

СРАВНЕНИЕ ПОПУЛЯЦИИ ПО СТЕПЕНИ ИХ ГЕНЕТИЧЕСКОГО СХОДСТВА

К. А. БУДАГОВА

Ереванский государственный медицинский институт, лаборатория
социально-гигиенических проблем села ЦНИЛ

Популяция—наследственные болезни—генетические расстояния.

Важной проблемой в эпидемиологии наследственных болезней является выделение наиболее важного фактора популяционной динамики, влияющего на формирование груза наследственной патологии в популяциях. Наличие этих факторов предполагает использование в медико-генетических мероприятиях, направленных на снижение частоты наследственных болезней, того или иного воздействия через эти факторы [2].

В ходе исследований, проведенных в различных регионах нашей страны, было выдвинуто предположение о влиянии отдельных факторов популяционной динамики на распространенность в них наследственной патологии. В частности, в Узбекистане таким фактором является положительная брачная ассортативность [1, 3].

Для проверки предположения о значении отдельных факторов генетической структуры в формировании ее гетерогенности наследственной патологией проведено сравнение популяций пяти районов Узбекской ССР по степени их генетического сходства с использованием статистик генетических расстояний. Кроме того, в анализ были включены данные о популяции одного из районов во временном интервале 10 лет («старый» и «новый» Ургут).

Всего в ходе двух экспедиционных исследований обследовано 320150 человек. Выявлено 108 фенологических форм наследственных заболеваний.

Степень генетической дивергенции между элементарными популяциями подсчитана на основе матриц частот мутантных генов по модифицированной формуле Мак Клоэра [4].

$$D = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \frac{2}{\pi} \cos^{-1} (1 - \sqrt{P_{jk} P_{jk}} + \sqrt{Q_{jk} Q_{jk}}),$$

где P_{jk} —частота патологического аллеля локуса А, Q_{jk} —частота его альтернативного аллеля, P_{jk} —частота патологического аллеля локуса В, Q_{jk} —частота его альтернативного аллеля.

Этот метод расчета выбран потому, что в нем используется арко-«синусное» преобразование, которое устраняет асимметрию распределения частот сравниваемых аллелей, когда эти частоты намного меньше 0,05.

Результаты проведенного сравнения даны в таблице, где представлена матрица генетических расстояний между районами Хорезмской и Самаркандской областей.

Значение генетических расстояний между популяциями Узбекской ССР

Районы	Ханк.	Ургенч.	Кошкуп.	Богат. и. Ургу.	ст. Ургут	
Ханкинский		0,04740	0,04670	0,04581	0,03027	0,03437
Ургенчский			0,04380	0,04933	0,02967	0,0332
Кошкуньский				0,04822	0,03037	0,03163
Богатский					0,02631	0,02994
«Новый Ургут»						0,01367
«Старый Ургут»					0,04054*	

* — популяция с детьми до 10 лет.

Из таблицы видно, что значение генетических расстояний во всех сравниваемых парах примерно одинаково, а «старая» и «новая» популяции Ургутского района более сходны, чем остальные сравниваемые пары. Наибольшее генетическое расстояние обнаруживается между популяциями, представленными детьми до 10 лет, т. е. в новом поколении изученной популяции в основном проявилась прежде не выявленная наследственная патология.

Таким образом, проведенное сравнение подтвердило предположение о ведущей роли положительной брачной ассортативности в формировании отягощенности узбекских популяций наследственной патологией.

ЛИТЕРАТУРА

1. Гинтер Е. К., Гирькоцева Р. Ф. Прогресс в медицинской генетике. 10—36. М., 1978.
2. Кузнецов Н. П. Автореф. дисс. докт., М., 1979.
3. Ривазов А. А., Кошечкин В. А., Гинтер Е. К., Тураева Ш. М. Генетика. 19, 5, 840—846, 1983.
4. Mac Cluer J., Mount Siro S. и др. In: Ed. F. Crow, C. Denniston. Genetic Distances. New-York-London, Plenum Press, 77, 1974.

Поступило 6 II 1989 г.