

Изучение структуры генофонда популяции коми по данным о распределении гаплогрупп Y-хромосомы

Н. В. Екомасова^{1*}, С. С. Литвинов², Э. К. Хуснутдинова^{1,2}

¹ Башкирский государственный университет
Россия, г. Уфа, 450076, улица Заки Валиди, 32.

² Институт биохимии и генетики УНЦ РАН
Россия, г. Уфа, 450075, Проспект Октября, 71.

*Email: trofimova_nata_@mail.ru

Был проведен анализ генетического разнообразия в популяции коми с использованием маркеров Y-хромосомы. В результате анализа распределения гаплогрупп Y-хромосомы в популяции коми была выявлена ее существенная близость к другим финно-угорским популяциям Волго-Уральского региона, особенно к популяции марийцев.

Ключевые слова: этногеномика, Y-хромосома.

Изучение генетических особенностей современных популяций мира является приоритетной задачей популяционной генетики человека. К числу наиболее эффективных подходов для изучения генетической истории народов относится анализ изменчивости высокополиморфных генетических систем, характеризующихся наследованием по одной из родительских линий и отсутствием рекомбинаций.

На сегодняшний день известны работы по изучению генетической структуры популяции коми по данным об изменчивости митохондриальной ДНК (мтДНК) и полиморфизма 15 аутосомных ДНК-локусов. Полученные ранее данные свидетельствуют в пользу наибольшей генетической близости коми с популяциями марийцев и удмуртов, а наименьшей с башкирами [1–5]. Использование новых генетических маркеров Y-хромосомы позволит выявить более глубокие генетические связи этого народа со своими географическими соседями по мужской линии. Учитывая слабую изученность генетической истории коми по мужской линии и сложность процессов формирования этой популяции как этноса, мы посчитали необходимым изучить данную проблему с использованием диаллельных маркеров Y-хромосомы.

Материалом для исследования служили образцы ДНК, выделенные из цельной крови неродственных индивидов. В исследовании были задействованы образцы из популяции коми (г. Сыктывкар, Ижемский район Республики Коми), всего 105 индивидуумов. Этническая принадлежность, происхождение и родственные отношения уточнялись путем анкетирования, учитывая данные до третьего поколения. Все принявшие участие в исследовании индивиды дали информированное согласие. Анализ диаллельных локусов нерекомбинирующей области Y-хромосомы проводился по следующим 12 локусам: M1 (YAP), M9, M207, M231, M269, M130, M170, M35, 12F2, Page07, Tat(M46), P43.

Оценка степени генетической дифференциации между популяциями проводилась с помощью показателей матрицы линеаризованных значений F_{st} Слаткина [6] в программе Arlequin 3.11 [7]. Анализ главных компонент проводили в программе PopSTR, любезно предоставленной Г. Харпендингом (США).

В результате анализа диаллельных маркеров нерекombинирующей области Y-хромосомы в популяции коми обнаружено 6 гаплогрупп (табл. 1). Основная доля гаплогрупп Y-хромосом в изученной популяции приходится на три ветви (N2a-P43, N3-Tat и R1a1a-Page7), которые в сумме составляют около 80% (табл. 1). Классификация гаплогруппы N приведена с учетом данных Иллюме с соавт. [8].

Таблица 1. Частоты гаплогрупп Y-хромосомы в популяции коми (%)

	N(чел.)	Коми (%)
E – M35	5	4,8
I – M170	7	6,7
N2a – P43	18	17,1
N3 – Tat(M46)	36	34,3
R1a1a – Page7	31	29,5
R1b1b2 – M269	8	7,6
N	105	

Местом происхождения гаплогруппы N, по всей видимости, является Южный Китай, откуда она распространилась в Северный Китай, а затем в Южную Сибирь [9]. Очевидно, распространение ее носителей происходило примерно 12–14 тыс. лет назад, уже после заселения Америки, поскольку эта гаплогруппа отсутствует в популяции коренных американцев [10]. Ранее N-M231 была обнаружена преимущественно у финно-угорских народов, с высокими частотами встречаясь у саамов, вепсов, хантов, манси и финно-угорских народов Волго-Уральского региона [11]. Среди изученных нами коми гаплогруппа N-M231 является мажорной, и ее ветви N3-Tat и N2a-P43 составляют 51% всего генофонда.

Гаплогруппа R1a1a-Page7 является одной из самых распространенных гаплогрупп Евразии. Ее ареал распространения простирается от Южной Азии до Восточной и Центральной Европы, а также Южной Сибири, и она представлена у 10% мужского населения на территории от Южной Азии до Скандинавии [12]. Местом происхождения считается Южная и Западная Азия [12]. Известно, что гаплогруппа R1a-Page7 с высокими частотами встречается в субпопуляциях русских [13]. В популяции коми частота R1a-Page7 составляет 29.5%. Несмотря на отсутствие детального филогенетического раз-

решения, мы можем предположить, что высокая частота этой гаплогруппы в популяции коми связана с восточноевропейским влиянием.

Для того, чтобы охарактеризовать генетические взаимоотношения между популяциями, нами был проведен анализ главных компонент (рис. 1), в который также были включены данные по распределению гаплогрупп Y-хромосомы в соседних популяциях Волго-Уральского региона, а также некоторых географически удаленных финно-угорских популяциях. Мы произвели выбор популяций, исходя из наличия сопоставимых с нашими данных из литературных источников [11, 14–17]. По результатам анализа видно (рис. 1), что вдоль первой главной компоненты, объясняющей 46.2% генетического разнообразия по Y-хромосоме в проанализированных популяциях, коми наиболее близки к другим финно-угорским популяциям, особенно к популяции марийцев. Близость коми к марийцам также ранее была показана по данным 15 аутосомных локусов в работе Хуснутдиновой с соавт. [3].

Мы также провели анализ Fst Слаткина в программе Arlequin 3.11 (табл. 2).

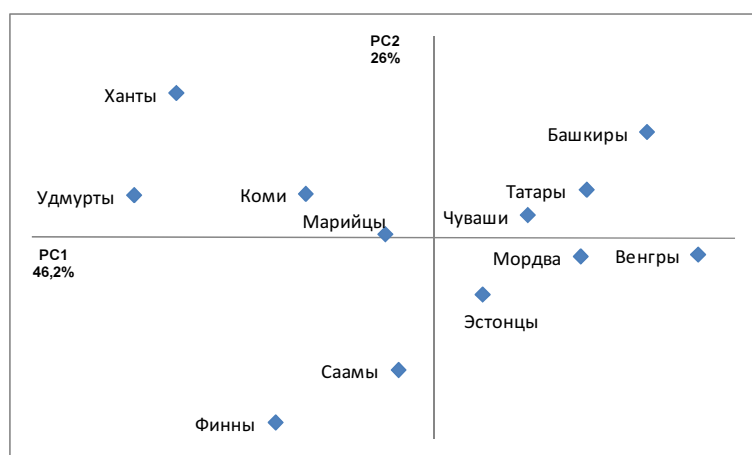


Рис. 1. Анализ главных компонент в популяциях коми, Волго-Уральского региона и географически удаленных финно-угорских популяциях.

Таблица 2. Показатель Fst Слаткина для изученной популяции коми и популяций, взятых для сравнения

	Коми	Марийцы	Мордва	Удмурты	Чуваши	Татары	Ханты	Финны	Эстонцы	Саамы	Венгры
Коми	0,000										
Марийцы	0,022	0,000									
Мордва	0,067	0,088	0,000								
Удмурты	0,068	0,181	0,230	0,000							
Чуваши	0,051	0,062	0,003	0,200	0,000						
Татары	0,072	0,076	0,013	0,231	0,000	0,000					
Ханты	0,073	0,215	0,188	0,043	0,176	0,208	0,000				
Финны	0,138	0,232	0,205	0,125	0,237	0,278	0,246	0,000			
Эстонцы	0,030	0,029	0,020	0,163	0,030	0,043	0,183	0,123	0,000		
Саамы	0,085	0,151	0,085	0,117	0,111	0,141	0,178	0,016	0,054	0,000	
Венгры	0,193	0,232	0,022	0,421	0,061	0,074	0,315	0,367	0,110	0,190	0,000

Согласно полученным данным наибольшую генетическую близость по Y-хромосоме популяция коми демонстрирует к марийцам и эстонцам. Это может быть объяснено высоким содержанием гаплогруппы N-M231.

Таким образом, изученная популяция коми демонстрирует характерный для финно-угорских популяций Волго-Уральского региона паттерн распределения гаплогрупп Y-хромосомы. При этом по данным анализа главных компонент также можно наблюдать генетическую близость к марийцам, а при использовании Fst Слаткина видно, что коми близки по мужской линии к географически удаленным финно-угорским популяциям – эстонцам. Другим аспектом генетического сходства, сближающего коми, марийцев и эстонцев, можно считать высокую частоту гаплогруппы R1a1a-Page7 распространение которой в популяции коми, по всей видимости, связано с восточноевропейским влиянием.

Литература

1. Хуснутдинов Э. К., Хидиятова И. М., Просняк М. И. Анализ полиморфизма ДНК, выявляемого методом геномной дактилоскопии на основе ДНК фага M13, в популяциях башкир и коми // Генетика 1994. №12. С. 1621–1625
2. Хуснутдинова Э. К. Молекулярная этногенетика народов Волго-Уральского региона. Уфа: Гилем, 1999. С. 210
3. Хуснутдинова Э. К., Хидиятова И. М., Викторова Т. В., и др. Оценка генетических расстояний и таксономический анализ популяций народов Волго-Уральского региона на основе данных о полиморфизме ДНК // Генетика. 1999. Т. 35. №7. С. 982–987.
4. Лимборская С. А., Хуснутдинова Э. К., Балановская Е. В. Этногеномика и геногеография народов Восточной Европы. Москва: Наука, 2002. С.261.
5. Бермишева М. А., Викторова, Т. В., Хуснутдинова, Э. К. Анализ полиморфизма диаллельных локусов Y-хромосомы у народов Волго-Уральского региона. // Генетика. 2001. Т. 37. №7. С. 1002–1007.
6. Slatkin M. A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies // Genetics. 1995. V. 139. № P. 457–462.
7. Schneider S., Roessli D. and Excoffier L. Arlequin version 2.000: a software for population genetics data analysis. Geneva: University of Geneva, Genetics and Biochemistry laboratory, 2000.
8. Ilumäe A. M. et al. Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families //The American Journal of Human Genetics. – 2016. – Т. 99. – №. 1. – С. 163–173.
9. Shi, H. Genetic evidence of an East Asian origin and paleolithic northward migration of Y-chromosome haplogroup N / H. Shi, X. Qi, H. Zhong, Y. Peng, X. Zhang, R. Z. Ma, B. Su // PLoS One. – 2013. – V. 8. – №6. – P. e66102.

10. S. Rootsi, L. A. Zhivotovsky, M. Baldovic, M. Kayser, I. A. Kutuev, R. Khusainova, M. A. Bermisheva, M. Gubina, S. A. Fedorova, A. M. Ilumae, E. K. Khusnutdinova, M. I. Voevoda, L. P. Osipova, M. Stoneking, A. A. Lin, V. Ferak, J. Parik, T. Kivisild, P. A. Underhill, R. Villems. A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe // *Eur. J. Hum. Genet.* – 2007. – V. 15. – №2. – P. 204–211.
11. Tambets K., Rootsi S., Kivisild T., et al. The western and eastern roots of the Saami--the story of genetic "outliers" told by mitochondrial DNA and Y chromosomes // *Am. J. Hum. Genet.* 2004. V. 74. №4. P. 661–682.
12. P. A. Underhill, G. D. Poznik, S. Rootsi, M. Jarve, A. A. Lin, J. Wang, B. Passarelli, J. Kanbar, N. M. Myres, R. J. King, J. Di Cristofaro, H. Sahakyan, D. M. Behar, A. Kushniarevich, J. Sarac, T. Saric, P. Rudan, A. K. Pathak, G. Chaubey, V. Grugni, O. Semino, L. Yepiskoposyan, A. Bahmanimehr, S. Farjadian, O. Balanovsky, E. K. Khusnutdinova, R. J. Herrera, J. Chiaroni, C. D. Bustamante, S. R. Quake, T. Kivisild, R. Villems. The phylogenetic and geographic structure of Y-chromosome haplogroup R1a // *Eur. J. Hum. Genet.* – 2014. – P. 1–8
13. Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A., et al. Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context // *Am. J. Hum. Genet.* 2008. V. 82. №1. P. 236–250.
14. Raitio M, Lindroos K, Laukkanen M, Pastinen T, Sistonen P, Sajantila A, Syvanen A (2001) Y-chromosomal SNPs in Finno-Ugric-speaking populations analyzed by minisequencing on microarrays. *Genome Res* 11:471–482
15. Wells RS, Yuldasheva N, Ruzibakiev R, Underhill PA, Evseeva I, Blue-Smith J, Jin L, et al (2001) The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. *Proc Natl Acad Sci USA* 98:10244–10249
16. Zerjal T, Beckman L, Beckman G, Mikelsaar AV, Krumina A, Kucinskas V, Hurles ME, Tyler-Smith C (2001) Geographical, linguistic, and cultural influences on genetic diversity: Y-chromosomal distribution in Northern European populations. *Mol Biol Evol* 18:1077–1087
17. Karafet TM, Osipova LP, Gubina MA, Posukh OL, Zegura SL, Hammer MF (2002) High levels of Y-chromosome differentiation among native Siberian populations and the genetic signature of a boreal hunter-gatherer way of life. *Hum Biol* 74:761–78

Статья рекомендована к печати кафедрой генетики и фундаментальной медицины БашГУ
(д.б.н., проф. Э. К. Хуснутдиновой)

Genetic study of the Komi population according to the distribution of the Y-chromosome haplogroups

N. V. Ekomasova^{1*}, S. S. Litvinov², E. K. Khusnutdinova^{1,2}

¹ *Bashkir State University*

32 Zaki Validi Street, 450076 Ufa, Russia.

² *Institute of Biochemistry and Genetics, Russian Academy of Sciences
71 Prospekt Oktyabrya, 450075 Ufa, Russia.*

**Email: trofimova_nata_@mail.ru*

An analysis of genetic diversity of Komi population was carried out using Y-chromosome markers. An analysis of the distribution of Y-chromosome haplogroups in the Komi population identified its essential proximity to other Finno-Ugric populations, especially to the Mari population.

Keywords: ethnogenomics, Y-chromosome.