

Таким образом, резюмируя полученные данные следует отметить выявленную нами особенность “генетической конституции” больных миомой матки, сочетающейся с аденомиозом, заключающуюся в существенно более низких концентрациях как аллеля +36 G так и генотипа +36 GG рецептора фактора некроза опухоли 1-го типа, что может свидетельствовать о вовлеченности генетического полиморфизма +36 A/G TNFR1 в этиопатогенез сочетанных поражений матки аденомиозом и миоматозными узлами.

Работа выполнена в рамках реализации ФЦП «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России на 2009-2013 гг.».

РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ИММУНО-БИОХИМИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ В РУССКОМ ГЕНОФОНДЕ ЦЕНТРАЛЬНОЙ РОССИИ

Аристова И.К.

Белгородский государственный университет, г. Белгород, Россия

Генетический подход в изучении популяций человека имеет основополагающее значение и позволяет решать вопросы эволюции, происхождения, родства, исторического развития и взаимодействия со средой различных групп народонаселения. В настоящее время, в наступившую ДНК-эру, анализ иммуно-биохимического полиморфизма позволяет не только получить объективные сведения о структуре генофонда современного населения, но и прогнозировать параметры изменчивости ДНК маркеров.

Целью исследования явилось изучение генетической структуры популяций Центральной России по 11 локусам иммуно-биохимических маркеров (ABO, RH, HP, GC, TF, C'3, ACP1, GLO1, PGM1, ESD, 6-PGD).

Объектами исследования послужили шесть районных популяций четырех областей Центральной России: Михайловский и Спасский районы Рязанской области, Боровский и Барятинский районы Калужской области, Петровский район Тамбовской области, Болховский район Орловской области. Общий объем выборки составил 484 человека. Материалом для лабораторного исследования послужила венозная кровь. Идентификацию биохимических локусов HP, C'3, 6-PGD осуществляли стандартным методом вертикального электрофореза в 7,5% полиакриламиде (ПААГ), GLO1 - в 5% ПААГ. Локусы TF, PGM1, ESD типировали методом изоэлектрофокусирования (ИЭФ) в ПААГ, а локусы GC и ACP - методом ИЭФ в агарозе. Группы крови ABO и RH выявляли по результатам индивидуального опроса. Статистическую обработку данных проводили общепринятыми популяционно-генетическими методами.

Установлено, что распределение частот генов 11 иммуно-биохимических систем среди населения Центральной России составляет: ABO*A=0.27, ABO*B=0.16, ABO*O=0.57, RH*D=0.55, HP*1=0.34, C'3*S=0.82, GC*2=0.29, GC*1S=0.62, GC*1F=0.09, TF*C1=0.83, TF*C2=0.13, TF*C3=0.04, GLO*1=0.32, ESD*1=0.87, ESD*2=0.12, ESD*5=0.01, 6-PGD*A=0.97, ACP1*A=0.35, ACP1*B=0.61, ACP1*C=0.04, PGM1*1S=0.59, PGM1*1F=0.09, PGM1*2S=0.25, PGM1*2F=0.07. Выявлено, что средние частоты генов ABO*A, RH*d и GC*1S у населения Цен-

тральной России достоверно ($p < 0.001$) выше, чем среднерусские показатели по этим аллелям, а частоты генов GC*1F, GLO1*1, ACP1*B значимо ($p < 0.01-0.001$) ниже среднерусских частот соответствующих аллелей. Среди русских Центральной России частоты аллелей TF*C2, ESD*2, GLO1*1, ACP1*C имеют западно-евразийский характер распределения. При сравнительном анализе изменчивости частот аллелей в популяциях Центральной России с данными по русскому генофонду было выделено две группы аллелей по наличию в их вариабельности географических закономерностей. Первая группа включает аллели, которые имеют изменчивость среди населения Центральной России близкую к широтной: RH*d, HP*1, GC*1S, TF*C2, ACP1*A. Вторая группа представлена аллелями, изменчивость которых в популяциях Центральной России незначительна (аллели локусов ABO, C*3, GLO1, PGM1, ESD) или не имеет четких географических закономерностей (6-PGD). Определено, что вариабельность частот всех изученных аллелей среди русских популяций Центральной России укладывается в пределы вариаций, свойственных русскому народу в целом.

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ HLA КЛАССА II У БОЛЬНЫХ САХАРНЫМ ДИАБЕТОМ 2 ТИПА РАЗНЫХ ВОЗРАСТНЫХ ГРУПП

Артемяева О.В.

Филиал Российского государственного медицинского университета

Росздрава «НКЦ геронтологии», г. Москва, Россия

По данным экспертов ВОЗ, в мире в 2000 году насчитывалось 180 млн. больных всеми формами сахарного диабета (СД). Ежегодно количество вновь диагностированных случаев СД составляет 6-10% к общему числу пациентов с этим заболеванием, что ведет к удвоению заболеваемости СД каждые 10-15 лет. Более 90% всех случаев СД в популяции составляет сахарный диабет 2 типа (СД2). СД2 является доминирующим среди пациентов старших возрастных групп и привлекает внимание геронтологов как заболевание, зависимое от возраста и ограничивающее продолжительность жизни. Показано, что при старении происходит хроническая антигенная стимуляция иммунной системы с последующей выработкой воспалительных медиаторов и развитием хронического иммунного воспаления, лежащего в основе возрастной патологии, в том числе СД2. Поэтому, гены, вовлеченные в регуляцию процесса воспаления, и гены иммунного ответа - HLA-гены играют важную роль среди генетических факторов заболеваний, ассоциированных с возрастом. Если роль HLA-генов в патогенезе СД1 хорошо изучена, то данные об HLA-ассоциациях с СД2 не так многочисленны и достаточно противоречивы.

Нами обследован 131 пациент СД 2 типа легкой, средней и тяжелой степени тяжести в возрасте от 33 до 94 лет. Среди обследованных пациентов 24 человека составили группу зрелого возраста, 52 - пожилого, 46 - старческого возраста и 9 - группу долгожителей. Все обследованные имели сопутствующую возрастную патологию. Контрольную группу составили 252 пациента со сходной соматической патологией, не страдавшие СД 2