

# Монгольский генетический компонент в генофонде коренных народов Сибири, Средней Азии и Восточной Европы

Хитринская И.Ю.<sup>1</sup>, Харьков В.Н.<sup>1</sup>, Зарубин А.А.<sup>1</sup>, Литвинов С.С.<sup>2</sup>, Екомасова Н.В.<sup>2</sup>, Хуснутдинова Э.К.<sup>2</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 — Институт биохимии и генетики, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук  
450054, Республика Башкортостан, г. Уфа, проспект Октября, 71

Выявлен вклад монгольского по происхождению компонента в генофонд различных этносов Сибири, Средней Азии и Волго-Уральского региона, который присутствует у монголоязычных и тюркоязычных этносов. Анализ состава различных сублиний гаплогрупп Y-хромосомы показывает, что привнесение этого генетического компонента было связано с различными по времени миграционными событиями и разными по происхождению родоплеменными группами.

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

**Для цитирования:** Хитринская И.Ю., Харьков В.Н., Зарубин А.А., Литвинов С.С., Екомасова Н.В., Хуснутдинова Э.К., Степанов В.А. Монгольский генетический компонент в генофонде коренных народов Сибири, Средней Азии и Восточной Европы. *Медицинская генетика* 2020; 19(7): 11-12.  
**DOI:** 10.25557/2073-7998.2020.07.11-12

**Автор для корреспонденции:** Хитринская Ирина Юрьевна; **e-mail:** i.khitrinskaya@medgenetics.ru

**Финансирование.** Работа выполнена в рамках Научно-технической программы Союзного государства «Разработка инновационных гено-географических 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

## Mongolian genetic component in the gene pool of the indigenous population of Siberia, Central Asia and Eastern Europe

*Khitrinskaya I.Yu.<sup>1</sup>, Kharkov V.N.<sup>1</sup>, Zarubin A.A.<sup>1</sup>, Litvinov S.S.<sup>2</sup>, Ekomasova N.V.<sup>2</sup>, Khusnutdinova E.K.<sup>2</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 — Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Scientific Center, Russian Academy of Sciences  
October prospect 71, Ufa, 450054, Russia

The contribution of the Mongolian component to the gene pool of various ethnic groups of Siberia, Central Asia and the Volga-Ural region, which is present in the Mongol-speaking and Turkic-speaking ethnic groups, is revealed. An analysis of the composition of the various sublines of the Y-chromosome haplogroups shows that the introduction of this genetic component was associated with time-varying migration events and tribal groups of different origin.

**Key words:** population genetics, Mongolian genetic component, Y-chromosome, migrations

**For citation:** Khitrinskaya I.Yu., Kharkov V.N., Zarubin A.A., Litvinov S.S., Ekomasova N.V., Khusnutdinova E.K., Stepanov V.A. Mongolian genetic component in the gene pool of the indigenous population of Siberia, Central Asia and Eastern Europe. *Medical genetics*. 2020; 19(7): 11-12 (In Rus).

**DOI:** 10.25557/2073-7998.2020.07.11-12

**Corresponding author:** *Khitrinskaya Irina*; **e-mail:** i.khitrinskaya@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

**И**зучение генетической структуры современных популяций человека позволяет детально раскрыть ряд вопросов, связанных с формирова-

нием 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 пазлом 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.

### Материалы и методы

Мы использовали 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 [1], 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. Эта информация позволяет более точно судить о сходстве или различии сравниваемых групп, структуре генетической дифференциации различных групп по составу предковых компонентов и степени этих различий, а также о процессе формирования их генофонда.

### 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%), монголоязычных бурятов (63%) и калмыков (54%). Наиболее четко он проявляется при  $K=12$ . 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. Филогенетический анализ Y-хромосомных сублиний и гаплотипов показывает, что центром происхождения и расселения носителей монгольского компонента является территория Центральной Азии.

Таким образом, 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 монголоязычных бурятов и калмыков, и в популяциях, которые наиболее близки территориально к степным коридорам — основным миграционным путям, идущим из Центральной Азии.

### Литература/ References

1. Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Res* 2009; 19(9):1655–1664. <https://doi.org/10.1101/gr.094052.109>