

**ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ НАСЕЛЕНИЯ
ЦЕНТРАЛЬНОЙ РОССИИ**

В.С.Ващилин, И.Н.Сорокина, И.К.Аристова
Белгородский государственный университет
Кафедра медико-биологических дисциплин
Заведующий кафедрой — проф. М.И.Чурносов
Научный руководитель — проф. М.И.Чурносов

Проведено изучение генетической дифференциации населения Центральной России с использованием различных типов маркеров: аутосомные ДНК маркеры, классические иммуно-биохимические, квазигенетические маркеры. По данным о частотах 56 аллелей 8 аутосомных ДНК маркеров (ACE, CCR5, eNOS, DAT1, hSERT, D1S80, PAH, ApoB) уровень генной дифференциации составил

271

$GST=0,0054$ (рассмотрено 6 районных популяций). Наибольший вклад в его формирование вносит локус CCR5 ($GST=0,0089$). При рассмотрении распространенности 29 аллелей 11 локусов иммуно-биохимических систем (ABO, RH, ACPI, HP, GC, PGM1, C'3, ESD, TF, 6-PGD, GLO1) в этих же районных популяциях показатель генетической дифференциации равнялся $=0,0035$. Среди классических маркеров наибольший вклад в формирование генетической изменчивости популяций Центральной России вносит система HP ($GST=0,0052$), а наименьший - C'3, TF, 6-PGD, PGM1 ($GST<0,0025$). На основе данных о частотах квазигенетических маркеров (изучены более 60 тыс. семей) в 22 районных популяциях Центральной России установлен следующий уровень генного разнообразия населения — $fr^*=0,0062$. Таким образом, при сравнительном анализе уровня генетической дифференциации населения Центральной России с использованием данных по разным типам маркеров (аутосомные ДНК маркеры, иммуно-биохимические, квазигенетические) выявлено их совпадение — $0,0035-0,0062$, что свидетельствует о корректности полученных оценок генетического разнообразия населения Центральной России. Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ и РГНФ.

272