

Хитринская И.Ю.¹, Харьков В.Н.¹, Зарубин А.А.¹, Литвинов С.С.², Екомасова Н.В.², Хуснутдинова Э.К.², Степанов В.А.¹

¹ НИИ медицинской генетики, Томский национальный исследовательский медицинский центр РАН, г. Томск, irina.khitrinskaya@medgenetics.ru

² Институт биохимии и генетики ОСП ФГБНУ УФИЦ РАН

Работа выполнена в рамках Научно-технической программы Союзного государства («ДНК-идентификация») Государственный контракт № 011-17 от 26.09.2017, а также поддержана грантом РФФИ №18-29-13045 «Популяционная геномика и транскриптомика человека: поиск сигналов не-нейтральной эволюции».

Введение:

Изучение генетической структуры современных популяций человека позволяет детально раскрыть ряд вопросов, связанных с формированием их генофонда и этногенезом. Современные методы, применяемые в молекулярно-генетических исследованиях, и новые биоинформационные подходы позволяют достоверно выявлять различные предковые генетические компоненты в составе генофонда различных народов. Большинство этносов Сибири, Средней Азии и Восточной Европы являются своеобразным паззлом из различных предковых генетических компонентов, которые различаются по времени появления, направлениям миграций их носителей, их антропологической и языковой принадлежности. Одним из недавних по времени появления компонентов в их генофонде является монгольский генетический компонент, маркирующий одну из самых последних волн миграций на территории Северной Евразии.

Цель исследования: выявление доли монгольского генетического компонента в генофонде различных коренных этносов Сибири, Средней Азии и Восточной Европы.

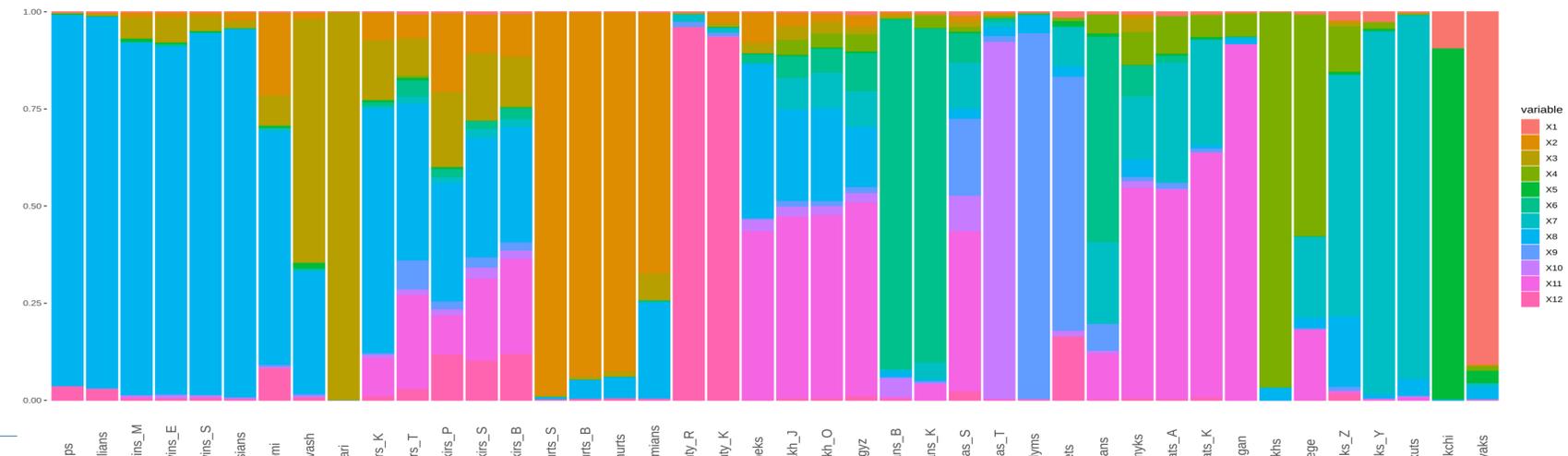
Методы:

Использовались данные генотипов по 1677114 аутосомным SNP (биочип Illumina Multi-Ethnic Global-8) 1238 образцов из различных популяций Сибири, Средней Азии и Восточной Европы (42 выборки) для анализа компонентного состава их генофонда и данные генотипирования более 3000 Y-хромосомных SNP и 44 YSTR у более 3500 образцов мужчин, представляющих коренное население Сибири, Средней Азии, Волго-Уральского региона и Кавказа (более 70 выборок) для сравнительного анализа Y-хромосомных гаплогрупп, маркирующих тюркский генетический компонент. Для выявления компонентов и количества примесей у отдельных индивидов и популяций была использована методика NGS-admix и программа ADMIXTURE, а также проведен сравнительный анализ данных аутосомных SNP и гаплогрупп и гаплотипов Y-хромосомы. Практика применения этого подхода для анализа как чиповых, так и полногеномных данных, показывает его высокую эффективность при анализе значительных массивов генотипических данных их различных популяций.

Популяции

Дунгане	91
Буряты	63
Калмыки	54
Киргизы	49
Казахи	47
Узбеки	43
Хакасы	41
Башкиры	24
Татары Томские	24
Тувинцы	12
Удэгейцы	18
Татары Казанские	9
Алтайцы	4
Якуты	0
Эвенки	0
Мордва	0
Вепсы	0
Карелы	0
Коми	0
Марийцы	0
Удмурты	0
Бесермяне	0
Ханты	0
Чулымцы	0
Кеты	0
Нивхи	0
Коряки	0
Чукчи	0

Доля Монгольского компонента (%)



Результаты:

Анализ накопленного нами массива данных по аутосомным SNP в популяциях различных регионов показал, что начиная от K=8 в общем массиве анализируемых популяций отчетливо выделяется компонент практически полностью доминирующий у дунган (91%), монголыязычных бурятов (63%) и калмыков (54%). Наиболее четко он проявляется при K=12 (Компонент 11 на Рисунке). Именно этот генетический компонент, вероятно, маркирует вклад в генофонд населения Сибири, Средней Азии и Восточной Европы монгольских мигрантов. В коренных популяциях Южной Сибири он занимает значительную долю у хакасов (41%), томских татар (24%) и тувинцев (12%). Практически все остальные исследованные популяции Сибири и Дальнего Востока – тюркоязычные якуты, шорцы, хакасы-сагайцы и чулымцы демонстрируют практически полное отсутствие этого компонента. Не выявляется он и у эвенков, эвенов, хантов, кетов, ненцев, чулымцев, чукчей, коряков и нивхов. В генофонде среднеазиатских киргизов, казахов и узбеков он составляет более 40%. В Волго-Уральском регионе с наибольшей частотой выявлен у башкир (более 20%) и казанских татар (10%). Во всех остальных выборках восточноевропейских этносов он полностью отсутствует (кроме калмыков). Общая картина распределения этого генетического компонента хорошо согласуется с антропологическими и этнографическими данными о влиянии монгольской экспансии на этногенез исследованных этносов.

Анализ гаплогрупп Y-хромосомы и их STR-гаплотипов показал связь с монгольским генетическим компонентом различных гаплогрупп. У бурятов, тувинцев, сибирских татар, киргизов и казахов это в основном гаплогруппы N1a1a1a1a3a2-B219 и C2a1a1a1b1b-F12199. У калмыков, тувинцев и киргизов - C2a1a2a2a-F6379-Y12825, C2a1a1a1b1b-F9733-F12199 и C2b1b1c-M546, у казахов - C2a1a2a-M86 и C2-Z1453. У каждого этноса с долей монгольского генетического компонента представлены разные гаплогруппы и сублинии, происхождение которых связано с расселением различных этнических групп и разными по времени миграционными событиями. В генофонде практически всех исследованных популяций, у которых не обнаруживается монгольский генетический компонент по аутосомным SNP отсутствуют и указанные гаплогруппы Y-хромосомы.

Выводы:

Обнаружен вклад монгольского по происхождению компонента в генофонд различных популяций Сибири, Средней Азии и Волго-Уральского региона. Различия по частотам и спектру сублиний центрально-азиатских гаплогрупп Y-хромосомы свидетельствуют о неоднородности и временном различии между популяциями, которые внесли этот компонент в генофонды современных народов. Генетический след экспансии монгольских племен сильнее всего присутствует у монголыязычных бурятов и калмыков, и в популяциях, которые наиболее близки территориально к степным коридорам - основным миграционным путям, идущим из Центральной Азии.