

associated with HIV-1 disease. associated with a delayed progression to disease. The aim of this study was to determine the frequency of chemokine receptor gene mutation CCR2-64I in people from Western region of Ukraine. **Methods.** DNA from the above samples was isolated using a modified salting out method. Extracted DNA was amplified by Polymerase chain reaction (PCR). The PCR products were subsequently digested with the restriction enzyme Bse8 I and subjected to electrophoresis in a 2 % agarose gel. **Results.** A molecular genetic study of chemokine receptor gene mutation CCR2-64I performed in 147 people from Western region of Ukraine. The frequency of CCR2-64I heterozygote was 12.92 % and the frequency of CCR2-64I homozygous was 1.36 % in the studied group. CCR2-64I mutation were more frequently in group of women (16.9 %) than in group of men (8.6 %). **Conclusions.** The results show relatively high genetic resistance to HIV infection in people from Western region of Ukraine. **Key words:** HIV infection, chemokine receptor, mutation.

УТЕВСКАЯ О.М.^{1,2}, **АГДЖОЯН А.Т.**^{3,2}, **ПШЕНИЧНОВ А.С.**², **ДИБИРОВА Х.Д.**^{2,3},
ЧУХРЯЕВА М.И.³, **АТРАМЕНТОВА Л.А.**¹, **БАЛАНОВСКАЯ Е.В.**², **БАЛАНОВСКИЙ О.П.**^{3,2}

¹ Харьковский национальный университет имени В.Н. Каразина
Украина, 61022, Харьков, пл. Свободы, 4, e-mail: outevsk@yandex.ru

² Медико-генетический научный центр РАМН
Россия, Москва

³ Институт общей генетики им.Н.И. Вавилова РАН
Россия, Москва

СХОДСТВО УКРАИНСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ ИЗ РАЗЛИЧНЫХ ТЕРРИТОРИАЛЬНЫХ ПОДРАЗДЕЛЕНИЙ ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ

Начиная с XIII в. и вплоть до середины XX в. некоторые части украинской территории, сохранявшие славянское население Киевской Руси, находились в составе различных политических образований: западные территории - Волынь и Галиция - входили в состав Литовского государства, Речи Посполитой, Польши; территория Закарпатье входила в состав Венгерского королевства, Австро-Венгрии; Буковина была частью Молдавского княжества, Австро-Венгрии и Румынии; центральные районы Украины и Слобожанщина заселялись мигрантами из западных областей Украины в XV–XVII вв.;

Материалы и методы

В период с 2001 по 2011 гг. был проведен ряд экспедиций по сбору биологического материала среди коренных украинцев. Выбирались регионы, где украинское население наименее подверглось метисации, поэтому обследуемая территория охватывала западные, центральные, северные и северо-восточные части Украины. Сбор материала (венозная кровь, 13 мл) проводился на базе районных больниц и поликлиник; донорами были жители небольших населенных пунктов – неродственные друг другу мужчины, коренные украинцы, предки которых по отцовской и материнской линиям до 3-го поколения относились к украинскому этносу и проживали в

восточные и центральные регионы с XVIII в. входили в состав Российской империи. Сложные популяционно-демографические процессы определили подразделение современной Украины на ряд исторических областей, что могло привести и к генетической дифференциации украинских популяций. Целью данной работы было сравнить генетическое разнообразие региональных подразделений в пределах украинского этноса по гаплогруппам Y-хромосомы, полиморфизм которой является наиболее эффективным маркером для разграничения близких популяций [1, 2].

данном районе (области). Каждый донор подписывал информированное согласие на исследование. При исследованиях соблюдена полная анонимность.

ДНК из донорской крови выделена фенол-хлороформным методом. Определение эффективной концентрации ДНК проводилось методом ПЦР в реальном времени с использованием набора Quantifiler Human DNA Kit (Applied Biosystems) на амплификаторе ABI 7900HT (Applied Biosystems). Образцы ДНК от 1197 украинцев из 13 популяций, представляющих основные исторические территории Украины (Закарпатье, Волынь, Галиция, Буковина, Полесье,

Поднепровье, Слобожанщина, Запорожье), были генотипированы более чем по 30 различным SNP маркерам Y-хромосомы, маркирующим основные гаплогруппы и их субветви. Генотипирование проводилось методом ПЦР в реальном времени на амплификаторе ABI 7900 (Applied Biosystems) с использованием набора TaqMan зондов на SNP-маркеры (Applied Biosystems).

На основании частот гаплогрупп Y-хромосомы, определенных для каждой попу-

Результаты и обсуждение

Около 90 % украинского генофонда составляют 7 основных гаплогрупп Y-хромосомы: **R1a1a (M198)**, **I2a1 (P37)**, **R1a1a1g (M458)**, **R1b1a2 (M269)**, **E1b1b1a1 (M78)**, **I1(M253)**, **N1c1(M178)**. Оставшаяся часть генофонда представлена 25 редкими гаплогруппами. Спектр и

частоты гаплогрупп Y хромосомы среди коренного населения Украины соответствуют генетической картине Восточной Европы [4–6]. Частотные распределения гаплогрупп Y-хромосомы в различных украинских популяциях были сходными между собой (рис. 1).

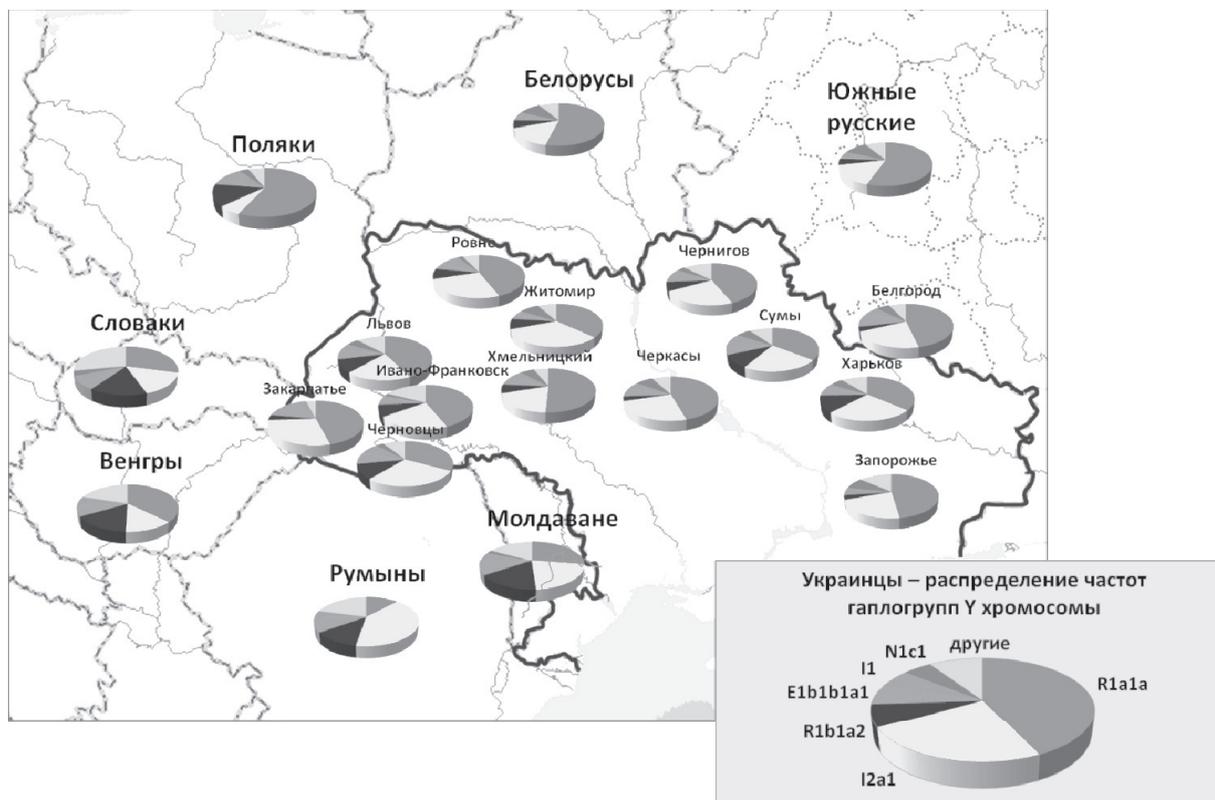


Рис. 1. Частотные распределения основных гаплогрупп Y-хромосомы в украинских и соседних популяциях

На графике многомерного шкалирования (рис. 2), который был построен на основании матрицы межпопуляционных генетических расстояний, украинские популяции не образуют кластеров, отражающих крупные региональные объединения (например, запад, север и восток Украины). Географически удаленные популяции

могут располагаться рядом (например, популяции из Хмельницкой и Белгородской областей), а территориально близкие популяции – быть генетически отделенными (например, популяции из Харьковской и Белгородской областей). Выявляются несколько небольших кластеров из 2–3 географически соседствующих популяций,

соответствующие таким историческим территориям, как Галиция, Волынь, Среднее Поднепровье, Слобожанщина.

В большинстве случаев степень генетических различий популяций положительно коррелирует с географическим расстоянием между ними. Подобная картина была бы вполне ожидаема и для украинских популяций, распространенных в пределах однородного географического ландшафта, без высоких горных массивов и водных преград. Однако, коэффициент корреляции, рассчитанный на основании генетических и географических расстояний между украинскими популяциями, оказался практически равным нулю и статистически незначимым ($r_s = -0,03$; $p > 0,05$). То есть, географическое расстояние между украинскими популяциями не

определяет генетического сходства или различия между ними. По-видимому, исторически документированные миграции мужского населения в пределах украинской территории (украинское казачество, заселение освобожденных от кочевников восточных территорий) были интенсивными, разнонаправленными и разнопротяженными. В итоге высокая подвижность населения привела к гомогенности современного украинского генофонда. При этом даже популяции на периферии этнического ареала, которые относятся/относились к зонам смешения (Закарпатье, Буковина, Слобожанщина), по спектру и частотам гаплогрупп Y-хромосомы характеризуются более высоким генетическим сходством с остальными украинскими популяциями, чем с соседними этносами (рис. 1).



Рис. 2. График многомерного шкалирования, отражающий взаиморасположение украинских популяций в зависимости от генетического сходства по маркерам Y-хромосомы

Выводы

Украинские популяции, относящиеся к различным историко-территориальным объединениям, являются гомогенными по маркерам Y-

хромосомы и характеризуются более высоким генетическим сходством друг с другом, чем с соседними этническими группами.

Работа выполнена при финансовой поддержке грантов РФФИ 10-04-01603а, 10-07-00515а, 12-04-31732 мол а, 12-06-90901-моб_снг_ст, 12-06-90818-мол_рф_нр, Фонда фундаментальных исследований ХНУ.

Литература

1. Underhill P.A., Passarino G., Lin A.A., Shen P., Mirazon L.M., Foley R.A., Oefner P.J., Cavalli-Sforza L.L. The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations // Ann. Hum.

Genet. – 2001. – Vol. 65. – P. 43–62.

2. Степанов В.А., Харьков В.Н., Пузырев В.П. Эволюция и филогеография линий Y-хромосомы человека // Вестник ВОГИС – 2006. – Т.10, №1. – С. 57–73.
3. Nei M. Molecular evolutionary genetics. New York: Columbia Univ.Press, 1987.– 512 p.
4. Semino O., Passarino G., Oefner P.J., Lin A.A., Arbuzova S., Beckman L.E., De Benedictis G., Francalacci P. et al. The genetic legacy of paleolithic Homo sapiens sapiens in extant Europeans: a Y chromosome perspective // Science. – 2000. – Vol. 290, №5494. – P. 1155–1159.
5. Novelletto A. Y chromosome variation in Europe: Continental and local processes in the formation of the extant gene pool // Annals of Human Biology. – 2007. – Vol. 34, №2. – P. 139–172.
6. Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A., Kivisild T., Churnosov M., Evseeva I., Pocheshkhova E., Boldyreva M., Yankovsky N., Balanovska E., VILLEMS R. Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context // Am J. Hum Genet. 2008. – Vol. 82, №1. – P. 236–250.

UTEVSKA O.M.^{1,2}, **AGDZHOYAN A.T.**^{3,2}, **PSHENICHNOV A.S.**², **DIBIROVA KH. D.**^{2,3},
CHUHRYAEVA M.I.³, **ATRAMENTOVA L.A.**¹, **BALANOVSKA E.V.**², **BALANOVSKY O.P.**^{2,3}

¹ V.N. Karazin Kharkiv National University

Ukraine, 61022, Kharkiv, Svoboda sq., 4, e-mail: outevsk@yandex.ru

² Research Centre of Medical Genetics of the Russian Academy of Medical Sciences

Russia, Moscow

³ Vavilov Institute for General Genetics, Russian Academy of Sciences

Russia, Moscow

SIMILARITY OF UKRAINIAN POPULATIONS FROM DIFFERENT REGIONS REVEALED BY Y-CHROMOSOMAL MARKERS

Aims. To compare the genetic diversity of the Ukrainian regions by the Y-chromosome haplogroups, which are the high effective genetic markers for similar populations. **Methods.** The genotyping of Y-chromosome markers. Multivariate statistical analysis, correlation analysis. **Results.** The spectrum and frequency of Y chromosome haplogroups in the Ukrainian populations correspond to the genetic pattern of Eastern Europe. The frequency distribution of Y-chromosome haplogroups in different Ukrainian populations are similar. The genetic similarity of Ukrainian population or difference between them is not determined by the geographical distance. **Conclusions.** Ukrainian population belonging to different historical and territorial associations are homogeneous for Y-chromosome markers and have a higher genetic similarity to each other than to the neighboring ethnic groups.

Key words: Y-chromosome, haplogroup, Ukrainians, population, gene pool.

ФЕДОТА А.М.

Харьковский национальный университет имени В.Н.Каразина

Украина, 61022, г. Харьков, пл. Свободы, 4, e-mail: afedota@mail.ru

АНАЛИЗ ДИНАМИКИ ГЕНЕТИКО-ДЕМОГРАФИЧЕСКИХ ПАРАМЕТРОВ (ЧИСЛЕННОСТИ И ПОЛОВОЗРАСТНЫХ ХАРАКТЕРИСТИК НАСЕЛЕНИЯ) МАЛЫХ ГОРОДОВ И СЕЛ ВОСТОЧНОЙ УКРАИНЫ

Актуальность исследований динамики брачно-миграционной структуры населения Украины обусловлена рядом обстоятельств. В Украине с начала 90-х годов XX века наблюдается изменение ряда генетико-демографических показателей, например, структуры браков, среднего возраста вступления в брак, брачных расстояний, дальности и интенсивности миграций [1]. Это повлияло на рост частоты родственных браков, особенно в сельской местности [2], что в настоящее время обуславливает повышение

распространённости тяжёлых рецессивных заболеваний среди населения. Сходные ситуации давно имеют место в странах Северной Европы и Ближнего Востока, где отмечается высокий уровень инбридинга [3, 4]. Такие изменения генетической структуры популяции создают серьёзную угрозу генетической безопасности населения [5, 6, 7], одной из составляющих безопасности государства в целом. В связи с этим особенно актуально проводить анализ основных генетико-демографических параметров украин-