

Анализ генофонда и родоплеменной структуры шорцев по маркерам Y-хромосомы

Харьков В.Н.^{1,2*}, Новикова Л.М.^{1,2}, Лузина Ф.А.³, Хитринская И.Ю.¹, Степанов В.А.^{1,2}

¹ — НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ, Томск; * vladimir.kharkov@medgenetics.ru

² — Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Национальный исследовательский Томский государственный университет», Томск

³ — Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Научно-исследовательский институт комплексных проблем гигиены и профессиональных заболеваний», Новокузнецк

Исследована генетическая структура шорских популяций и родов (сеоков) по маркерам Y-хромосомы. Результаты анализа частот гаплогрупп и YSTR-гаплотипов свидетельствуют, что шорские сеоки являются родственными объединениями, в большинстве случаев имеющими одного родоначальника по мужской линии. Показано, что генофонд шорцев, а точнее часть, маркируемая гаплогруппами Y-хромосомы, структурирована, прежде всего, по родовому принципу. Для подавляющего большинства образцов показана тесная генетическая близость представителей одного сеока.

Ключевые слова: Y-хромосома, генофонд, популяция, генетическое разнообразие, шорцы, сеок, род

Analysis of the gene pool and tribal structure of Shors from Y-chromosome markers

Kharkov V.N.^{1,2*}, Novikova L.M.^{1,2}, Luzina F.A.³, Khitrinskaya I.Yu.¹, Stepanov V.A.^{1,2}

¹ — Research Institute of Medical Genetics, Tomsk NRCM, Tomsk, Russia; * vladimir.kharkov@medgenetics.ru

² — National Research Tomsk State University, Tomsk, Russia

³ — Research Institute of Complex Problems of Hygiene and Occupational Diseases, Novokuznetsk, Russia

Genetic structure of Shors populations and genera (seoks) using Y-chromosome markers was investigated. The results of the analyses of haplogroup frequencies and YSTR-haplotypes indicate that Shor seoks are related associations, in most cases having the same ancestor in the patrilineage. The gene pool of Shors, more precisely a part marked by Y-chromosome haplogroups, was shown to be primarily structured on a generic principle. A strong genetic affinity of the seok members was shown for the vast majority of the samples.

Keywords: Y-chromosome, gene pool, population, genetic diversity, Shors, seok

Введение

Особенностью этнического состава большинства южносибирских народов является наличие родов (сеоков), где счет родства ведется по мужской линии. Такая родовая структура характерна для шорцев, хакасов, северных и южных алтайцев, телеутов. Рудименты ее можно проследить и у других народов. Ранее каждый член рода мог назвать до семи поколений своих предков по мужской линии, но в настоящее время эта традиция уходит в прошлое [1].

Сеок — это группа людей, осознающих общность своего происхождения от одного предка по мужской линии. Буквально сеок переводится на русский язык как кость. Одним из основных вопросов при этом остается следующий: имеет ли такая родоплеменная структура реальную биологическую (генетическую) основу или является в основном социальным явлением.

Шорцы — тюркоязычный коренной малочисленный народ, проживающий на юге Кемеровской области, в некоторых районах Республики Хакасия, Республики Алтай,

Красноярском и Алтайском крае. Они являются самым многочисленными среди коренных народов Кемеровской области [2]. По данным Всероссийской переписи населения 2010 г., численность шорцев составляет 12 888 чел. [3].

Установление родовой принадлежности у шорцев, в большинстве случаев, можно сделать по фамилиям, так как практически все шорские фамилии приписаны этнографами к конкретному сеоку [4]. Даже если современные жители не относят себя к тому или иному роду, не помнят принадлежности своих предков к конкретному сеоку, фамилия человека служит нам указателем на его происхождение.

Цель исследования — путем анализа генетической структуры по маркерам Y-хромосомы выяснить, являются ли шорские сеоки кровнородственными объединениями, имеющими одного родоначальника по мужской линии, или осознание такой общности является лишь условностью, и сеок — это общность людей, проживающих на одной территории, но не связанных генетическим родством по отцовским генеалогическим линиям.

Материалы и методы

В работе исследована структура генофонда шорцев по 65 диаллельным и 36 STR маркерам Y-хромосомы. Материал составили образцы ДНК неродственных между собой мужчин, неметисированных по мужской линии как минимум до третьего поколения. Выборка шорцев (N = 108) представляет население посёлка Усть-Кабырза (N = 45) в Таштагольском районе Кемеровской области, посёлка Ортон (N = 32) Междуреченского городского округа, посёлка Чувашка (N = 28) и города Мыски (N = 3) Мысковского городского округа. Забор биологического материала (венозной крови) у доноров производили с письменного информированного согласия на проведение исследования.

Среди всех мужчин, включенных в данное исследование оказались представлены следующие сеоки (в алфавитном порядке): ак-шор, кара-шор, карга, кобий, кызай, кый (кой), сары-шор, таеш, тарткын, чедибер, челей, шор-кызай.

Генотипирование SNP-маркеров проводили методом ПЦР с последующим анализом фрагментов ДНК с использованием ПДРФ. STR-маркеры генотипировали методом капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе ABI Prism 3730 и программного обеспечения GeneMapper.

Оценку генетического разнообразия в исследуемых популяциях производили по формуле Ней [5]. Генетическую дифференциацию (Fst) оценивали с помощью анализа молекулярной дисперсии (AMOVA) [6]. Статистическую значимость межпопуляционных различий по частотам гаплогрупп и YSTR-гаплотипов оценивали при помощи точного теста популяционной дифференциации (уровень значимости = 0,01). Расчеты проводили в программном пакете ARLEQUIN 3.5.1.2 [7]. Построение медианных сетей гаплотипов Y-хромосомы проводили с использованием программы Network v. 5.0.0.0 (Fluxus Technology Ltd.; www.fluxus-engineering.com) по методу медианных сетей Бандельта [8].

Результаты исследования

В результате анализа частоты встречаемости изученных SNP-маркеров в исследованных выборках шорцев

было выявлено 5 гаплогрупп Y-хромосомы (табл. 1). Три из них имеют частоту более 10% в суммарной выборке (R1a1a1h-Z93, N1c1xL708, N1b-P63). При этом лишь две из них представлены во всех четырех населенных пунктах (R1a1a1h-Z93, N1b-P63).

На основании частот гаплогрупп провели анализ генетического разнообразия, составившего в суммарной выборке 0,467. Это значительно меньше разнообразия томских татар (H = 0,862), тувинцев (H = 0,854) и хакасов-сагайцев (H = 0,703) [9, 10]. Низкое генетическое разнообразие шорцев связано с доминированием гаплогруппы R1a1a1h-Z93 в составе их Y-хромосомного генофонда. Разнообразие северных шорцев (Ортон, Мыски, Чувашка) (H = 0,373) значительно ниже, чем у южных (Усть-Кабырза) (H = 0,566). Таким образом, субэтнические группы северных (лесостепных) и южных (горно-таежных) шорцев достоверно различаются между собой. Значение Fst между северной и южной выборками по частотам гаплогрупп Y-хромосомы составило 11%.

Наиболее распространенной у исследуемых представителей шорского народа является гаплогруппа R1a1a1h, определяемая маркером Z93. Гаплогруппы клады R1a являются основным маркером европеоидного компонента, широко представленного в популяциях Южной Сибири. Эта гаплогруппа представлена у большинства исследованных сеоков. Она доминирует в сеоках карга, челей, тарткын, шор-кызай, кара-шор и таеш. При этом разные сеоки формируют обособленные кластеры гаплотипов, практически не пересекающиеся друг с другом. Ярким примером такой специфичности гаплотипов может служить сеок карга (рисунок).

Гаплогруппа N1c1xL708 вторая по частоте у шорцев. Все носители N1c1xL708 проживают в посёлке Усть-Кабырза, большинство из них принадлежит к сеоку кобий. Медианная сеть этой гаплогруппы у шорцев демонстрирует типичную звездообразную филогению гаплотипов, что говорит о недавнем эффекте основателя. Третьей по встречаемости является гаплогруппа N1b, доминирующая у всех этносов, принадлежащих к группе самодийских языков уральской языковой семьи. Подавляющее большинство мужчин, относящихся к этой гаплогруппе принадлежат к сеоку челей, также формируя тесный кластер YSTR-гаплотипов.

Таблица 1

Распределение гаплогрупп Y-хромосомы у шорцев, % (N)

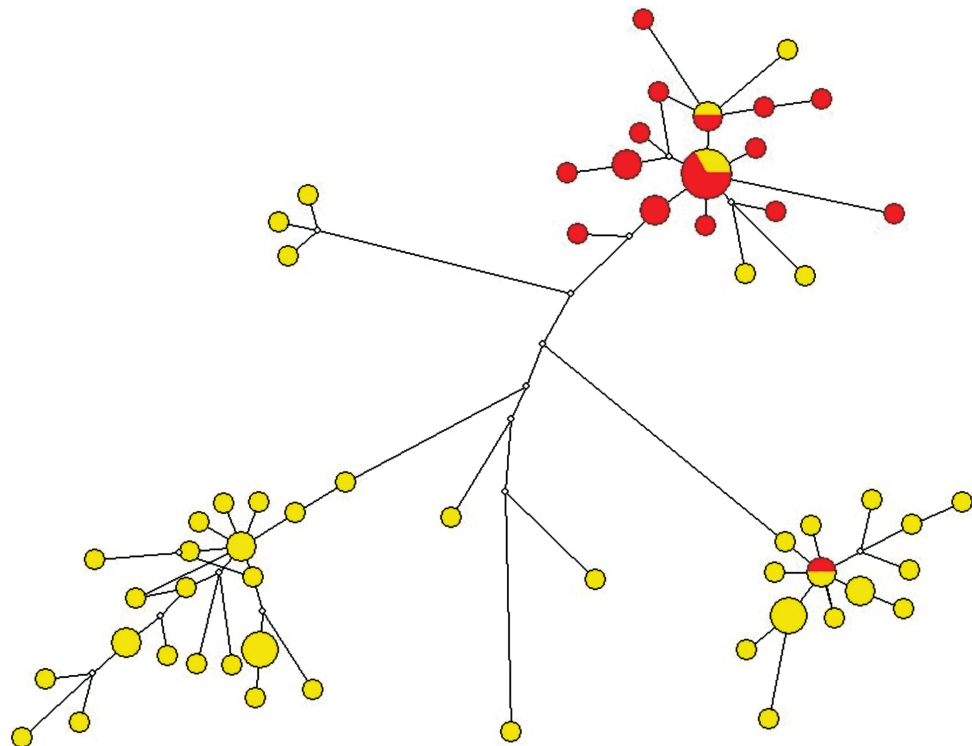
Гаплогруппы	Усть-Кабырза (45)	Ортон (32)	Чувашка (28)	Мыски (3)	Всего (108)
R1a1a1h-Z93	60 (27)	81,25 (26)	75 (21)	66,66 (2)	70,37 (76)
R1a1a1h1-Z94	2,22 (1)	0	0	0	0,93 (1)
N1c1xL708	28,88 (13)	0	0	0	12,04 (13)
N1b-P63	4,44 (2)	12,5 (4)	17,86 (5)	33,33 (1)	11,11 (12)
R1b1b1-M73	2,22 (1)	6,25 (2)	3,57 (1)	0	3,7 (4)
Q1a3-L330	2,22 (1)	0	3,57 (1)	0	1,85 (2)

Гаплогруппа R1b1b1 представлена лишь четырьмя образцами. Кроме шорцев на территории Южной Сибири эта гаплогруппа выявлена также у телеутов, тувинцев, кумандинцев, хакасов [9, 11]. Гаплогруппа Q1a3 представлена в исследованной выборке двумя образцами, один из которых попадает в сеок кобий. Родовая принадлежность второго не установлена.

Оценка межпопуляционных различий с использованием точного теста популяционной дифференциации показала статистически значимые различия между тре-

мя поселками как по частотам гаплогрупп, так и по STR-гаплотипам. Также получены значимые различия по STR-гаплотипам между всеми сравниваемыми сеоками численностью более 5 образцов.

По результатам генотипирования удалось выявить в большинстве сеоков основную гаплогруппу, представителей которой среди исследованной выборки образцов этого рода абсолютное большинство. Сравнительный анализ гаплотипов убедительно показал, что представители одного сеока в большинстве не только при-



Медианная сеть гаплогруппы R1a1a1h-Z93 у шорцев. Красным обозначены сеок Карга, жёлтым — все остальные сеоки.

Распределение гаплогрупп Y-хромосомы по сеокам

Таблица 2

Сеок	R1a1a1h-Z93	R1a1a1h1-Z94	N1c1 xL708	N1b-P63	R1b1b1-M73	Q1a3-L330
Ак-шор	—	—	—	1	—	—
Кара-шор	5	—	—	—	—	—
Карга	23	—	—	—	2	—
Кобый	—	—	10	—	—	1
Кызай	—	—	—	—	—	—
Кый	—	—	1	—	—	—
Сары-шор	1	—	—	—	1	—
Таеш	4	—	—	—	—	—
Тарткын	5	—	—	—	—	—
Чедибер	2	—	1	—	—	—
Челей	14	1	—	9	1	—
Шор-кызай	7	—	1	—	—	—

надлежат к одной гаплогруппе, но и являются родственниками по мужской линии и чаще всего восходят к одному родоначальнику, жившему в относительно недалеком прошлом. В подавляющем большинстве случаев у представителей одного сеока обнаруживается и общность YSTR-гаплотипов.

Таким образом, результаты генетического анализа доказывают, что шорский сеок является, прежде всего, объединением родственников по отцовской линии. Конечно, не для всех сеоков приписанные к ним образцы принадлежали к одной гаплогруппе и одному кластеру гаплотипов, но это явилось скорее исключением из общего правила.

Генофонд шорского этноса, а точнее часть, маркируемая гаплогруппами Y-хромосомы, структурирована, прежде всего, по родовому принципу. Именно этот уровень организации генофонда этноса как единой системы является наиболее точно характеризующим его популяционную структуру. Полученные результаты генетического анализа позволяют нам сделать вывод, что разделение на сеоки действительно обусловлено генетическим родством по мужской линии.

Полученные результаты позволяют по-новому взглянуть на историю формирования шорцев, учитывая родовую структуру народа, анализируя межэтнические взаимосвязи и родовые различия.

Авторы декларируют отсутствие конфликта интересов.

Работа выполнена при финансовой поддержке РГНФ (грант № 16-31-01104/16).

Список литературы

1. Тюркские народы Сибири / отв. ред. Д.А. Функ, Н.А. Томилов; Ин-т этнологии и антропологии им. Н.Н. Миклухо-Маклая РАН; Омский филиал Института археологии и этнографии СО РАН. 2006. М.: Наука, 678 с.
2. Ульянова М.В. Динамика популяционно-генетической структуры шорцев Южной Сибири. — Томск, 2010. — 170 с.
3. Итоги всероссийской переписи населения 2010 года [Электронный ресурс] // : Федеральная служба государственной статистики Российской Федерации. URL: www.gks.ru/free_doc/new_site/perepis2010/croc/Documents/Materials/pril2_dok2.xlsx.
4. Бутанаев В.Я. Происхождение хакасов по данным этнонимии // Проблемы археологии и этнографии. — Л., 1983. — Вып. 2. — С. 68-73.
5. Nei M. Molecular evolutionary genetics / New York: Columbia Univ. Press. 1987.
6. Excoffier L., Smouse P., Quattro J. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data // Genetics. 1992. V. 131. P. 479-491.
7. Excoffier L., Laval G., Schneider S. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. // Evolutionary Bioinformatics Online. 2005. V. 1. P. 47-50.
8. Bandelt H.-J., Forster P., Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // Mol. Biol. Evol. 1999. V. 16. P. 37-48.
9. Харьков В.Н. Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы: автореф. дис. на соискание ученой степени д-ра биол. наук / В.Н. Харьков. — Томск, 2012. — 45 с.
10. Харьков В.Н., К.В., О.Ф. и др. Разнообразие генофонда хакасов: внутриэтническая дифференциация и структура гаплогрупп Y-хромосомы // . 2011. Т. 45. № 3. С. 446-458/
11. Балаганская О.А. Полиморфизм Y-хромосомы у тюркоязычного населения Алтая, Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов Западной и Восточной Евразии: Автореф. дис. на соискание ученой степени канд. биол. наук. Москва, 2011. — 26 с.