

# Тюркский генетический компонент в генофонде коренных народов Дагестана

Харьков В.Н.<sup>1</sup>, Зарубин А.А.<sup>1</sup>, Хитринская И.Ю.<sup>1</sup>, Раджабов М.О.<sup>2</sup>, Литвинов С.С.<sup>3</sup>,  
Джаубермезов М.А.<sup>3</sup>, Екомасова Н.В.<sup>3</sup>, Хуснутдинова Э.К.<sup>3</sup>, Степанов В.А.<sup>1</sup>

- 1 — Научно-исследовательский институт медицинской генетики, Томский национальный исследовательский медицинский центр Российской академии наук  
634050, г. Томск, Набережная реки Ушайки, 10
- 2 — Дагестанский государственный медицинский университет  
367000, Республика Дагестан, г. Махачкала, пл. Ленина, 1
- 3 — Институт биохимии и генетики, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук  
450054, Республика Башкортостан, г. Уфа, проспект Октября, 71

Выявлен вклад тюркского по происхождению компонента в генофонд различных этносов Дагестана и Северного Кавказа, который присутствует не только у тюркоязычных популяций, но и у соседних с ними. В горных популяциях Дагестана, в отличие от равнинных, тюркский компонент практически полностью отсутствует.

**Ключевые слова:** популяционная генетика, Дагестан, тюркский генетический компонент, Y-хромосома, миграции

**Для цитирования:** Харьков В.Н., Зарубин А.А., Хитринская И.Ю., Раджабов М.О., Литвинов С.С., Джаубермезов М.А., Екомасова Н.В., Хуснутдинова Э.К., Степанов В.А. Тюркский генетический компонент в генофонде коренных народов Дагестана. *Медицинская генетика* 2020; 19(7): 8-10.  
**DOI:** 10.25557/2073-7998.2020.07.8-10

**Автор для корреспонденции:** Харьков Владимир Николаевич; **e-mail:** vladimir.kharkov@medgenetics.ru

**Финансирование.** Работа выполнена в рамках Научно-технической программы Союзного государства «Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов 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».

**Конфликт интересов:** Авторы сообщают об отсутствии конфликта интересов.

**Поступила:** 20.05.2020

## Turkic genetic component in the gene pool of the indigenous population of Dagestan

Kharkov V.N.<sup>1</sup>, Zarubin A.A.<sup>1</sup>, Khitrinskaya I.Yu.<sup>1</sup>, Radjabov M.O.<sup>2</sup>, Litvinov S.S.<sup>3</sup>, Dzhaubermezov M.A.<sup>3</sup>, Ekomasova N.V.<sup>3</sup>,  
Khusnutdinova E.K.<sup>3</sup>, Stepanov V.A.<sup>1</sup>

- 1 — Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Medical Research Center  
Nab. Ushaiki, 10, Tomsk, 634050, Russia
- 2 — Dagestan State Medical University  
Lenin sq. 1, Makhachkala, 367000, Russia
- 3 — Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Scientific Center, Russian Academy of Sciences  
October prospect 71, Ufa, 450054, Russia

The contribution of Turkic genetic component to the gene pool of various ethnic groups of Dagestan and the North Caucasus, which is present not only in Turkic-speaking populations, but also in neighboring ones, is revealed. In the mountain populations of Dagestan, unlike the plains, the Turkic component is almost completely absent.

**Keywords:** population genetics, Dagestan, Turkic genetic component, Y chromosome, migrations

**For citation:** Kharkov V.N., Zarubin A.A., Khitrinskaya I.Yu., Radjabov M.O., Litvinov S.S., Dzhaubermezov M.A., Ekomasova N.V., Khusnutdinova E.K., Stepanov V.A. Turkic genetic component in the gene pool of the indigenous population of Dagestan. *Medical genetics*. 2020; 19(7): 8-10 (In Rus).  
**DOI:** 10.25557/2073-7998.2020.07.8-10

**Corresponding author:** Kharkov Vladimir; **e-mail:** vladimir.kharkov@medgenetics.ru

**Funding.** This work was carried out as part of the Union State Scientific and Technical Program «Development of Innovative Genogeographic and Genomic Technologies for Personal Identification and Identification of Personal Traits through the Study of Gene Pools of the Union State Regions» («DNA Identification»), state contract no. 011-17 of September 26, 2017, and also supported by the Russian Foundation for Basic Research (grant no. 18-29-13045) «Human population genomics and transcriptomics: search for the signals of non-neutral evolution».

**Conflict of Interest.** Authors declare no conflict of interest.

**Accepted:** 20.05.2020

**П**роблематика, касающаяся анализа состава и соотношения различных генетических компонент у народов Кавказа, несмотря на относительно высокий уровень изученности, имеет ряд невыясненных вопросов. Генетика в этой связи дает богатейшие возможности для исследования, поскольку развитие современных методов анализа популяционного генофонда позволило вывести этногенетические исследования на совершенно новый уровень. Одним из наиболее широко распространенных на территории России и сопредельных стран является тюркский генетический компонент, маркирующий довольно позднюю волну миграций различных тюркских народов. Республика Дагестан – уникальный район не только России, но и всего мира с точки зрения разнообразия естественно-географических условий, этнокультурного многообразия проживающего здесь населения и историко-генетических проблем. В настоящее время в республике насчитывается около 26 коренных народностей, говорящих на различных языках, в том числе и тюркской группы алтайской языковой семьи [1].

**Цель исследования:** выявление доли тюркского генетического компонента в генофонде различных коренных этносов Дагестана.

### Материалы и методы

Мы использовали данные генотипов по 1677114 аутомным SNP (биочип Illumina Multi-Ethnic Global-8) 965 образцов из различных популяций Дагестана, Северного Кавказа и Закавказья (39 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 Дагестана, Северного Кавказа, Волго-Уральского региона, Сибири и Средней Азии (более 60 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 аутомных SNP и гаплогрупп и гаплотипов Y-хромосомы.

### Результаты

Анализ данных по аутомным SNP показал, что общая картина распределения компонент хорошо согласуется с географическим местоположением исследуемых популяций. При относительно небольшом числе компонент ( $K=3-4$ ) большинство популяций характе-

ризуются преобладанием отдельного компонента. Начиная от 6 компонент и более, в некоторых популяциях Дагестана выделяются отдельные этноспецифические компоненты (ахвахцы, гинухцы, бежтинцы, гунзибцы). Выделение таких отдельных этноспецифических компонент связано со сдвигом частот аллелей для этих популяций в результате эффекта основателя и сильного инбридинга. Начиная от  $K=3$ , в общем массиве анализируемых популяций Кавказа отчетливо выделяется компонент, практически полностью доминирующий у казахов (97%) и узбеков (67%). Наиболее явно он проявляется при  $K=8$ . Именно этот генетический компонент маркирует вклад в генофонд населения Кавказа тюркских мигрантов. Из популяций Дагестана он полностью преобладает у тюркоязычных караногайцев (84%) и является вторым по частоте у ногайцев (36%). У тюркоязычных карачаевцев и балкарцев на долю этого компонента приходится по 8,7% и 9,3%. В генофонде тюркоязычных кумыков он составляет лишь 7,5%. Кроме караногайцев и кумыков тюркский компонент с очень небольшой частотой выявлен у большинства равнинных народов Дагестана – аварцев (от 1 до 2%), лакцев (1%), и табасаран (1%), а также народов лезгинской группы (лезгинов (1%), агулов (1%), рутульцев (1%) и цахуров (2%)). Практически все популяции горных районов Дагестана, принадлежащие к аваро-андо-цезской группе нахско-дагестанской языковой семьи, демонстрируют полное отсутствие тюркского компонента, за исключением отдельных образцов. Эти значения практически полностью совпадают с относительной долей перекрывающихся идентичных по происхождению блоков сцепления (IBD) между изученными кавказскими популяциями и контрольной выборкой казахов. Таким образом, это не является статистической погрешностью, а отражает небольшой, но реальный вклад предковых групп в генофонд современных этносов.

Анализ распределения частот гаплогрупп Y-хромосомы и их STR-гаплотипов обнаружил наличие у всех тюркоязычных народов Кавказа различных азиатских по происхождению линий. В отдельных популяциях представлены разные гаплогруппы и субгаплогруппы, маркирующие миграции тюрков. В генофонде караногайцев сочетаются несколько линий (согласно ISOGG): R1b1a1a1-M73-M478, C2-Z1453, N1a2b-P43, O2a2b-P164-CTS4723. У кумыков, аварцев, лезгин, агулов, рутульцев и тиндинцев обнаружены только образцы, принадлежащие к азиатским гаплогруппам R1a1a1b2-Z93 и R1a1a1b2a2b-Z93-S4576. У кумыков, как и у караногайцев, имеется гаплогруппа N1a2b-P43. У рутульцев и даргинцев выявлена гаплогруппа O2a2b-P164-CTS4723. Основной массив

Y-хромосомного пула популяций Дагестана состоит из специфичных для Кавказа линий J1a2b1-Z1842, J2a1a1b2-L24, J2a1a1a2b2-M67, R1b1a2a-L49-Y107, G2a2b2a1a1a2-L1266 и других.

Таким образом, тюркоязычные популяции отличаются неоднородностью по доле тюркского генетического компонента в составе их генофондов. Наибольшая его доля характерна для караногайцев, минимальная для кумыков. Различия по спектру азиатских гаплогрупп Y-хромосомы свидетельствуют о разных по времени миграциях тюркоязычных групп, которые

внесли свой вклад в генофонд современного населения Дагестана и Северного Кавказа.

### Литература

1. Народы Дагестана. Отв. ред. С.А. Арутюнов, А.И. Османов, Г.А. Сергеева. М.: Наука, 2002. 588 с.

### References

1. Narody Dagestana [Peoples of Dagestan]. Ed. S.A. Arutyunov, A.I. Osmanov, G.A. Sergeeva. M.: Nauka, 2002. 588 p. (In Russ.)