

годов прошлого века система иммуноглобулиноподобных рецепторов киллерных клеток (KIR) также обладает высоким уровнем полиморфизма и играет ключевую роль в регуляции цитолитической активности естественных киллеров, взаимодействуя с антигенами HLA I класса локусов A, B и C.

Целью данного исследования явилось изучение распределения KIR-генов у потенциальных доноров Республиканского регистра доноров гемопоэтических стволовых клеток в Российском НИИ гематологии и трансфузиологии. Было проведено молекулярно-генетическое типирование 100 образцов крови доноров с использованием коммерческих наборов производства Invitrogen. Для проведения сравнительного анализа частот встречаемости KIR-генов и KIR-генотипов у потенциальных доноров ГСК нашего регистра и других популяциях были использованы данные Allele Frequencies KIR Database (<http://www.allelefreqencies.net>). Распределение потенциальных доноров на группы в соответствии с их KIR B статусом («best», «better», «neutral») проводили при помощи калькулятора <http://www.ebi.ac.uk/ipd/kir/>.

При сравнительном анализе частоты встречаемости KIR-генов и KIR-генотипов у доноров ГСК Республиканского

регистра нами были обнаружены черты сходства с другими европеоидными популяциями. Характерные специфические особенности доноров нашего регистра обусловлены, в основном, различиями в частоте встречаемости активирующих KIR-генов (KIR2DS5). Более выраженные различия были выявлены при сравнении с азиатскими популяциями. Частота ассоциированных с гаплотипом B ингибирующего (KIR2DL2) и активирующих (KIR2DS2, KIR2DS3) генов в обследованной нами группе была значительно выше, чем в популяциях Японии, Китая и Южной Кореи, что характерно для европеоидных популяций в целом.

В группе доноров ГСК Республиканского регистра обнаружена более высокая по сравнению с другими популяциями частота встречаемости KIR-генотипов, оказывающих наиболее благоприятный клинический эффект при трансплантации при остром миелоидном лейкозе. Это различие достигает статистической значимости в сравнении с азиатскими популяциями.

Результаты данного исследования могут быть использованы для выбора наиболее предпочтительных доноров с целью улучшения терапевтического эффекта трансплантации ГСК.

## ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ СТРУКТУРЫ И ФУНКЦИЙ РЕГУЛЯТОРНЫХ РАЙОНОВ ГЕНОВ

**Т.П.Шкурат, Н.С. Пономарева, Д.Е.Романов, Е.С. Алешина, А.Е.Панич**

*Южный федеральный университет (Ростов-на-Дону), Россия*

Целостное понимание всех функций генома еще далеко от завершения, особенно важно выяснение роли последовательностей ДНК некодирующих белок, механизмов регуляции альтернативного сплайсинга. Систематический анализ транскрипционного профиля, данные о механизмах регуляции и поиски взаимосвязанных сценариев взаимодействия кодирующей и некодирующей белок ДНК являются очень важным фундаментом для понимания системной биологии и молекулярного патогенеза различных заболеваний человека.

Наш подход к изучению структуры и функций цисрегуляторных районов генов заключается в поиске уже известных функциональных элементов генома в заданных последовательностях (малые РНК, сайты связывания транскрипционных факторов, псевдогены и др). Применить подобный подход позволяет разработанная программа «Автоматизированный поиск мотивов и аннотация последовательностей». Особенности программы являются авто-

матическая конвертация форматов, использование геномных браузеров для визуального представления результатов и стохастических алгоритмов при поиске. Используя данную программу проанализированы некодирующие участки ДНК генома человека (межгенные пространства и интроны) на примере некоторых генов вовлеченных в процессы полового созревания организма.

Другой подход ориентирован на поиски новых структурно-функциональных элементов генома, а, возможно, даже новых типов структурных элементов, функции которых пока неизвестны. Разработана программа «Анализ нуклеотидных последовательностей ДНК с помощью точечной матрицы гомологии» ( госрегистрация программы для ЭВМ – № 2013619296) позволяет проводить сравнительный анализ последовательности с заданной степенью сходства и графически отображать результаты. Программа составлена с применением модифицированного алгоритма Нидлмана-Вунша, а также с помощью графика распределения сходства.

## ГЕНЕТИКА СПОРТА – СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ

**Гайзуллин И.Б.**

*ФГБОУ ВПО «Башкирский государственный педагогический университет им. М. Акмуллы», Уфа, Россия.*

Одним из интенсивно развивающихся направлений современной генетики является разработка молекулярно-генетических подходов, позволяющих определить предрасположенность человека к различным видам деятельности. В последние годы активно проводится поиск молекулярно-генетических маркеров, определяющих способность человека к выполнению высоких спортивных нагрузок [1].

В последние десять лет в мировой практике отмечает-

ся стремительное развитие молекулярной генетики спорта, где учитываются молекулярные механизмы наследования физических и психических качеств человека, а также морфофункциональные признаки и биохимические показатели, изменяющимися под воздействием физических нагрузок различной направленности. Необходимо отметить, что после опубликования генетической карты физической активности версии 2005 года произошло значительное расшире-