

ГЕНОМИКА,
ТРАНСКРИПТОМИКА

УДК 575.174.015.3

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ X-СЦЕПЛЕННЫХ STR-МАРКЕРОВ
В ПОПУЛЯЦИЯХ СИБИРИ

© 2015 г. К. В. Вагайцева^{1, 2*}, В. Н. Харьков^{1, 2}, К. В. Черпинская²,
И. Ю. Хитринская¹, В. А. Степанов^{1, 2}

¹Научно-исследовательский институт медицинской генетики Сибирского отделения
Российской академии медицинских наук, Томск, 634050

²Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, 634050

Поступила в редакцию 07.07.2014 г.

Принята к печати 10.09.2014 г.

X-хромосомные микросателлитные маркеры – удобный инструмент для изучения генетического разнообразия в популяциях человека и ДНК-идентификации, особенно при сниженной информативности аутосомных маркеров. Представлены результаты генетического анализа популяций Сибири по 10 X-сцепленным микросателлитным маркерам (DXS8378, GATA172D05, DXS7132, DXS9898, DXS7423, DXS8377, DXS101, DXS6809, DXS6789, HPRTB). Рассчитаны частоты аллелей, криминалистические параметры, генетические взаимоотношения между популяциями. Средний уровень ожидаемой гетерозиготности (H_e) в популяциях составил 0.73. Общий уровень генетической дифференциации в 10 популяциях оказался относительно невысоким ($F_{st} = 0.031$) в сравнении с уровнем, определенным по аутосомным и Y-хромосомным маркерам. Показана высокая вероятность установления различий (PD) между двумя неродственными индивидами с использованием 10 X-STR-маркерной системы. Среднее значение PD в панели из 10 X-хромосомных микросателлитных маркеров составило 0.999999997 у женщин, 0.999998 – у мужчин. Общий уровень генетической дифференциации в пуле из 10 популяций равен 0.03186.

Ключевые слова: X-хромосома, микросателлиты (STR), популяционные данные, Сибирь.

GENETIC DIVERSITY OF X-LINKED STR-MARKERS IN SIBERIAN POPULATIONS, by K. V. Vagaitseva^{1, 2*}, V. N. Kharkov^{1, 2}, K. V. Cherpinskaya², I. Yu. Khitrinskaya, V. A. Stepanov^{1, 2} (¹Institute of Medical Genetics, Siberian Division, Russian Academy of Medical Sciences, Tomsk, 634050 Russia; *e-mail: kseniya.simonova@medgenetics.ru; ²National Research Tomsk State University, Tomsk, 634050 Russia). X-chromosome markers are informative tool for studying of the genetic diversity in human populations and become useful for DNA identification when certain complex kinship cases need to be unraveled. In this work, we present population genetic data of 10 X-chromosome STRs (DXS8378, DXS9898, DXS8377, HPRTB, GATA172D05, DXS7423, DXS6809, DXS7132, DXS101 and DXS6789). Average level of expected heterozygosity (H_e) in populations under study was 0.73. Total level of genetic differentiation for 10 studied populations was relatively low ($F_{st} = 0.031$ comparing to autosomal and Y-chromosomal markers. Allele frequencies and parameters of forensic interest for panel of X-STRs were calculated. The overall values of PDf and PDm are 0.999999997, 0.999998 respectively. The overall level of genetic differentiation for 10 population (F_{st}) is 0.03186.

Keywords: X-chromosome, STR, population data, Siberia.

DOI: 10.7868/S0026898415020147

Изучение генофонда популяций человека с использованием маркеров X-хромосомы – одно из интенсивно развивающихся направлений, поскольку из-за особенностей наследования и рекомбинации X-хромосома имеет ряд преимуществ в решении задач популяционной генетики. X-хромосома во многих отношениях сходна с аутосомами, однако она более стабильна, по крайней мере,

у плацентарных млекопитающих, так как рекомбинирует только у женских особей. Особенности наследования делают X-хромосому удобным инструментом для популяционно-генетического анализа, так как гемизиготность мужчин по этой хромосоме позволяет легко определять гаплотипы. Вследствие низкой эффективной численности эта хромосома в большей степени подвержена эффектам генетиче-

* Эл. почта: kseniya.simonova@medgenetics.ru

ского дрейфа, что приводит к более высоким показателям межпопуляционного разнообразия [1].

ДНК-идентификация в криминалистике и судебной медицине основана на анализе частоты встречаемости различных маркерных ДНК-локусов, локализованных в аутосомах, половых хромосомах (Y и X) и митохондриальной ДНК, в биологических образцах. Каждая из этих систем имеет ряд как преимуществ, так и недостатков, которые снижают их информативность в некоторых сложных случаях. Использование тест-системы, основанной на X-хромосомных маркерах, позволит частично решить эту проблему. Маркеры X-хромосомы особенно информативны в сложных случаях определения родства, когда для анализа доступен материал только дальних родственников. Маркеры X-хромосомы способны разрешить вопрос об отцовстве, когда недоступна ДНК предполагаемого отца [2], или вопрос об отцовстве стоит между близкими родственниками [3]. Так, при определении родства между отцом и дочерью, бабушкой по отцу и внучкой маркеры X-хромосомы информативнее аутосомных в 2 и 4 раза соответственно. Применение Y-хромосомных и мтДНК-маркеров в данном случае бесполезно. Ключевой момент ДНК-идентификации – вероятностные расчеты совпадения генотипов, основанные на референтных частотах аллелей в популяции, из которой происходит изучаемый ДНК-профиль. Точность оценки результата зависит от референтной группы, неправильно подобранная референтная популяция снижает дискриминирующую способность тест-системы. Население России чрезвычайно гетерогенно этнически и генетически, поэтому необходимо создание специальных баз данных по референтным частотам аллелей используемых маркеров [4–7]. Кроме того, более ин-

тенсивный дрейф генов в малочисленных и изолированных популяциях Сибири приводит к снижению гетерозиготности, что также влияет на идентификационный потенциал тест-систем [8, 9]. Во всех трех системах маркеров, применяемых в ДНК-идентификации, вплоть до недавнего времени отсутствовали систематические знания о частотах их аллелей в популяциях России, которые можно использовать в качестве референтных. Для аутосомного STR-стандарта, используемого в России, эта проблема начала успешно разрешаться, в том числе и в наших предыдущих работах. Однако она остается чрезвычайно актуальной для маркеров X-хромосомы [10, 11]. В настоящей работе с целью оценки идентификационного потенциала тест-системы, основанной на 10 X-STR-маркерах, и определения частот аллелей этих маркеров в популяциях проанализировано генетическое разнообразие 10 популяций Сибири по STR-маркерам X-хромосомы.

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНАЯ ЧАСТЬ

Анализировали образцы ДНК 604 мужчин, принадлежащих к 10 популяционным выборкам Сибири, не состоящих в родстве, без метисации в трех поколениях. Эти популяции представляют три расовых типа: европеоидный, монголоидный и уральский (табл. 1).

Для популяционно-генетического анализа отобраны наиболее хорошо изученные в мировых популяциях маркеры, входящие в состав мультиплекса: DXS8378, GATA172D05, DXS7132, DXS9898, DXS7423, DXS8377, DXS101, DXS6809, DXS6789, HPRTB [12].

Суммарную ДНК выделяли из образцов венозной крови методом фенол-хлороформной экс-

Таблица 1. Характеристика популяций

Этнос	Популяция	Объем выборки	Локализация	Расовый тип
Русские	Томск (RUS)	68	Томская область	Европеоидный
Тувинцы	Кызыл (TUV)	127	Республика Тува	Монголоидный
Буряты	Агинское (BUA)	43	Читинская область	Монголоидный
	Курумканский р-н (KUR)	25	Республика Бурятия	Монголоидный
Алтайцы	Бешпельтир (ALB)	80	Республика Горный Алтай	Монголоидный
	Кулада (ALK)	46	Республика Горный Алтай	Монголоидный
Ханты	Русскинские (HAR)	46	Ханты-Мансийский автономный округ	Уральский
	Казым (HAR)	50	Ханты-Мансийский автономный округ	Уральский
Сибирские татары	Томск (TAT)	40	Томская область	Уральский, Монголоидный
Хакасы	Аскизский р-н (KHA)	79	Республика Хакасия	Уральский

тракции. Генотипирование осуществляли с помощью ПЦР каждого локуса с последующим мультиплексным анализом фрагментов методом капиллярного гель-электрофореза на генетическом анализаторе (AbiPrism3130xl, AbiPrism3730xl). ПЦР проводили в 20 мкл смеси, в состав которой входили 1–1.5 нг ДНК, 10× буфер для ПЦР, 2.5 мМ MgCl₂, 0.2 мМ каждого dNTP, 0.75 ед. акт. Taq-ДНК-полимеразы и 0.01–0.02 о.е. каждого праймера. Число повторов определяли путем секвенирования на генетическом анализаторе AbiPrism3130xl нескольких образцов с различными вариантами аллелей каждого локуса. Структура повторов представлена в табл. 2.

Частоты аллелей и ожидаемую гетерозиготность определяли стандартными биостатистическими методами. Оценку неравновесия по сцеплению (LD), анализ генетического разнообразия и дифференциации (AMOVA) проводили с помощью пакета программ Arlequin v.2000 [13]. Поскольку гаметическая фаза образцов ДНК мужчин известна, частоты гаплотипов определяли без применения дополнительных статистических алгоритмов. Для определения связи средней ожидаемой гетерозиготности с географическими показателями

рассчитывали коэффициент корреляции Спирмена. Анализ методом главных компонент проводили с использованием программы STATISTICA 6.0. Идентификационный потенциал системы, основанной на маркерах X-хромосомы, оценивали с использованием стандартных популяционно-статистических показателей. Эти показатели включают вероятность установления различий между двумя неродственными индивидами (PD), исключаящую способность (PE), вероятность случайного совпадения генотипов (MP) [14].

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Анализ генетического разнообразия

Анализ распределения частот аллелей STR-маркеров показал, что в основном в популяциях разной этнической принадлежности модальные аллели совпадают, однако есть локусы, распределение частот в которых отличается у европеоидов и монголоидов (рис. 1). Частоты аллелей приведены в электронном приложении к статье (<http://www.medgenetics.ru/UserFile/File/Doc/Evolution%20Doc/Simonova%202014.pdf>). Идентичных гаплотипов у

Таблица 2. Структура повторов и номенклатура аллелей

Локус	Структура повтора	Аллель
DXS8378	PF-N18-(CTAT) _n -N20-PR	
	PF-N18-(CTAT)10-N20-PR	10
GATA172D05	PF-N5-(TAGA) _n -N39-PR	
	PF-N5-(TAGA)10-N39-PR	10
DXS7132	PF-(CTTA) _n -N38-PR	
	PF-(CTTA)11-N38-PR	11
DXS9898	PF-N15-(TATC)2-(ATC)-(TATC) _n -N58-PR	
	PF-N15-(TATC)2-(ATC)-(TATC)10-N58-PR	10
DXS7423	PF-N52-(TCCA) _n -N47-PR	
	PF-N52-(TCCA)10-N47-PR	10
DXS8377	PF-N31-(AGA) _n -(GGA-AGA) _m -(AGA)2-GGA-(AGA)6-N25	
	PF-N31-(AGA)19-(GGA-AGA)5-(AGA)2-GGA-(AGA)6-N25	38
DXS101	PF-N80-(CTT) _n -(ATT) _m -N14-PR	
	PF-N80-(CTT)6-(ATT)9-N14-PR	15
DXS6809	PF-N47-(CTAT) _n -(ATCT)3-N9-(TATC)3-(ATCT)5-N10-(ATCT) _m -N14-PR	
	PF-N47-(CTAT)8-(ATCT)3-N9-(TATC)3-(ATCT)5-N10-(ATCT)11-N14-PR	30
DXS6789	PF-N130-(GATA) _n -(CATA) _m -N23-PR	
	PF-N130-(GATA)7-(CATA)7-N23-PR	14
HPRTB	PF-N107-(TCTA) _n -N76-PR	
	PF-N107-(TCTA)14-N76-PR	14

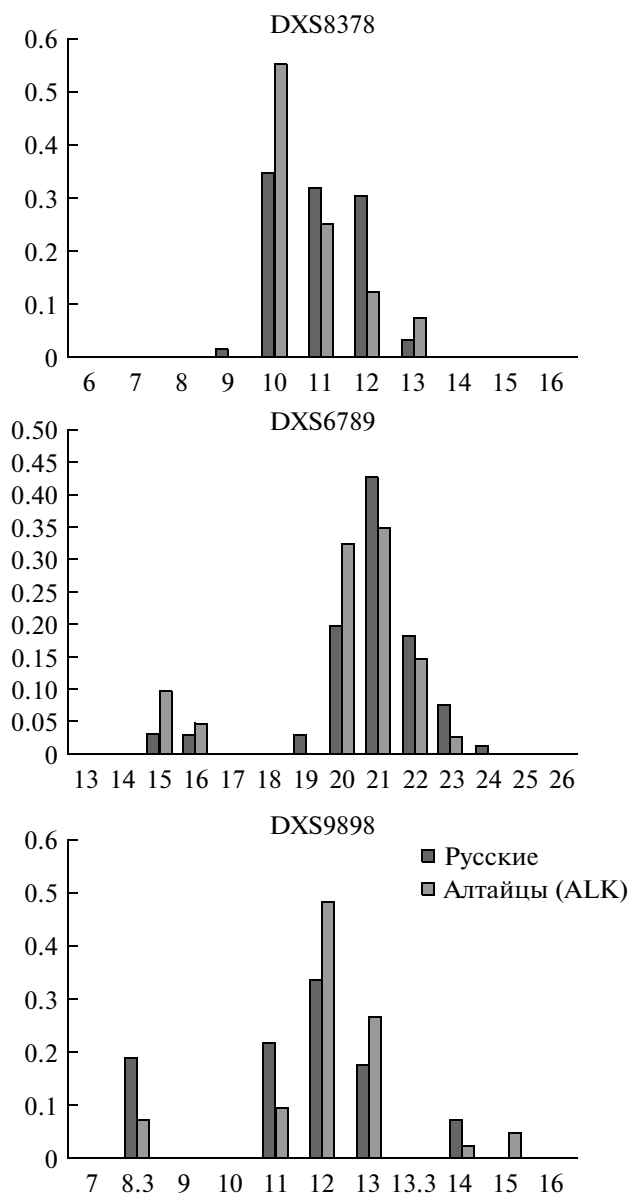


Рис. 1. Распределение частот аллелей локусов DXS8378, DXS6789, DXS9898 в популяциях русских и алтайцев. На оси абсцисс представлены аллельные варианты, на оси ординат частоты аллелей.

индивидов, принадлежащих к 10 популяционным группам, не найдено.

Средний уровень ожидаемой гетерозиготности (H_e) составил 0.73 (табл. 3). Из 10 X-STR-маркеров наибольшую вариабельность показали локусы DXS8377 ($H_e = 0.886$), DXS101 ($H_e = 0.814$), DXS6809 ($H_e = 0.764$), DXS6789 ($H_e = 0.776$), наименьшую: DXS7423 ($H_e = 0.613$), DXS8378 ($H_e = 0.667$). Наибольший уровень средней ожидаемой гетерозиготности по 10 локусам выявлен у сибирских татар ($H_e = 0.781$) и русских ($H_e = 0.774$), что, видимо, связано с формированием этих народов на основе предковых групп разно-

родных по происхождению. Максимальный уровень гетерозиготности в остальных восьми популяциях принадлежит бурятам (BUA) и составляет 0.750.

Значимой связи между величиной H_e по всей системе маркеров и географическими параметрами не обнаружено. (H_e /широта 0.214 $p = 0.644$; H_e /долгота -0.143 $p = 0.760$).

Генетическая дифференциация популяций

Общий уровень генетической дифференциации в 10 популяциях оказался относительно невысоким ($F_{st} = 0.031$), что несколько выше значений, полученных с использованием аутосомных микросателлитов ($F_{st} = 0.025$), но значительно меньше определенного по Y-STR ($F_{st} = 0.186$) [4].

Наибольший вклад в межпопуляционное разнообразие вносят локусы GATA172D05 ($F_{st} = 0.062$, $p = 0.000$) и DXS101 ($F_{st} = 0.045$, $p = 0.000$), HPRTB ($F_{st} = 0.034$, $p = 0.000$), DXS7132 ($F_{st} = 0.034$, $p = 0.000$). Значения F_{st} по остальным локусам ниже среднего, минимальные значения принадлежат локусам DXS8378 ($F_{st} = 0.007$, $p = 0.125$), DXS8377 ($F_{st} = 0.007$, $p = 0.011$). Матрица генетических расстояний (R_{st}) между 10 популяциями представлена в табл. 4.

Генетические взаимоотношения между популяциями

Интегральные характеристики, обуславливающие изменчивость частот аллелей генов в популяциях, выявляли с использованием метода главных компонент (рис. 2). Для анализа были привлечены данные о частотах аллелей в 15 мировых популяциях [12, 15–28].

Две первые главные компоненты в совокупности объясняют 25% вариабельности аллельных частот в изученных популяциях. В пространстве двух главных компонент четко выделяются два кластера – африканский и монголоидный. Монголоидный кластер расположен в пространстве отрицательных значений главных компонент, в него вошли следующие популяции: алтайцы, буряты, тувинцы, японцы, тайваньцы, хань, казахи проживающие на территории Китая, уйгуры, американцы азиатского происхождения, хакасы, колумбийцы. Расположение в монголоидном кластере популяции хакасов, принадлежащей к уральскому расовому типу, говорит о большей монголоидной компоненте в этой популяции. Попадание популяции колумбийцев в этот кластер достаточно логично, поскольку заселение Америки происходило с территории Сибири, причем наибольшим генетическим сходством с современными индейцами Южной Америки отличаются популяции коренных этносов Южной и Центральной Сибири [29]. Африканский кластер расположен в стороне от евро-

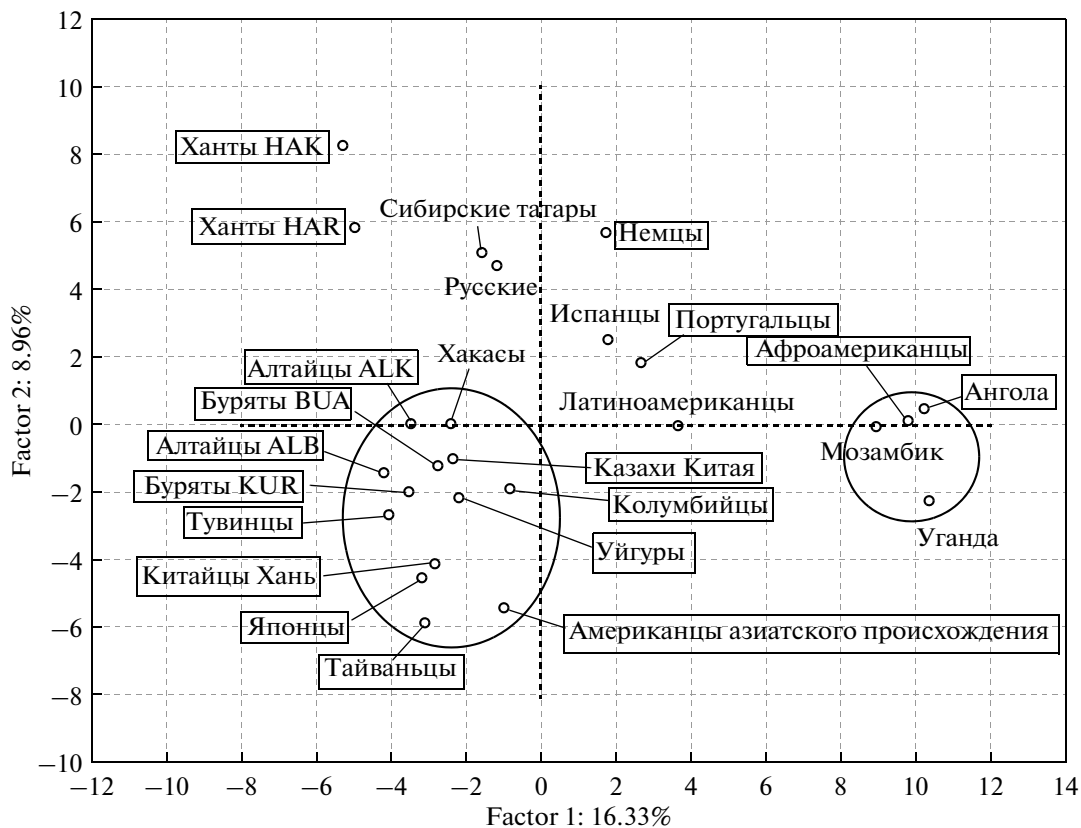


Рис. 2. Расположение мировых популяций в пространстве двух первых главных компонент. Обозначения популяций приведены в табл. 1.

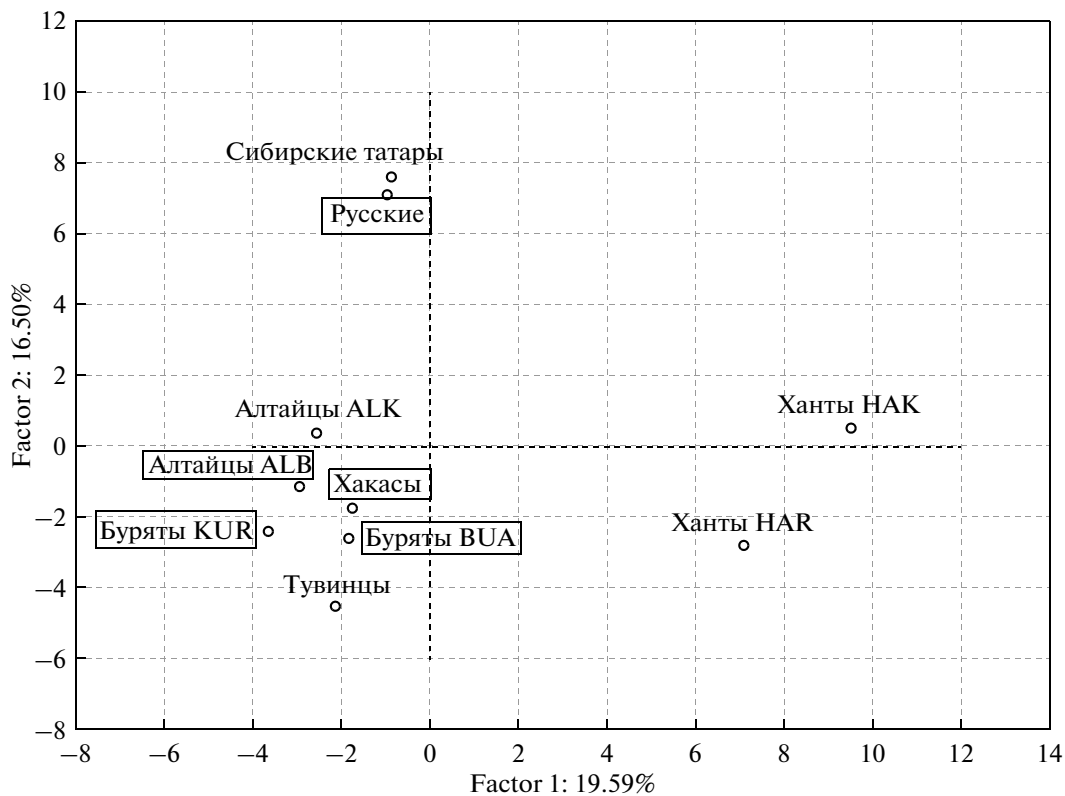


Рис. 3. Расположение популяций Сибири в пространстве двух первых главных компонент. Обозначения популяций приведены в табл. 1.

Таблица 3. Ожидаемая гетерозиготность 10 популяций по 10 X-хромосомным STR-маркерам

Популяция	DXS8378	GATA172D05	DXS7132	DXS9898	DXS7423	DXS8377	DXS101	DXS6809	DXS6789	HPRTB	Среднее
Алтайцы ALB	0.619594	0.682957	0.639782	0.672122	0.638690	0.876798	0.772062	0.738178	0.736250	0.567918	0.694435
Ханты HAN	0.663200	0.693600	0.699048	0.702557	0.454618	0.887500	0.835470	0.684282	0.769194	0.584590	0.697406
Ханты HAK	0.682775	0.692748	0.610848	0.700056	0.509722	0.899778	0.804129	0.728316	0.723450	0.673958	0.702578
Тувинцы	0.683520	0.740649	0.771886	0.595460	0.539392	0.888344	0.733284	0.767294	0.774124	0.664038	0.715799
Буряты KUR	0.631054	0.645666	0.718332	0.695138	0.652722	0.819840	0.850970	0.739082	0.809388	0.711944	0.727414
Алтайцы ALK	0.688746	0.773238	0.624366	0.527152	0.675466	0.908652	0.778606	0.760032	0.845278	0.765752	0.734729
Хакасы	0.670250	0.715978	0.727818	0.752332	0.599830	0.901054	0.860228	0.785952	0.758570	0.598062	0.737007
Буряты ВUA	0.715961	0.724318	0.766226	0.611184	0.606720	0.882862	0.817980	0.839936	0.838220	0.695272	0.749868
Русские Томск	0.693856	0.775640	0.753030	0.763982	0.713958	0.899058	0.806658	0.810133	0.731838	0.793596	0.774175
Татары сибирские	0.622500	0.806815	0.766578	0.788750	0.744470	0.898949	0.878257	0.784382	0.773750	0.742617	0.780707
Среднее	0.667146	0.725161	0.707791	0.680873	0.613559	0.886284	0.813764	0.763759	0.776006	0.679775	0.731412

Примечание. Серым выделены значения, превышающие средний уровень гетерозиготности.

азиатских популяций, он содержит четыре популяционные группы: афроамериканцы, жители Анголы, Мозамбика, Уганды. Среди сибирских популяций (рис. 3) две первые главные компоненты объясняют 36% варибельности частот аллелей. Размещение популяций в пространстве главных компонент позволяет выделить три кластера. Большая часть сибирских популяций располагается в кластере Южной и Восточной Сибири, отдельную группу образуют две популяции западносибирских хантов, а сибирские татары кластеризуются с русским населением Сибири, что, вероятно, отражает значительную степень метисации сибирских татар с пришлым славянским населением [30, 31].

Неравновесие по сцеплению

При расчете идентификационного потенциала тест-системы необходимо учитывать сцепление локусов. Анализ неравновесия по сцеплению всех пар локусов в 10 популяциях с применением поправки Бонферрони ($p < 0.001$) выявил сцепление в шести популяциях: DXS7423 и DXS8377 у хакасов и тувинцев, GATA172D05 и DXS8377 у бурят (BUA), GATA172D05 и DXS7423, DXS8378 и DXS101 у сибирских татар, DXS6809 и DXS6789 у бурят (KUR) и алтайцев (ALK). Однако довольно большое расстояние между локусами GATA172D05–DXS8377, GATA172D05–DXS7423, DXS8378–DXS101 и отсутствие сцепления между промежуточными локусами позволяют отнести эти результаты к эффекту выборки.

Криминалистические показатели

Для оценки идентификационного потенциала тест-системы, основанной на 10 X-STR, были рассчитаны следующие показатели: вероятность дискриминации неродственных индивидов (PD), ис-

ключающая способность (PE), вероятность случайного совпадения генотипов (MP).

Средняя величина PE по 10 локусам в 10 популяциях составила 0.999097. Максимальным значение PE (0.9999) было в популяции сибирских татар.

Среднее значение вероятности установления существования различий между двумя неродственными индивидами (PD) составило 0.9999999997 у женщин, 0.999998 – мужчин. В популяции русских величина MP составляет 0.839×10^{-12} у двух случайно выбранных неродственных женщин и 0.235×10^{-7} у мужчин. Средние значения MP по 10 популяциям составляют 0.326×10^{-10} и 0.186×10^{-6} соответственно.

Очевидные различия между популяционными группами свидетельствуют о необходимости выбора максимально точной референтной группы при проведении ДНК-идентификации. Панель из 10 микросателлитных маркеров X-хромосомы, содержащая локусы DXS8378, GATA172D05, DXS7132, DXS9898, DXS7423, DXS8377, DXS101, DXS6809, DXS6789, HPRTB, обладает высоким идентификационным потенциалом. Собранные данные о частотах аллелей в 10 популяциях позволяют использовать эту панель маркеров в целях ДНК-идентификации представителей этнических групп Сибири.

Работа поддержана Федеральной целевой программой “Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2014–2020 годы”. Конкурсный отбор двухлетних прикладных научных исследований, направленных на создание продукции и технологий, по приоритетному направлению “Науки о жизни” в рамках мероприятия 1.2 Программы. Номер соглашения 14.604.21.0019.

Таблица 4. Матрица генетических расстояний (Rst)

Популяция	RUS	TUV	BUA	KUR	ALB	ALK	НАК	НАР	КНА	ТАТ
RUS	–									
TUV	0.06092	–								
BUA	0.02960	0.02086	–							
KUR	0.03622	0.03488	0.00568	–						
ALB	0.02006	0.03357	0.02177	0.03759	–					
ALK	0.03735	0.03704	0.01419	0.02638	0.02134	–				
НАК	0.04290	0.07160	0.04862	0.06193	0.05392	0.06505	–			
НАР	0.05680	0.08112	0.06061	0.07360	0.06701	0.06913	0.00966	–		
КНА	0.02471	0.03413	0.03164	0.03838	0.02790	0.05100	0.04694	0.06398	–	
ТАТ	0.01188	0.04532	0.02386	0.02136	0.02247	0.03285	0.05471	0.06296	0.01795	–

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Stephen F., Schaffner. 2004. The X chromosome in population genetics. *Nat. Rev. Genet.* **5**(1), 43–51.
2. Szibor R., Krawczak M., Hering S., Edelmann J., Kuhlisch E., Krause D. 2003. Use of X-linked markers for forensic purposes. *Int. J. Legal Med.* **117**, 67–74.
3. Schmidtke J., Kuhnau W., Wand D., Edelmann J., Szibor R., Krawczak M. 2004. Prenatal exclusion without involving the putative fathers of an incestuous father–daughter parenthood. *Prenat. Diagn.* **24**(8), 662–664.
4. Степанов В.А. 2002. *Этногеномика населения Северной Евразии*. Томск: Печатная Мануфактура.
5. Балановская Е.В., Балановский О.П. 2007. *Русский генофонд на русской равнине*. М.: Луч.
6. Хуснутдинова Э.К. 1999. *Молекулярная генетика народов Волго-Уральского региона*. Уфа: Гилем.
7. Степанов В.А. 2010. Геномы, популяции, болезни: этническая геномика и персонализированная медицина. *Acta Naturae.* **4**(7), 18–34.
8. Степанов В.А. 2004. Генетическое разнообразие и этногенез тувинцев. *Вестник этнической медицины.* **1**(1), 22–27.
9. Харьков В.Н., Хамина К.В., Медведева О.Ф., и др. 2013. Структура генофонда тувинцев по маркерам Y-хромосомы. *Генетика.* **49**(12), 1416–1425.
10. Степанов В.А., Балановский О.П., Мельников А.В. и др. 2011. Характеристика популяций Российской Федерации по панели пятнадцати локусов, используемых для ДНК-идентификации и в судебно-медицинской экспертизе. *Acta Naturae.* **2**(9), 59–71.
11. Stepanov V., Melnikov A., Lash-Zavada A., Khar'kov V.N., Borinskaya S.A., Tyazhelova T.V., Zhukova O.V., Schneider Y.V., Shil'nikova I.N., Puzyrev V.P., Rybakova A.A., Yankovsky N.K. 2010. Genetic variability of 15 autosomal STR loci in Russian populations. *Legal Med.* **12**, 256–258.
12. Gomes I., Prinz M., Pereira R., Meyers C., Mikulasovich R.S., Amorim A., Carracedo A., Gusmão L. 2007. Genetic analysis of three US population groups using an X-chromosomal STR decaplex. *Int. J. Legal Med.* **121**(3), 198–203.
13. Excoffier L., Laval G., Schneider S. 2005. Arlequin ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online.* **1**, 47–50.
14. Desmarais D., Zhong Y., Chakraborty R., Perreault C., Busque L. 1998. Development of a highly polymorphic STR marker for identity testing purposes at the human androgen receptor gene (HUMARA). *J. Forensic Sci.* **43**, 1046–1049.
15. Becker D., Rodig H., Augustin C., Edelmann J., Götz F., Hering S., Szibor R., Brabetz W. 2008. Population genetic evaluation of eight X-chromosomal short tandem repeat loci using Mentype Argus X-8 PCR amplification kit. *Forensic Sci. Int. Genet.* **2**(1), 69–74.
16. Hering S., Szibor R. 2000. Development of the X-linked tetrameric microsatellite marker DXS9898 for forensic purposes. *J. Forensic Sci.* **45**(4), 929–931.
17. Edelmann J., Deichsel D., Plate I., Käser M., Szibor R. 2003. Validation of the X-chromosomal STR DXS6809. *Int. J. Legal Med.* **117**(4), 241–244.
18. Tabbada K.A., De Ungria M.C., Faustino L.P., Athanasiadou D., Stradmann-Bellinghausen B., Schneider P.M. 2005. Development of a pentaplex X-chromosomal short tandem repeat typing system and population genetic studies. *Forensic Sci. Int.* **154**(2–3), 173–180.
19. Nakamura Y., Minaguchi K. 2010. Sixteen X-chromosomal STRs in two octaplex PCRs in Japanese population and development of 15-locus multiplex PCR system. *Int. J. Legal Med.* **124**(5), 405–414.
20. Asamura H., Sakai H., Ota M., Fukushima H. 2006. Japanese population data for eight X-STR loci using two new quadruplex systems. *Int. J. Legal Med.* **120**(5), 303–309.
21. Liu Q.L., Lu D.J., Quan L., Chen Y.F., Shen M., Zhao H. 2012. Development of multiplex PCR system with 15 X-STR loci and genetic analysis in three nationality populations from China. *Electrophoresis.* **33**(8), 1299–1305.
22. Liu Q.L., Zhao H., Chen J.D., Wang X.G., Lu D.J., Quan L. 2012. Development and population study of the 12 X-STR loci multiplexes PCR systems. *Int. J. Legal Med.* **126**(4), 665–670.
23. Qiu-Ling Liu, De-Jian Lu, Xin-Guo Li, Zhao H., Zhang J.M., Lai Y.K., Chen Y. F. 2011. Development of the nine X-STR loci typing system and genetic analysis in three nationality populations from China. *Int. J. Legal Med.* **125**(1), 51–58.
24. Pereira R., Gomes I., Amorim A., Gusmão L. 2007. Genetic diversity of 10 X chromosome STRs in northern Portugal. *Int. J. Legal Med.* **121**(3), 192–197.
25. Hwa H.L., Chang Y.Y., Lee J.C., Yin H.Y., Chen Y.H., Tseng L.H., Su Y.N., Ko T.M. 2009. Thirteen X-chromosomal short tandem repeat loci multiplex data from Taiwanese. *Int. J. Legal Med.* **123**(3), 263–269.
26. Gomes I., Alves C., Maxzud K., Pereira R., Prata M.J., Sánchez-Diz P., Carracedo A., Amorim A., Gusmão L. 2007. Analysis of 10 X-STRs in three African populations. *Forensic Sci. Internat.: Genet.* **1**(2), 208–211.
27. Aler M., Sa'nchez-Diz P., Gomes I. 2007. Genetic data of 10 X-STRs in a Spanish population sample. *Forensic Sci. Internat.* **173**(2–3), 193–196.
28. Pico A., Castillo A., Vargas C. 2008. Genetic profile characterization and segregation analysis of 10 X-STRs in a sample from Santander, Colombia. *Int. J. Legal Med.* **122**(4), 347–351.
29. Bortolini M.C., Salzano F.M., Thomas M.G., Stuart S., Nasanen S.P., Bau C.H., Hutz M.H., Layrisse Z., Petzl-Erler M.L., Tsuneto L.T., Hill K., Hurtado A.M., Castro-de-Guerra D., Torres M.M., Groot H., Michalski R., Nymadawa P., Bedoya G., Bradman N., Labuda D., Ruiz-Linares A. 2003. Y-chromosome evidence for differing ancient demographic histories in the Americas. *Am. J. Hum. Genet.* **73**(3), 524–539.
30. Рычков Ю.Г. 2000. *Генофонд и геногеография народонаселения Т. 1*. СПб.: Наука.
31. Функ Д.А., Томилов Н.А. 2006. *Тюркские народы Сибири*. М.: Наука.