

- 4 Кучма В. Р., Сухарева Л. М., Бережков Л.И. Особенности состояния здоровья школьников в 1960—2000 гг. // Материалы IX съезда педиатров России. М., 2001, 19-22 февраля, с.331
- 5 О состоянии здоровья детей в Российской Федерации (по итогам Всероссийской диспансеризации 2002 года) // Доклад Министерства здравоохранения РФ. – 2003. – 96с.
6. Официальная хроника // Врач. – 2003. – №6. – с.2
- 7 Подростковая медицина. – М., 1999., под ред. Л.И. Левиной, 136 стр.
8. Рапопорт И.К., Ильин А.Г., Звездина И.В. и др. Динамика показателей заболеваемости подростков за 10 лет. // в кн.: Современные проблемы педиатрии.- М., 1998, – с. 86.
9. Сухарева Л. М., Кучма В. Р., Бережков Л. Ф.г Павлович К. Э. Динамика состояния здоровья московских школьников за 40 лет // Материалы IX съезда педиатров России. М., 2001, 19-22 февраля, с 589-590
- 10 Шарапова О. В. Итоги и перспективы деятельности службы охраны материнства и детства // Материалы IX съезда педиатров России. М., 2001, 19-22 февраля, С.638-642

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКИХ ВЗАИМООТНОШЕНИЙ МЕЖДУ ПОПУЛЯЦИЯМИ ЮГА ЦЕНТРАЛЬНОЙ РОССИИ

М. С. Жерлицына, И. К. Аристова, М. И. Чурносков, Е. В. Балановская
Белгородский государственный университет

Актуальной проблемой современной генетики является изучение структуры генофонда населения. Постоянно протекающие в человеческом обществе биологические и социально-культурные процессы влекут за собой появление в генофонде населения таких свойств, как генетическая предрасположенность или устойчивость к различного рода патогенным воздействиям среды, антропологическое популяционное своеобразие и др. Результатом таких медленных, но постоянно действующих изменений может стать генетическое удаление друг от друга популяций, даже имеющих единое происхождение. В связи с этим изучение дифференциации и степени генетического родства современных популяций является одной из ключевых задач популяционной генетики [1,3] Несмотря на достаточно обширный фактический материал по изучению генетического полиморфизма населения России, популяционно-генетические сведения, касающиеся максимального по численности народа нашей страны – русских, являются незначительными и фрагментарными. Сложности генетического изучения обусловлены большой численностью и неравномерностью распределения русского населения, выраженной историко-культурной дифференциацией, миграциям [2,3]

Целью данной работы явилось изучение генетических взаимоотношений популяций юга Центральной России. В качестве объектов исследования были определены районные популяции четырех областей юга Центральной России, которые характеризуются давними и тесными историческими связями, а в настоящее время входят в состав Центрального Федерального Округа России: Яковлевский район Белгородской области, Ливенский район Орловской области, Репьевский район Воронежской области, Пристенский и Черемисиновский район Курской области [4].

Общий объем выборки составил 497 человек. Из которых 141 коренных русских жителей, проживающих в Белгородской области (Яковлевский район), 130 – в Орловской области (Ливенский район), 117 – в Воронежской области (Репьевский район), и 109 – в Курской области (47-Пристенский район, 62-Черемисиновский район).

Материалом для исследования послужили данные о частотах 29 аллелей 11 иммунобиохимических систем (ABO, RH, HP, GC, TF, C'3, ACP1, GLO1, PGM1, ESD, 6-PGD). Вычисление генетических расстояний производилось по методу Нея (1977) с помощью программы DJ genetic (версия 0,03 beta), разработанной Ю.А. Серегиним и Е.В. Балановской в ГУ МГНЦ РАМН.

Сначала вычисляли генетическое сходство 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 $(2n-$

Затем определялось генетическое расстояние Нея:

$$D = -\ln I$$

Результаты вычислений заносились в матрицу генетических расстояний (таблица), на основе которой производился кластерный анализ в программе Статистика.

Таблица

Матрица генетических расстояний по биохимическим локусам между популяциями 5 районов юга Центральной России

Популяции	1.	2.	3.	4.	5.
1.Яковлевский р-н	0	0,005	0,007	0,003	0,004
2.Ливенский р-н	0,005	0	0,002	0,004	0,002
3.Репьевский р-н	0,007	0,002	0	0,007	0,002
4.Пристенский р-н	0,003	0,004	0,007	0	0,003
5.Черемисиновский р-н	0,004	0,002	0,002	0,003	0

Результатом кластеризации явилось построение дендрограммы (рис.1). Далее было произведено многомерное шкалирование, в результате которого был построен график (рис.2) При проведении шкалирования произведено 188 итераций, величина стресса равнялась 0,0005, коэффициент алиенации составил 0,001, кривая Шепарда удовлетворительна, что позволило признать результаты шкалирования удовлетворительными.

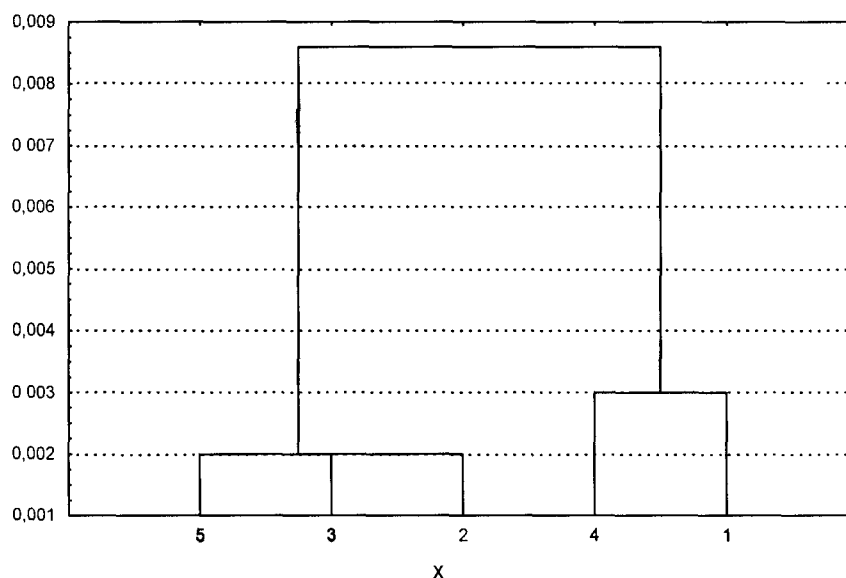


Рис. 1. Дендрограмма генетических взаимоотношений популяций 5 районов юга Центральной России:

1 – Яковлевский район; 2 – Ливенский район; 3 – Репьевский район; 4 – Пристенский район; 5 – Черемисиновский район.

На дендрограмме рассматриваемые районы формируют две группы кластеров. Первая группа включает Яковлевский район Белгородской области и Пристенский район Курской области. Вторая группировка объединяет Ливенский район Орловской области, Репьевский район Воронежской области и Черемисиновский район Курской области.

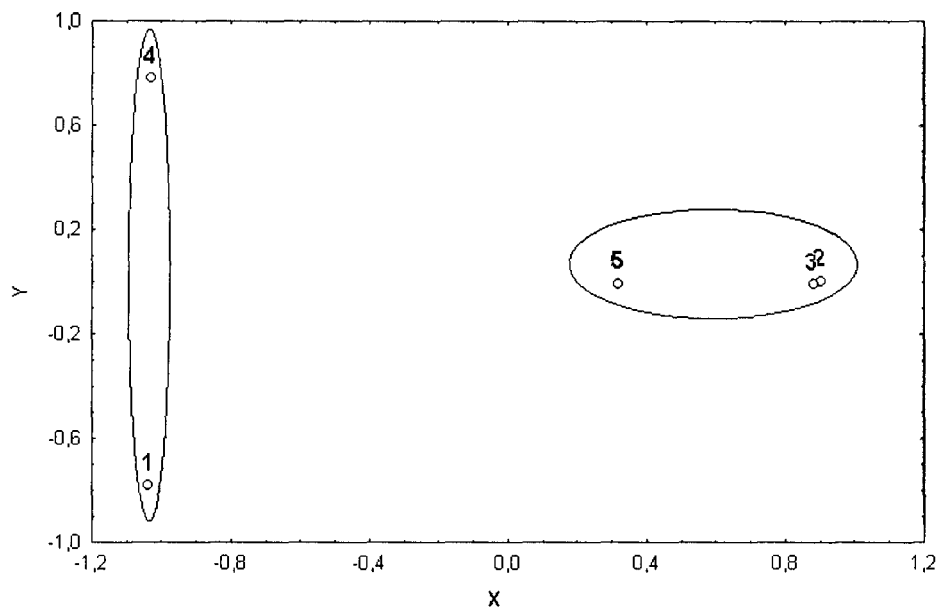


Рис. 2. График многомерного шкалирования, отражающий взаимосвязь популяций 5 районов юга Центральной России:

1 – Яковлевский район; 2 – Ливенский район; 3 – Репьевский район; 4 – Пристенский район; 5 – Черемисиновский район.

Результаты многомерного шкалирования полностью согласуются с результатами кластерного анализа. Так, районы, входящие в одну группу кластеров, и в двухмерном пространстве имеют общее расположение: первую группу образуют Яковлевский и Пристенский районы, вторую – Ливенский, Репьевский и Черемисиновский районы.

Резюмируя данные кластерного анализа и многомерного шкалирования, заключаем, что наиболее близкими являются, с одной стороны, популяции Яковлевского района, расположенного в центре Белгородской области и Пристенского района Курской области, являющегося пограничным в восточном направлении с Белгородской областью. С другой стороны – популяции Ливенского района, расположенной в юго-западной части Орловской области, Черемисиновского района Курской области, граничащей с Орловской областью на востоке, и Репьевского района Воронежской области.

Работа выполнена при частичной финансовой поддержке грантов РГНФ и РФФИ

Литература:

1. Балановская Е. В., Рычков Ю.Г. Этническая генетика: адаптивная структура генофонда народов мира по данным о полиморфных генетических маркерах человека // Генетика. – 1990 – т.28, №1 – С. 114-121.
2. Спицын В.А. Биохимический полиморфизм человека. М.:Изд-во МГУ, 1985. 214с.
3. Генофонд и геногеография народонаселения / Под ред. Ю.Г.Рычкова: Т.1 Генофонд населения России и сопредельных стран. – СПб.:Наука, 2000. – 611 с.
4. Население и территория Центрального Черноземья и Запада России в прошлом и настоящем Воронеж: Центр Возрождения Черноземного края, 2000. 321с.

СОСТОЯНИЕ РЕПРОДУКТИВНОГО ЗДОРОВЬЯ ДЕВУШЕК И ДЕВОЧЕК-ПОДРОСТКОВ БЕЛГОРОДСКОЙ ОБЛАСТИ

Г.М. Курганская, Т.А. Романова, С.Г.Курганская

Детская областная больница, г. Белгород
Белгородский государственный университет

Согласно определению ООН, «репродуктивное здоровье – состояние полного физического, умственного и социального благополучия, а не просто отсутствие болезней и недугов во всех вопросах, касающихся репродуктивной системы, ее функций и процессов».