
Послідовності 5S рДНК, які отримали після сиквенування, аналізували за допомогою пакету комп'ютерних програм Lasergene, та онлайн-сервісів (LabTools).

Результати аналізу показали, що послідовності МГС отриманих клонів SKL47#2p12 та SKL47#2p14 подібні між собою на 91,8%, тоді як подібність клону SKL47#2p13 з двома іншими складає 82,9-83,9%. Така різниця рівня подібності пояснюється поліморфізмом окремих ділянок в межах МГС. Такими ділянками є 5' фланкуюча зона, що межує з кодуючою ділянкою та чисельні точкові замни. Такі відмінності можуть свідчити про існування декількох варіантів 5S рДНК в межах геному бджоли. Відомо, що у комах регуляторні ділянки, які містяться у спейсерній частині повтору 5S рДНК не є необхідними для ініціації транскрипції, але вони приймають участь у модуляції транскрипції, що пов'язано із приєднанням до цієї ділянки кількох білкових факторів [OeiS., 1990]. Аналіз сиквендованих нами клонів показав, що на відстані 25-30 нп перед кодуючою ділянкою у МГС в сіх трьох клонів присутній ТАТА-подібний мотив ТАТТТ, який імовірно бере участь в ініціації транскрипції. Крім того, в межах спейсерної ділянки 5S рДНК виявлені чисельні копії мікросателітних послідовностей АТТ, які імовірно виникли та поширились по геному ще у спільного предка перетинчасто-та лускрипих. Раніше такі мікросателіти було виявлено нами у *Melitaea trivialis* (реєстраційний номер у базі даних GenBank - HM998303) [Cherevatov, 2011].

Отже, після аналізу структури декількох послідовностей МГС стало зрозуміло, що в межах одного геному у бджоли медоносною існує декілька варіантів 5S рДНК. Такі варіанти, дещо відрізняються структурно, але містять необхідні регуляторні елементи у однакових позиціях.

**Свалова А., Лановенко О.
РОЗПОДІЛЕННЯ ГЕНІВ ГРУП КРОВІ СИСТЕМ АВО ТА
RHE SUS У ХЕРСОНСЬКІЙ ПОПУЛЯЦІЇ**

Херсонський державний університет
вул. Університетська, 27, Херсон, 73 000, Україна
e-mail: alyona.svalova28@gmail.com

Svalova A., Lanovenko O. DISTRIBUTION OF GENES OF BLOOD GROUPS OF ABO AND RHESUS SYSTEMS IN THE KHERSON POPULATION
For the first time the analysis of the prevalence of blood group alleles of ABO systems and Rhesus in the Kherson population has been performed, the expected frequency of genotypes has been calculated, and the comparative analysis by χ^2 of the actual existing distribution of gene frequencies with the

theoretically expected frequencies has been performed. The further reduction of the effective population by continuous reduction of the migration coefficient may eventually lead to the effect of genetic drift.

Поліморфні білки, ферменти, групи крові є ідеальними генетичними маркерами та широко використовують ся при вивченні генетичних процесів у популяціях, дозволяють встановити генетичні властивості етносу, визначити ступінь його генетичної близькості та своєрідності по відношенню до сусідніх етносів. Відмінності в поширеності антигенів у різних народів мають безпосереднє клінічне значення, впливаючи на частоту гемолітичної хвороби плоду та новонароджених, і представляють одну з найважливіших проблем медицини. Актуальним питанням є вивчення регіональної специфіки розподілу груп крові з позицій етнічного поліморфізму. У цьому зв'язку **мета дослідження** - розрахувати частоту груп крові систем АВО та резус і проаналізувати динаміку їх розподілу в міській херсонській популяції за період зміни поколінь (1987-1989 та 2015-2017 рр.) з метою з'ясування особливостей динаміки генетичної структури популяції. Нами вперше проведений аналіз поширеності алелів груп крові систем АВО та резус у херсонській популяції, розрахована очікувана частота генотипів, проведений порівняльний аналіз методом χ^2 фактично існуючого розподілення генних частот з теоретично очікуваними частотами.

У системі груп крові АВО синтез аллотипоногенів і аллотипінів визначається алелями аутосомного гена I (i^0 , I^A , I^B), який контролює утворення антигенів та антитіл. При цьому алелі I^A та I^B повністю домінують над алелем i^0 . Алелі I^A та I^B успадковуються за типом кодомінування. Резус-система визначається трьома зчепленими генами (CDE); всі ці гени локалізовані в 1-й аутосомі. Найактивнішим антигеном резус-системи є антиген RhD.

У міській херсонській популяції найпоширенішими групами крові системи АВО є I (0) та II (A) - частота відповідно 0,41 та 0,38. Значно менше (з частотою 0,06) поширена група IV (AB), особливо у людей резус-негативних (0,0013). Триваюче з 1993 року скорочення генетично ефективної чисельності популяції призводить до зміни середньої популяційної частоти фенотипів: статистично суттєвого збільшення поширеності осіб з групою I (0) та несуттєвого - з групою II (A), а також до достовірно суттєвого зменшення частоти осіб з групою III (B). Спостерігається збільшення частоти рецесивного алеля (i^0) з 0,608 до 0,678, зменшення частоти домінантного алеля I^A (з 0,252 до 0,077) та збільшення частоти алеля I^B (з 0,14 до 0,245). В умовах скорочення генетично ефективної чисельності популяції розподілення частот груп крові системи Rh змінюється в бік зменшення частоти резус-позитивного алеля (з 0,95 до 0,94) та відповідного збільшення частоти резус-негативного алеля (з 0,05

до 0,06) ($\chi^2 = 11,8$), а також зростання кількості резус-негативних генотипів і фенотипів (з 0,22 до 0,24). У цілому відхилення популяції від рівноважного стану за частотами алелей груп крові АВО та резус пока що є статистично несуттєвим і не змінює її генетичну структуру, а спричинене поступовим скороченням чисельності міської популяції. Але подальше скорочення її ефективної чисельності за постійного зниження коефіцієнту міграції може з часом призвести до ефекту генетичного дрейфу

Чуйко В.М.

**ГЕНЕТИЧНА СХИЛЬНІСТЬ ДО ЗЛОЯКІСНИХ
НОВОУТВОРЕНЬ СЕРЕД ДИТЯЧОГО
НАСЕЛЕННЯ ХАРКОВА І ХАРКІВСЬКОЇ ОБЛАСТІ**

«Харківський національний медичний університет»
проспект Науки, 4, м. Харків, 61000, Україна
e-mail: chuykova1a@gmail.com

Статья В.М. ЧУЙКО ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПРЕДРАСПОСЯЖЕННОСТЬ К РАКОВЫМ НЕОПЛАЗМАМ В ДЕТСКОМ ВОЗРАСТЕ В ХАРКОВЕ И ХАРКОВСКОЙ ОБЛАСТИ. Частота онкологических заболеваний среди детей Харьковской области в 2017 году составила 65,4 на 100 000 детей. Генетический фактор является одним из основных причин развития онкологической патологии. Согласно результатам опроса среди родителей пациентов, частота онкологических заболеваний у родственников 1 и 2 поколения составляет 20%, из которых частота диагностики составляет 10%.

За статистичними даними, на диспансерному обліку в лікувальних установах Харкова та Харківської області до кінця 2017 року перебувало 277 дітей із злоякісними захворюваннями, показник становить 65,4 на 100 000 дитячого населення, в Україні - 81,3 на 100 000 дитячого населення. У структурі злоякісних захворювань дітей до 18 років перше місце традиційно займають лейкози (28,1%), друге-злоякісні лімфоми і злоякісні новоутворення головного мозку, третє-пухлини сечовидільної системи.

Мета дослідження: простежити наявність і вираженість спадкової схильності до новоутворень у дітей щодо родинних зв'язків.

Згідно з науковими дослідженнями встановлено, що причиною виникнення пухлини можуть бути головні (канцерогени), сприяючі(шкідливі звички людини, професійні пухлини, ятрогенний канцерогенез) етіологічні фактори. Також до підвищеного ризику злоякісних новоутворень потрібно віднести спадкову схильність. Передаватися у спадок може ген, що викликає певну форму раку