan türkdilli xalqlar, həmçinin dil və etnik cəhətdən bir qədər uzaq olan populyasiyalar da daxil edilmişdir. Tədqiqatda Azərbaycanın təmsilçi populyasiya nümunəsinin ($n=765$ nəfər) 15 ədəd autosom STR markerdən ibarət AmpFISTR®Identifiler®Plus PCR Amplification Kit reaktiv dəstinin köməyi ilə əldə edilən genetik profillərdən istifadə edilmişdir. Genetik profillərin əldə edilməsi standart metodikalarla, populyasiya-genetik parametrlərin hesablanması və müqayisəli təhlillər uyğun proqramlarla (PowerStat, Arlequin, MEGAX, Past) həyata keçirilmişdir.

Tədqiqatın nəticələri: Populyasiya differensiasiya testləri türkdilli və sami mənşəli populyasiyalar arasında məlumatın mövcud olduğu bütün STR lokuslar üzrə statistik əhəmiyyətli fərqlərin olmadığını aşkarladı (türkdilli populyasiyalar: Kipr 1/15, Qərbi Anadolu 0/13, Şərqi Anadolu 0/13, Cənub-Şərqi Anadolu – 13/0, Bosniya-Hersoqovina 0/13, sami populyasiyaları: Suriya 0/13, Fələstin 0/13). Gözlənilməyən əksinə olaraq Özbək, Qazax Orta Asiya populyasiyaları, Kazan və Mişer Tatarları bəzi lokuslar istisna olmaqla populyasiyamızdan fərqlənmişlər (uyğun olaraq 5/15, 3/15, 5/9 və 3/9). Digər populyasiyalar arasında fərqlər belə olmuşdur: Kosovo albanları 1/15, Uyğur (Çin) 2/15, Pakistan (ümumi) 2/15, Estoniya 6/15, Macarıstan 7/13, Rusiya (Orta) 7/13, Latviya 8/10, Yəhudi (birləşmiş) 2/9, Şimali Qafqaz (Rusiya) 10/15, Qırğız (Çin) 10/15, Pakistan, Lahor 13/15, Cənubi Koreya 13/15, Monqolustan 13/15, Yaponiya 14/15. Genetik məsafə indekslərinin (F_{ST}) P -dəyərlərinin müqayisəsi populyasiya differensiasiya testlərinin nəticələrini təsdiqləməklə yanaşı aşkarlanan münasibətlərin daha aydın ifadə olunmasına səbəb olmuşdur. Bütün alınan nəticələr populyasiyamızın autosom STR-genefondunda Şərqi Asiya, Yaxın (Orta) Şərq və müəyyən dərəcədə Avropa elementlərinin daha qabarıq ifadə olunmasından xəbər verir. Bundan başqa indiki Türkiyə ərazisində yaşayan türklərlə də genefondumuz eynilik səviyyəsində yaxındırlar. Bu nəticələr autosom STR markerlərlə alınmış əvvəlki nəticələrlə, həmçinin Y-STR markerlərlə alınan nəticələrlə uyğun gəlir.

Daha dəqiq hesab olunan Ney genetik məsafələrinin müqayisəsi isə bir qədər fərqli nəticələr vermişdir. Məsələn, Qazax populyasiyası Özbək populyasiyasına nisbətən daha çox STR lokus üzrə fərqlilik nümayiş etdirməsinə baxmayaraq genetik məsafə (D_N) baxımından o qədər də ciddi fərqlər müşahidə edilməmişdir (uyğun olaraq 0,026 və 0,023). Lakin, populyasiyamızla Estoniya ($D_{A-E}=0,027$) və Latviya ($D_{A-L}=0,313$) kimi Avropa populyasiyaları arasında belə ciddi fərqlənmələr Latviya populyasiyasında 5 STR lokus üzrə məlumatların olmaması ilə izah edilə bilər. Populyasiyamızdan ən uzaq genetik məsafədə yerləşən populyasiya Yəhudi (birləşmiş) populyasiyasıdır ($D_{A-YB}=0,348$). Eynilə, Mişer və Kazan tatarları populyasiyamızdan təxminən bərabər və məsafələrdə yerləşmişlər ($D_{A-MT}=0,262$ və $D_{A-KT}=0,264$). Bu üç populyasiya ilə belə yüksək genetik məsafə indekslərinin yaranmasına əsas səbəb kimi hər üç populyasiyada 6 STR lokus üzrə allel tezliklərinin mövcud olmamasını göstərə bilərik.

Digər dünya populyasiyaları ilə Ney genetik məsafələri belə olmuşdur: Kipr-Türk 0,009, Atrux-Uyğur 0,016, Qafqaz-Rusiya 0,019, Qırğız (Çin) 0,023, Kosovo Albanları 0,027, Estoniya 0,027, Bosniya-Hersoqovina 0,065, Cənub-Şərqi Anadolu 0,065, Macar 0,068, Şərqi Anadolu 0,069, Yaponiya 0,069, Monqol 0,073, Pakistan (Ümumi) 0,074, Fələstin 0,078, Pakistan, Lahor 0,078, Cənubi Koreya 0,081, Qərbi Anadolu 0,081, Suriya 0,107, Rusiya (Orta) 0,114.

Yekun: Alınan nəticələr populyasiyalar arasında yaxınlıq və fərqlərin yaranmasında dil, din, nikahlarla qarışmalar, izolyasiyalar və müxtəlif xarakterli miqrasiyalar/ekspansiyalar kimi amillərin birgə iştirakı ilə mürəkkəb mexanizmlərlə baş verən integrasiyaların rol oynadığını söyləməyə əsas verir. Müxtəlif yanaşmalarla qurulan filogenetik ağaclar, prinsipial komponent (PCA) və prinsipial koordinat (PCoA) təhlilləri də bu nəticələri təsdiqləmişdir.

THE IMPACT OF WATER QUALITY ON HEALTH ISSUES

Qu Hang

*Baku State University
quhang2000@gmail.com*

Social ecology is closely related to health issues. Social ecology refers to the living state of human society and the natural environment. A healthy social ecosystem is essential for individuals and groups. The environment of human health is a complex system of interaction between the natural environment and the social environment. The impact of the natural environment on health include: air quality, water quality, soil quality, climate change, ecosystem services, noise pollution environmental pollution, and other factors (Figure 1), which directly affect people's health and potential threats. Air pollution can cause respiratory diseases, water pollution can cause unclean drinking water and water transmission of water, soil pollution may affect food safety, crops and agricultural production. Therefore, protecting the environment and improving the natural environment is the key to maintaining human health. The impact of social factors on health is very extensive and far-reaching.



Figure 1. The impact of the natural environment on health