

Полиморфизм генов главного комплекса гистосовместимости у разных этнических групп

Носович Александр Федорович, Сазановец Кристина Станиславовна

Белорусский государственный университет, г. Минск

Научный(-е) руководитель(-и) – кандидат биологических наук, доцент Чаплинская

Елена Васильевна, Белорусский государственный университет, г. Минск

Исследования полиморфизма главного комплекса тканевой совместимости человека (HLA) проводятся с начала 60-х годов, когда с помощью методов серологического типирования было обнаружено, что в разных популяциях человека определяются разные наборы вариантов HLA-антигенов. Разработка методов для HLA-типирования позволили начать проведение исследований полиморфизма генов HLA населения стран СНГ и их стран-соседей, что дает возможность определить исторический процесс расселения вида *Homo Sapiens*.

Целью данной работы является изучение популяционного разнообразия и генетического родства ряда этнических групп стран СНГ на основе типирования генов HLA класса II (DRB1, DQA1, DQB1), а также полиморфизма генов главного комплекса гистосовместимости в разных этнических группах.

В ходе работы изучены материалы научных работ по выбранной тематике, размещенные на доступных Internet-ресурсах. В масштабных исследованиях отечественных ученых обследовано 2525 здоровых взрослых, не имеющих родственных связей представителей двадцати этнотерриториальных групп, проживающих в различных регионах Беларуси, Украины, России и Казахстана. Другими исследователями получены данные на 1569 здоровых взрослых лиц из 5 популяций Беларуси, Украины и России.

Вычисленные частоты гена DRB1 и трехлокусных гаплотипов DRB1-DQA1-DQB1 были использованы для расчета генетических расстояний популяций. В результате были сформированы три кластера родственных групп. Первый кластер образовали генетически родственные популяции, относящиеся к центральной и южной частями Восточной Европы: три группы белорусов, две с Украины и русские из Смоленской области. Второй кластер образовали популяции, проживающие на севере и северо-западе европейской части России. Третий кластер составили популяции с азиатской генетической основой.

В другом исследовании установлено распределения специфичности HLA DRB1, DQA1, DQB1 и их сочетаний у представителей популяций трех стран. Наиболее частыми отдельными вариантами DRB1 гена для 5 изученных популяций являются: DRB1*07, *11, *13, *15, что характерно для западноевразийского типа распределения; сравнительный анализ данных выявляет, что у данных популяций часто встречаемыми являются следующие трехлокусные гаплотипы: DRB1*11-DQA1*0501-DQB1*0301, DRB1*15-DQA1*0102-DQB1*0602-8, DRB1*01-DQA1*0101-DQB1*0501, DRB1*04-DQA1*0301-DQB1*0302 и DRB1*07-DQA1*0201-DQB1*0201; характерной особенностью для 5 популяций является отсутствие или пониженные частоты гаплотипов: DRB1*09-DQA1*0301-DQB1*0303 и DRB1*12-DQA1*0501-DQB1*0301; установлено образование двух кластеров популяций: «южный» (Хмельницкая и Львовская области), и «северный» (Витебская, Брестская и Вологодская области).

Таким образом установлено, что влияние естественного отбора не влияет на адекватное отражение геногеографии системы генов HLA исследуемых этнических групп. В результате исследования исторического расселения Восточной Европы был сделан вывод, что главное формообразующее значение имели воздействия в западно-восточном направлении. Таким образом население Восточной Европы постепенно генетически становилось европейским, но не до конца, что объясняет промежуточное положение между генетически разными европейскими и азиатскими популяциями.