

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВЗАИМОТНОШЕНИЯ МЕЖДУ СЕЛЬСКИМИ РАЙОННЫМИ ПОПУЛЯЦИЯМИ БЕЛГОРОДСКОЙ, КУРСКОЙ И ВОРОНЕЖСКОЙ ОБЛАСТЕЙ

Сорокина И.Н., Чурносов М.И., Балановская Е.В.

Белгородский государственный университет
Медико-генетический научный центр РАМН

Проблема эволюции генетически подразделенной популяции является одной из актуальных в современной генетике. Именно в популяциях осуществляется генетическая преемственность поколений, регуляция таких биологически важных свойств, как численность, устойчивость к заболеваниям и, главное, микроэволюционный процесс [3]. В популяционной генетике описание структуры населения осуществляется через различные популяционно-генетические характеристики, такие как инбридинг, генетические расстояния, миграции и т.д. Метод применения фамилий в качестве аналога генетических маркеров, подробно разработанный Grow и Mange [1], получил широкое распространение и дальнейшее развитие в исследованиях отечественных ученых [2]. В работах Ревазова А.А., Ельчиновой Г.И. [4] и др. обосновано использование фамилий (квазигенетический маркер) для корректного описания генетической структуры современного населения. Изучение генетических взаимоотношений между популяциями можно осуществлять не только с помощью F-статистик, но и путем анализа генетических расстояний между популяциями. Генетические расстояния широко используются для исследования взаимоотношений между элементарными популяциями по степени их генетического сходства и установления характера генетического родства между популяциями.

Целью данной работы явилась оценка генетических взаимоотношений между сельскими районными популяциями Белго-

родской, Курской и Воронежской областей с использованием данных о распределении фамилий среди населения.

В качестве объектов исследования послужили 21 район Белгородской области, Пристенский район Курской области и Рельевский район Воронежской области.

Материалом для изучения генетической подразделенности послужили данные списков избирателей. В работе рассчитаны случайная изонимия (I_r), индекс миграции (v), показатель разнообразия фамилий (α), энтропия распределения фамилий (H), избыточность распределения фамилий (R), случайная компонента инбридинга, характеризующая уровень подразделенности (F_{st}). Расчет этих показателей производился в соответствии со стандартной методикой [Старцева Е.А. и др.] [6]. В программе DJ genetic, разработанной для оценки генетических расстояний между популяциями, вычислялись генетические расстояний по Нею. В начале рассчитывался показатель генетического сходства I :

$$I = \frac{(2n-1) \sum_l \sum_u p_{lu1} p_{lu2}}{\sqrt{\sum_l (2n \sum_u p_{lu1}^2 - 1)} \sqrt{\sum_l (2n \sum_u p_{lu2}^2 - 1)}}$$

где p_{lu} - частоты аллеля u локуса l , индексы 1 и 2 относятся к первой и второй популяциям соответственно, введена поправка на непрерывность $(2n-1)$. Затем определялось генетическое расстояние Нея:

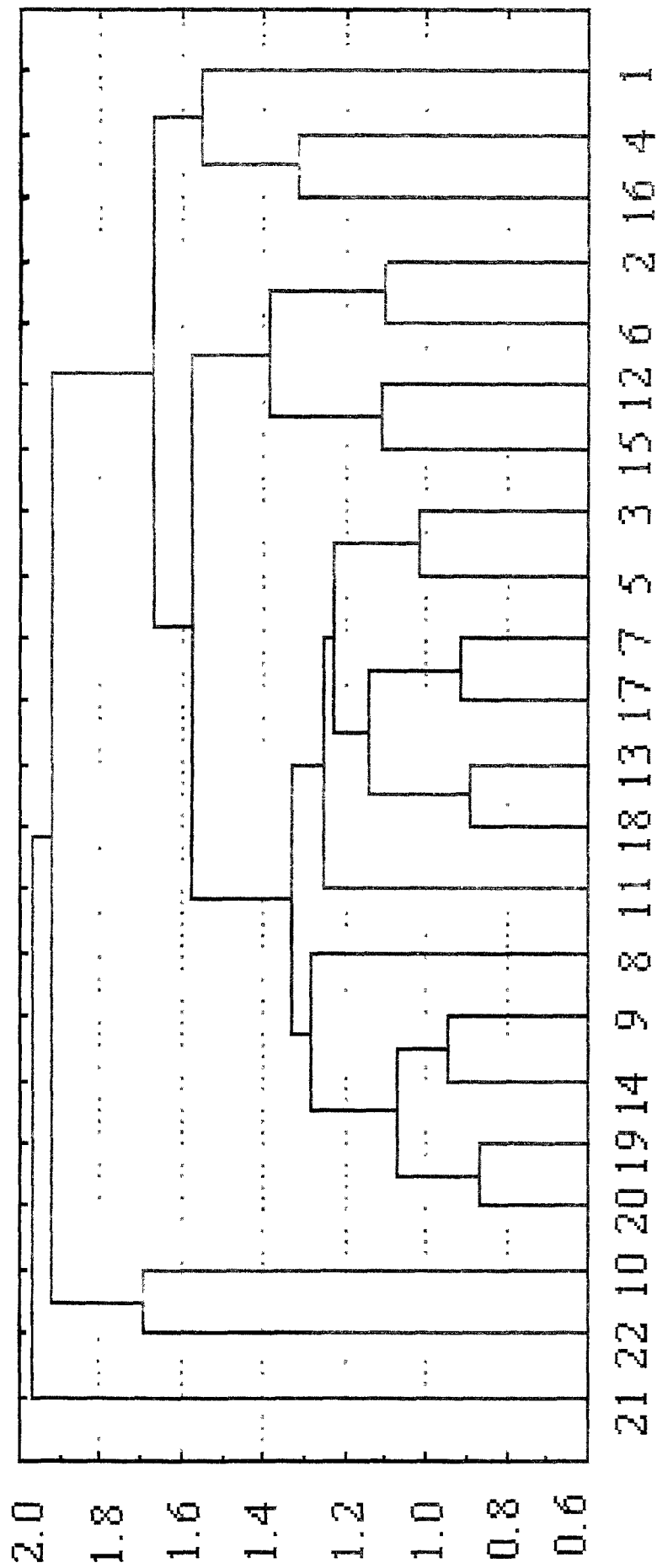
$$D = - \ln I$$

Результаты вычислений заносились в матрицу генетических расстояний, которая затем была подвергнута кластерному анализу в программе Statistica.

Результаты расчета уровня подразделенности выявили, что среднее значение F_{st} по 21 району Белгородской области составило 0,0044 при минимальном уровне подразделенности в Белгородском районе (0,00016), а максимальном в Красненском районе (0,00138). В Пристенском районе Курской области отмечен более высокий уровень подразделенности (0,00077), чем в Белгородской области в целом. Аналогичные данные получены и для Репьевского района Воронежской области. В работе также установлена значительная вариабельность индекса изонимии. В Белгородском районе индекс изонимии составил 0,00066, а в Красненском районе 0,00553 при среднем значении по области 0,00192. Результаты данного исследования свидетельствуют о гетерогенности изучаемых популяций Центрального Черноземья и значительной вариабельности генетических характеристик среди населения. Причем среди анализируемых районов изучаемые показатели по Белгородскому значительно отличаются от среднепопуляционных. На территории Белгородского района находится областной центр (г.Белгород), являющийся урбанизированным центром с большим миграционным притоком. Миграционные процессы, протекающие в г. Белгороде оказывают существенное влияние и на популяционную структуру Белгородского района таким образом, что этот район по

своим характеристикам уже не является сельским районом, а причисляется к урбанизированной зоне. В связи с этим из дальнейшего анализа Белгородский район исключен.

Результаты кластеризации представлены на рис.1. На дендрограмме отчетливо видна определенная, упорядоченная система группировки районных популяций. Четко выделяются три группы кластеров. Первая группа кластеров включает две подгруппы, объединяющие большинство районов Белгородской области. Это Шебекинский, Яковлевский, Прохоровский, Корочанский, Чернянский, Новооскольский, Старооскольский, Губкинский, Волоконовский, Валуйский, Ивнянский, Красногвардейский районы, которые располагаются в центральной части области. Другую группу образуют Краснояружский и Ракитянский, Грайворонский и Борисовский районы, располагающиеся на западе области. Третья группа кластеров сформирована Ровенским, Вейделевским и Алексеевским районами. Красненский район, находящийся на востоке области и граничащий с Репьевским районом Воронежской области, характеризуется максимальной генетической удаленностью от районов Белгородской области. Он генетически близок к Репьевскому району и образует с ним самостоятельный кластер. Пристенский район Курской области наиболее удален по своей генетической структуре от районов Белгородской области, о чем свидетельствует его присоединение ко всем анализируемым районам на самом последнем уровне.



Р и с . 1. Дендрограмма генетических взаимоотношений двадцати двух районов Центрально-Черноземного региона России.

1 – Алексеевский, 2 – Борисовский, 3 – Валуйский, 4 – Вейделевский, 5 – Волоконовский, 6 – Грайворонский, 7 – Губкинский, 8 – Ивнянский, 9 – Корочанский, 10 – Красненский, 11 – Красногвардейский, 12 – Краснояружский, 13 – Новооскольский, 14 – Прохоровский, 15 – Ракитянский, 16 – Ровеньской, 17 – Старооскольский, 18 – Чернянский, 19 – Шебекинский, 20 – Яковлевский районы Белгородской области, 21 – Пристенский район Курской области, 22 – Рельевский район Воронежской области.

Таким образом сельские районные популяции Центрального Черноземья России характеризуются определенными генетическими взаимоотношениями, которые необходимо учитывать при проведении дальнейших медико-генетических и популяционно-генетических исследований населения Центрального Черноземья России.

Работа выполнена при частичной финансовой поддержке РФФИ (№ 01-06-80085), РГНФ (№ 01-06-00146), РГНФ (№ 03-06-00409г/ц), "Конкурса молодых ученых Министерства образования России и администрации Белгородской области".

Литература:

1. Grow J.F., Mange A.P. Measurement of inbreeding from frequency of marriages between person

of the same surname // *Eug. Quart.* 1965. V. 12. P. 199–203.

2. Балановский О.П., Бужилова А.П., Балановская Е.В. Русский генофонд. Геногеография фамилий // *Генетика.* – 2001. – Т.37. №7. – С.974–990.

3. Спицын В.А., Куххойзер В., Макарова С.В. и др. Русский генофонд. Частоты генетических маркеров // *Генетика.* – 2001. – Т.37, №3. – С.386–401.

4. Ельчинова Г.И. Опыт применения методов популяционно-генетического анализа при изучении популяций России с различной генетико-демографической структурой/ Автореф. дис. докт. биол. наук. – М., 2001.

5. Старцева Е.А., Ельчинова Г.И., Мамедова Р.А., Гинтер Е.К. Использование индекса миграций, показателя разнообразия фамилий при описании структуры популяций // *Генетика.* – 1994. – Т.30. – №7. – С. 978–981.

ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОГО РАЗМЕРА ПОПУЛЯЦИИ СРЕДИ НАСЕЛЕНИЯ ЦЕНТРАЛЬНОГО ЧЕРНОЗЕМЬЯ РОССИИ ЗА ПОСЛЕДНИЕ ДВА ПОКОЛЕНИЯ

Сорокина И.Н., Чурносов М.И., Балановская Е.В.

Белгородский государственный университет
Медико-генетический научный центр РАМН

Для изучения и корректного описания генетических процессов, протекающих в популяции, важным моментом является оценка её элементарного размера. Согласно принятым в популяционной генетике подходам [1-3] популяцию можно считать самостоятельной единицей, если в нее поступает не более 50% гамет, реализующихся в популяции и приводящих к деторождению. Оценка эффективного размера популяции осуществляется с использованием индекса эндогамии. Индекс эндогамии L.L. Cavalli-Sforza и W.F. Bodmer (1971) определили как доля мужей и жен, родившихся в данной популяции. Эндогамия приводит к возрастанию генетических различий в субпопуляциях, входящих в состав единой популяции более высокого уровня.

Целью настоящей работы явилась оценка элементарного размера популяции среди сель-

ского населения Центрального Черноземья России и анализ его динамики за последние 50 лет.

Объектами исследования послужили Красненский и Прохоровский районы Белгородской области, а также соседние с ними Пристенский район Курской области и Репьевский район Воронежской области. В каждом из этих районов для исследования были отобраны по 5 модельных сельских советов. Материалом для исследования послужили данные брачных записей (места рождения супругов) из архивов ЗАГСов за периоды с 1947 по 1953 гг. и с 1994 по 2001 гг. Вычисление эндогамии производилось на следующих априорных уровнях организации элементарной популяции: на уровне сельского совета, на уровне района, на уровне области. Результаты исследования представлены в таб. 1,2.