

затель не прегерпеваает существенных изменений, при этом оставаясь в границах нормы ( $p > 0,1$ ). На 10-15 сутки у больных III-группы концентрация IgG также не отличается от нормы ( $p > 0,1$ ), хотя по сравнению с начальным периодом болезни отмечается недостоверный рост данного показателя ( $p > 0,05$ ). К моменту выписки концентрация IgG у больных III- группы остается в границах нормальных значений ( $p > 0,1$ ).

Таким образом, не смотря на отсутствие

достоверного сокращения средних сроков пребывания в стационаре больных с легкой степенью тяжести течения пневмонии. применение комбинированной иммунокорректирующей герпии позволяет добиться более быстрого купирования таких симптомов как кашель и отделение мокроты, а так же нивелировать дисбаланс со стороны иммунологических показателей. наблюдаемый у больных, получавших лишь базисную антибактериальную терапию.

## ПОЛОЖЕНИЕ ГЕНОФОНДА БЕЛГОРОДСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ В СИСТЕМЕ ВОСТОЧНОСЛАВЯНСКИХ ГЕНОФОНДОВ

(по данным о полиморфизме  
эритроцитарных ферментов glo1 и esd)

И.Н. Костоглодова, М.И. Чурносков, Е.В. Балановская,  
О.В. Тегакко, Л.А. Артаментова, М. Ищук

Белгородский государственный университет, Медико-генетический научный центр РАМН

К настоящему времени накоплена достаточно большая информация о частотах генов многих локусов, обуславливающих иммунологический, биохимический и др. полиморфизм в народонаселении России и сопредельных стран. В результате многочисленных исследований было установлено, что альтернативные формы белков, находящиеся под строгим генетическим контролем, очень неравномерно распределены среди народов Земного шара [1,2,5]. Одним из наиболее распространенных способов оценки генетической дифференциации популяции является подход, основанный на учете частот распределения генетических биохимических и иммунологических маркеров. Данные показатели позволяют дать наиболее полную характеристику генетическим процессам, происходящим на популяционном уровне, необходимую для изучения проблем микро- и макроэволюции и выявления роли инбридинга, генного дрейфа, миграций, метисации, скорости мутационного процесса и эффектов отбора в этих процессах.

Целью настоящей работы явилось изучение структуры генофонда коренного населения Белгородской области и его места в системе восточнославянского генофонда с использованием классических биохимических маркеров. Европейская часть Северной Евразии имеет свои сложности при ее генетическом изучении.

Они связаны с большой численностью и неравномерной плотностью населения, со значительной историко-культурной дифференциацией, с проникновением с давних времен в регион больших масс населения и с последующей ассимиляцией автохтонного населения. Наиболее многочисленными в Северной Евразии являются три родственные народа, относящихся к восточнославянской языковой группы: русские, украинцы, белорусы. Русские – основная часть населения РФ: в районах своего исконного расселения (большинство областей Европейской провинции) они составляют свыше 95% всего населения. По своему происхождению русские и украинцы связаны с восточнославянскими племенами, хотя в их формировании принимали участие и некоторые неславянские народы. В этногенезе белорусов кроме восточнославянских племен, приняли участие ассимилированные ими литовские этнические элементы [5].

В качестве объектов исследования были выбраны Прохоровский, Красненский, Грайворонский и Красногвардейский районы Белгородской области. Общий объем выборки составил 581 человек. Из которых 297 коренных русских жителей, проживающих в Прохоровском, Красненском районах, 84 коренных украинских жителей, живущих в Красногвардейском и Грайворонском районах

Белгородской области. Для определения положения генофонда Белгородской популяции в системе восточнославянских народов было проведено типирование биохимических маркеров у 100 коренных жителей Украины (по 50 образцов из Хмельницкой и Львовской областей) и 100 коренных жителей Белоруссии (по 50 образцов из Витебской и Брянской областей).

Материалом для лабораторного исследования послужила венозная кровь, взятая из локтевой вены у пробанда. Общий объем полученного образца в количестве (5-6 мл.) разделяли центрифугированием (3 тыс. об/мин.) на сывороточную и эритроцитарную фракцию. Материал хранили при -20 С°.

В настоящем исследовании представлены результаты типирования 2 эритроцитарных полиморфных систем: EsD, GLO1.

Система эритроцитарной эстеразы D (EsD) (КФ 3.1.1.1). Молекула эстеразы D имеет относительную молекулярную массу 25 кД и состоит из двух субъединиц. Эстераза D относится к ферментам первой группы, активна в слабощелочной среде и гидролизует флюорогенные субстраты 4-метилумбеллиферилацетат или – бутират [4].

Полиморфизм эстеразы D выявляли с помощью изоэлектрофокусирования в ПААГ с применением амфолинов в концентрации 5%. Лocus EsD локализован на длинном плече 13-й хромосомы в районе сегмента q14 [5]. Региональная изменчивость частот аллеля EsD\*2 мала и колеблется в пределах от 0,124 (в Европейской провинции) до 0,208 (на Кавказе) [5]. Частота аллеля EsD\*2 среди русских Белгородской области минимальна в Прохоровском районе и составляет 0,0685. У коренных украинцев Белгородской области варьирует от 0,0238 (в Красногвардейском районе) до 0,0930 в Грайворонском районе. Следует отметить повышение частоты EsD\*2 у коренного населения Белоруссии до 0,1150. Это распределение укладывается в пределах вариаций, свойственных населению европейской части России.

Система глиоксалазы 1 (GLO 1) (КФ 4.4.1.5). Молекула GLO1 – димер с относительной молекулярной массой каждой из субъединиц – 24 кД. Фермент катализирует обратимое превращение глутатиона и метилглиоксала в S-лактоилглутатион. Активность различных вариантов глиоксалазы неодинакова и убывает в ряду GLO 2-2>GLO 2-1>GLO 1-1 [4].

Полиморфизм GLO1 выявляли с помощью вертикального электрофореза в 5% ПААГ, содержащем крахмал в концентрации 1% [4]. Наблюдаются региональные различия по распределению частот GLO\*2. Сравнительный анализ показывает, что пропорция аллеля GLO\*2 всегда в 1,5-2 раза превышает частоту аллеля GLO\*1. Согласно литературным данным по всей территории РФ имеет место ярко выраженный меридиональный градиент уменьшения частоты аллеля GLO\*1 в восточном направлении [3]. По области частота более редкого аллеля GLO\*1 колеблется в пределах 22-35%. Максимальная концентрация аллеля GLO\*1 наблюдается в Камызинском сельсовете Красненского района и составляет 0,3966. В целом у русских Белгородской области можно отметить более высокие значения концентрации аллеля GLO\*2 по сравнению с коренными украинцами Белгородской области и Украины (максимальная концентрация у украинцев аллеля GLO\*2 составляет 0,7000 в Хмельницкой области, у русских – 0,7903). В этой связи нельзя отрицать возможности влияния генного потока с востока, который привел к редукции концентрации GLO\*1 среди русских Белгородской области. Средняя частота GLO\*2 у белорусов составила 0,7172.

Работа выполнена при частичном финансировании РФФИ (№01-06-80085), РГНФ (№ 01-06-00146), РГНФ (№ 03-06-00409 г/ц).

#### Литература

1. Балановская Е.В., Рычков Ю.Г. Этническая генетика: этногеографическое разнообразие генофонда народов мира // Генетика. – 1990. – т.28, № 1. – С. 114-121.
2. Балановская Е.В., Рычков Ю.Г. Этническая генетика: адаптивная структура генофонда народов мира по данным о полиморфных генетических маркерах человека // Генетика. – 1990. – т.26, №4. – С. 739-748.
3. Спицын В.А., Куххойзер В., Макаров С.В., Бычкова Л.С., Пай Г.В., Балановский О.П., Афанасьева И.С. Русский генофонд. Частоты генетических маркеров // Генетика. – 2001. – т.37, №3. – С.386-401.
4. Спицын В.А. Биохимический полиморфизм человека. М.: Изд-во МГУ, 1985. 214 с.
5. Генофонд и геогеография народонаселения / Под ред. Ю.Г. Рычкова: Т.1 Генофонд населения России и сопредельных стран. – СПб.:Наука, 2000. – 611 с.