

ГОСУДАРСТВЕННОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
ВЫСШЕГО ПРОФЕССИОНАЛЬНОГО ОБРАЗОВАНИЯ
«ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

**ФУНДАМЕНТАЛЬНЫЕ
И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ
СОВРЕМЕННОЙ БИОЛОГИИ**

**Первая Всероссийская
молодежная научная конференция, посвященная
125-летию биологических исследований
в Томском государственном
университете**

(Томск, 6–9 октября 2010 г.)



Издательство Томского университета

2010

**ФИЛОГЕНИЯ И ФИЛОГЕОГРАФИЯ ГАПЛОГРУППЫ
N1B Y-ХРОМОСОМЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ ЧЕЛОВЕКА
ВОЛГО-УРАЛЬСКОГО РЕГИОНА,
ЗАПАДНОЙ И ЮЖНОЙ СИБИРИ**

К.В. Хамина, В.А. Степанов, В.Н. Харьков, О.В. Штыгашева

Исследованы распространение гаплогруппы N1b Y-хромосомы и филогенетические взаимоотношения между европейским и азиатским кластерами YSTR-гаплотипов в популяциях Волго-Уральского региона, Западной и Южной Сибири.

**PHYLOGENY AND PHYLOGEOGRAPHY
OF THE Y-CHROMOSOME HAPLOGROUP N1B
IN HUMAN POPULATIONS OF THE VOLGA-URAL REGION,
THE WESTERN AND THE SOUTHERN SIBERIA**

K.V. Khamina, V.A. Stepanov, V.N. Kharkov, O.V. Shtygasheva

The present research concentrated on the distribution of the Y-chromosomes haplogroup N1b and phylogenetic relationships between European and Asian clusters of YSTR-haplotypes in the populations of the Volga-Ural region, the Western and the Southern Siberia.

В популяционной генетике человека интенсивно используются ДНК-маркеры Y-хромосомы. Эта унитарная система наследования позволяет проводить детализированное изучение филогении и филогеографии отдельных линий Y-хромосомы.

Гаплогруппа N1 – одна из самых распространенных линий Y-хромосомы в Северной Евразии, определяющаяся маркером M231. Она включает две основные субклады: N1b и N1c. Гаплогруппа N1b типична для северных самодийских народов, с высокой частотой представлена в популяциях Западной и Южной Сибири, а также Волго-Уральского региона (рис. 1) [1].

Проведен филогенетический анализ гаплогрупп N1b по данным 17 YSTR-маркеров (DYS: 385a, 385b, 388, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 394(19), 426, 434, 435, 436, 437, 438, 439) популяционных выборок хантов, хакасов, тувинцев, марийцев, коми-ижемцев, коми-зырян, киргизов, якутов. Для того чтобы полученные результаты максимально точно отражали реально существующие эволюционные взаимоотношения между гаплотипами, расчеты проводились с учетом не только результатов популяционных выборок, прогенотипированных в лаборатории эволюционной генетики НИИ медицинской генетики г. Томска, но и литературных данных: шорцы, хакасы, тофалары, эвенки, тувинцы [2], русские [3], ханты, коми [4], ханты, манси [5]. Всего в расчеты было включено 17 популяций.

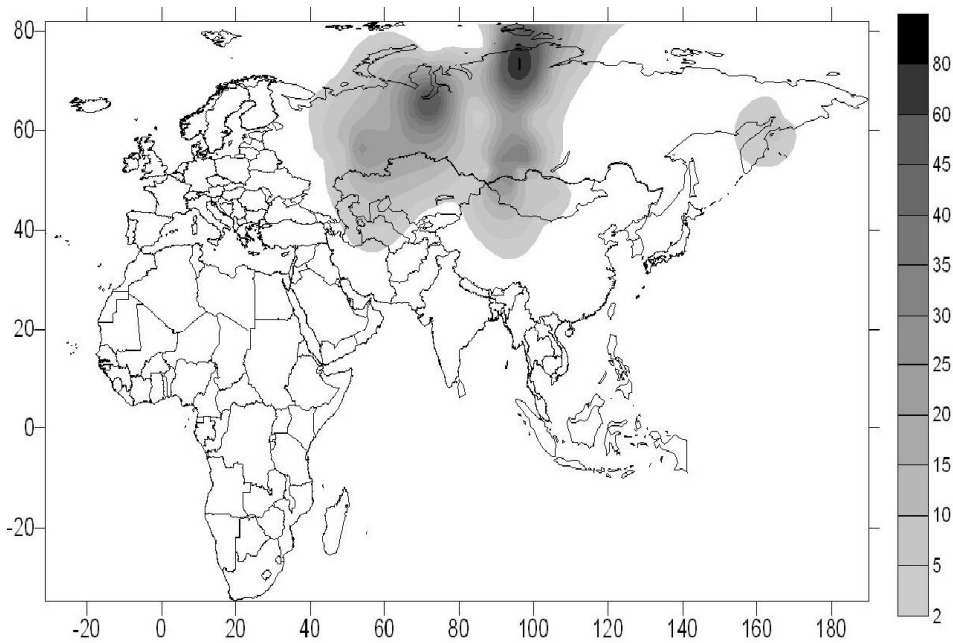


Рис. 1. Распространение гаплогруппы N1b [1]

На основе матрицы генетических расстояний было построена медианная сеть по методу гаплотипов гаплогруппы N1b. Анализ структуры медианной сети гаплотипов показывает что все гаплотипы, принадлежащие к гаплогруппе N1b, разделяются на два кластера – азиатский (N1bA) и европейский (N1bE), что согласуется с литературными данными [4]. К субкластеру N1bA принадлежат гаплотипы сибирских и среднеазиатских этносов (хакасов, тувинцев, якутов, алтайцев, шорцев, киргизов) и анатолийских турков. К субкластеру N1bE принадлежат образцы русских и марийцев. В выборках коми и хантов присутствуют гаплотипы как N1bA, так и N1bE. Видимо, это обусловлено относительно недавними миграционными процессами. Модальной гаплотип для всей сети гаплотипов гаплогруппы N1b встречается с максимальной частотой в популяционных выборках хантов и хакасов. Получены достоверные различия между большинством пар сравниваемых этносов по гаплотипам N1b. С помощью анализа молекулярной дисперсии (AMOVA) показана значительная генетическая дифференциация европейских и азиатских выборок, а также высокая степень межэтнической дифференциации на территории Сибири. Сравнительный анализ оценки времени генерации гаплотипического разнообразия показал, что азиатский кластер старше европейского. Более раннее исследование [4] обнаруживало, что европейский кластер древнее азиатского (время возникновения – 6,8 тыс. лет назад и 6,2 тыс. лет назад соответственно). Полученные нами результаты на существенно расширенном наборе сибирских выборок различной этнической принадлежности указывают на обратное – существенно большее разнообразие именно азиатского кластера гаплотипов. Предположительным местом возникновения гаплогруппы N1b является, таким образом, Западная Сибирь. Вероятно, территория, соответствующая современному ареалу хантов, была первичным очагом генерации разнообразия и экспансии численности предковой группы носителей гаплогруппы N1b. По мере расселения носителей новой гаплогруппы сформирова-

лись вторичные очаги генерации разнообразия и экспансии численности – на территории Южной Сибири и Европы. Наличие гаплотипов обоих кластеров в популяционных выборках коми и русских и, как следствие, высокий уровень разнообразия гаплотипов связаны не с близостью к предковой группе, а являются результатом интенсивных миграционных процессов на территории Западной Сибири и Приуралья, имевших место намного позже времени формирования азиатского и европейского кластеров гаплотипов в пределах гаплогруппы N1b.

Литература

1. *Rootsi S.* Phylogeography of Y-chromosome haplogroup I reveals distinct domains of prehistoric gene flow in Europe / S. Rootsi, C. Magri, T. Kivisild // *J. Hum. Genet.* 2004. Vol. 74. P. 128–137.
2. *Derenko M.* Y-chromosome haplogroupe N dispersal from South Siberia to Europe / M. Derenko, B. Malyarchuk, G. Denisova // *Hum. Genet.* 2007. DOI 10.1007/s10038-007-0179-5. P. 451–460.
3. *Balanovsky O.* Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context / O. Balanovsky, S. Rootsi, A. Pshenichnov // *Am. J. Hum. Genetics.* 2008. Vol. 82. P. 236–250.
4. *Mirabal S.* Y-chromosome distribution within the geo-linguistic landscape of Northwestern Russia / S. Mirabal, M. Regueiro, A. Cadens // *Eur. J. Hum. Genetics.* 2009. Vol. 10. P. 101–114.
5. *Pimenoff V.N.* Northwest Siberian populations at the edge of Western and Eastern Eurasian gene pools as revealed by uniparental markers / V.N. Pimenoff, D. Comas, J.U. Palo // *Eur. J. Hum. Genetics.* 2008. Vol. 9. P. 81–98.