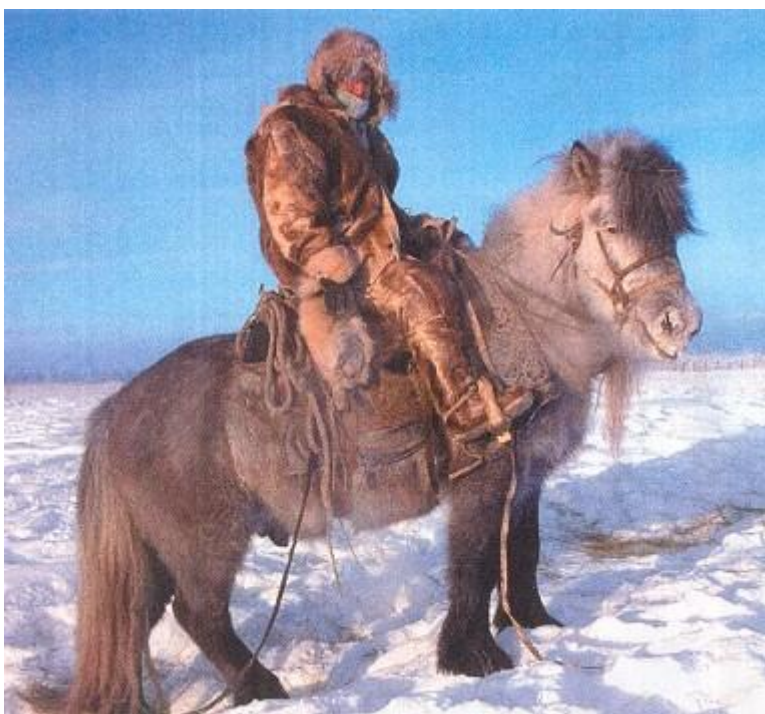


АНАЛИЗ Т→С ТРАНЗИЦИИ ЛОКУСА RBF5 У ЯКУТОВ

*Л.А.Тарская, А.И.Гоголев, Г.И.Ельчинова,
А.Г.Егорова, С.А.Лимборская*

В 1993 г. Tyler-Smith с соавт. Описали точковую ТАТ-мутацию (Т→С транзицию) в локусе RBF5 проксимального участка длинного плеча Y-хромосомы. Исследование данного локуса на популяционном уровне было продолжено Zerjal и соавт. [1997], которые исследовали ДНК народов Африки, Европы, Азии, Америки и Океании. Интересно то, что по данным этих авторов С аллель был обнаружен в Азии и на севере Европы, причем частота его оказалась от 1% в Японии до 57,6% у бурят и 85,7% у якутов, в то время как на юге Европы, в Африке, Океании, Америке выявлен только Т-аллель.



**Фото 1.
Якутский
охотник на
сибирской пони**

Согласно данным анализа микросателлитных гаплотипов на хромосомах с С-аллелем, Zerjal и соавт. [1997] предположили, что данная мутация возникла в Центральной Азии приблизительно 2-4 тыс.лет назад. Обнаружена очень высокая частота аллеля «Тat»С и в нашей выборке якутов – 86%. В табл.1 представлены данные о распространении «Тat»С аллеля в разных популяциях Евразии. Как видно из табл.1, С-аллель часто встречается в большинстве финно-угорских популяциях, у бурят и в северо-восточных популяциях Сибири, но реже – у тюрков и монголов (см.табл.1).

В настоящее время гаплотипы, содержащие «Tat»С обозначают как субгаплогруппу N3. В нашей выборке якутов обнаружено 7 гаплотипов Y-хромосомы по микросателлитным локусам. Для характеристики взаимоотношения якутов с другими популяциями Евразии была построена медианная сеть с использованием программы NETWORK [fluxus-engineering.com] на основе ассоциаций «Tat»С-аллеля с гаплотипами, построенными по всем изученным микросателлитным локусам.

Нами дополнительно были использованы еще 30 гаплотипов из ранее опубликованных данных по Y-хромосоме у якутов [Zerjal et al.,1997; Lahermo et al., 1999]. Суммарно в якутской популяции (n=60) было выявлено 9 микросателлитных гаплотипов.

Медианная сеть гаплотипов «Tat»С Y-хромосомы представлена на рис. 1.

Из рисунка видно, что подавляющее большинство гаплотипов «Tat»С Y-хромосомы (96,7%) образуют одну ветвь, специфичную только для якутской популяции, которая не имеет параллельных мутаций с другими линиями в медианной сети. Из 9 якутских гаплотипов данной выборки один совпал с тем, который часто встречается в бурятской популяции, несколько реже – у хантов.

Интересно, что ветвь, составленная из семи гаплотипов оказалась на расстоянии двух мутационных шагов того же варианта. И наконец, девятый якутский гаплотип оказался уникальным, но в медианной сети находится на расстоянии одного мутационного шага от единичного бурятского гаплотипа, с одной стороны, и от единичного хантыйского – с другой.

Лингвистическая группа	Популяция	N	Частота (%)	Литература
Индоевропейская	Русские	20	15	Zerjal et al., 1997
	Русские	30	3,3	Karafet et al., 1999
	Латыши	34	29,4	Lahermo et

				al., 1999
Финно-угорская	Финны	21	52,4	Zerjal et al., 1997
		41	61,1	Lahermo et al., 1999
	Саамы	12	25,0	Zerjal et al., 1997
		75	48,9	Lahermo et al., 1999
	Карелы	56	39,6	Lahermo et al., 1999
	Мари	49	30,6	Zerjal et al., 1997
		39	33,3	Lahermo et al., 1999
	Манси	15	18,2	Lahermo et al., 1999
	Ханты	21	63,2	Lahermo et al., 1999
Чукотско-Камчатская	Коряки	10	20,0	Lahermo et al., 1999
		12	33,0	Karafet et al., 1999
Юкагирская	Юкагиры	12	25,0	Karafet et al., 1999
Эскимо-алеутская	Эскимосы Сибири	22	50,0	Karafet et al., 1999
Тунгусская	Эвенки	95	16,8	Karafet et al., 1999
	Эвены	41	22,0	Karafet et al., 1999
Монгольская	Буряты	111	57,7	Zerjal et al., 1997
		81	28,4	Karafet et al., 1999
	Монголы	47	2,1	Zerjal et al., 1997
		148	2,7	Karafet et al., 1999
Тюркская	Уйгуры	68	0	Karafet et al., 1999
	Казахи	30	10,0	Karafet et al., 1999

	Алтайцы	29	0	Karafet et al., 1999
	Алтай-кижи	92	5,4	Деренко и др., 2002
	Хакасы	32	18,8	Деренко и др., 2002
	Узбеки	54	1,9	Karafet et al., 1999
	Киргизы	13	0	Karafet et al., 1999
	Тувинцы	64	14,1	Деренко и др., 2002
	Сойоты	34	11,8	Деренко и др., 2002
	Якуты	21	85,7	Zerjal et al., 1997
		12	100,0	Lahermo et al., 1999
		20	75,0	Karafet et al., 1999
		35	85,7	Pakendorf et al., 2002

Таблица 1. Частота «Tat»С аллеля в разных популяциях Евразии

Оценка индекса попарного сравнения Rst показало, что значение среднего расстояния якутов от других евразийских популяций, использованных в составлении медианной сети в два раза выше, чем значение среднего расстояния между неякутскими популяциями (0, 832 и 0,416 соответственно). Таким образом видно, что в популяции якутов разнообразие линий Y-хромосомы ограничено, что можно объяснить явлением «горлышка бутылки» или эффекта основателя. Последующие работы [Харьков и соавт., 2008; Pakendorf et al., 2006] полностью и в деталях подтвердили описанную картину. При дальнейшем исследовании большого числа линий Y-хромосомы у большого количества индивидуумов, а также включение в анализ других тюрских, монгольских и финно-угорских популяций позволит более детально оценить вклад различных по происхождению компонентов в генофонд современного якутского народа.

В работе Roots и соавторов [2007] было исследовано множество популяций Евразии, в том числе – Сибири, по четырем диаллельным и 17 микросателлитным маркерам. Было показано, что субгаплогруппа N3, характеризующаяся «Tat»С аллелем, широко распространена в северной Евразии от Скандинавии на западе до Чукотки на востоке.

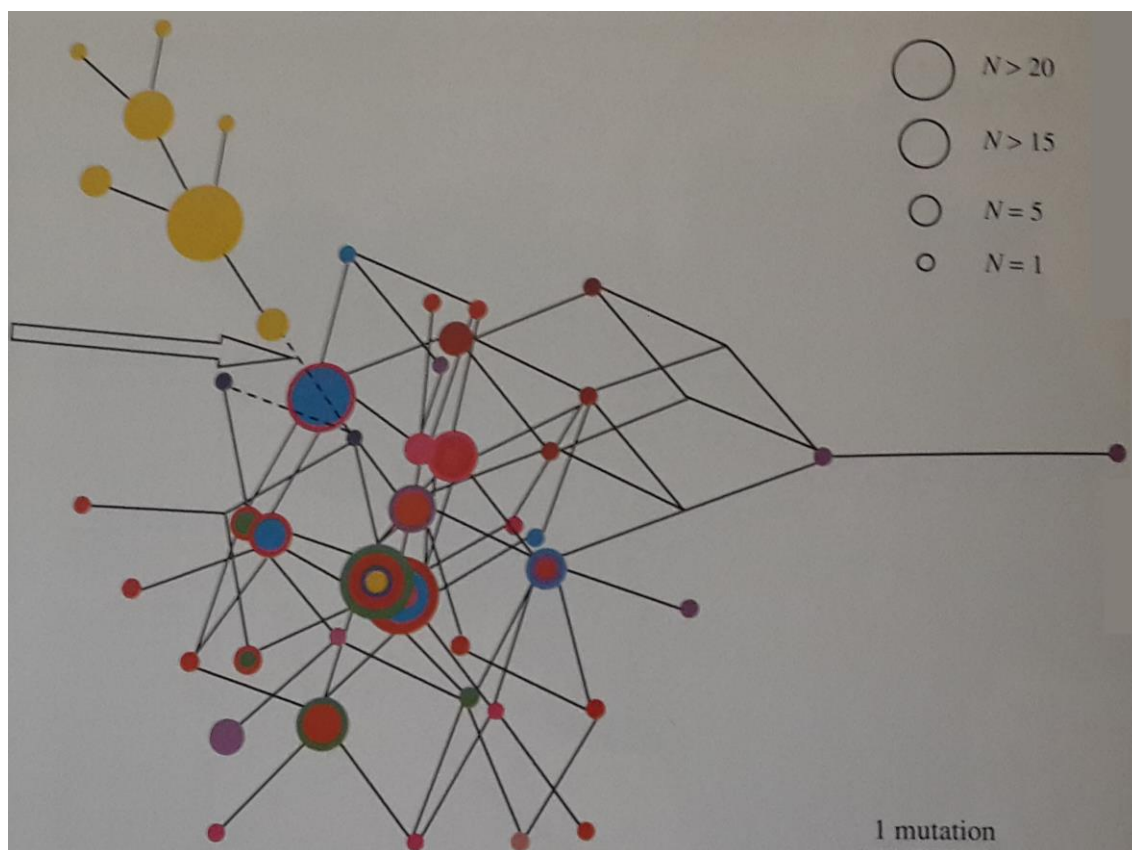


Рис. 1. Медианная сеть микросателлитных локусов Y-хромосомы и «Tat»С хромосом [Pakendorf et al., 2002]

Медианная сеть основана на одношеговой мутационной модели. Стрелкой указана ветвь, специфичная для якутской популяции, знаком «—» показана предполагаемая связь между гаплотипами в трехмерной медианной сети. Обозначены цвета: желтый – якуты (n=60); зелёный – буряты (n=22); темно-синий – русские (n=4); голубой – саамы (n=39); оранжевый – ханты и манси (n=25); красный – карелы (n=22); розовый – финны (n=10); бордовый – мари (n=10) и коричневый – латыши (n=10).

Наибольшая встречаемость наблюдается в первую очередь в Якутии, затем на Северном Урале, в Финляндии и на Чукотке. При этом подтверждено, что гаплотипы якутов образуют отдельную ветвь в медианной сети, причем находящуюся в двух

«шагах» от эстонских гаплотипов. В Китае субгаплогруппа N3 встречается крайне редко, лишь в нескольких малых популяциях. Однако разнообразие микросателлитных гаплотипов здесь максимальное, значительно выше, чем в Сибири и на Урале. Отсюда авторы предположили, что местом распространения субгаплогруппы N3 является Северный Китай, где ее возраст, рассчитанный наиболее современными методами по микросателлитным вариациям, составляет $11,8 \pm 6,8$ тыс. лет. Это совпадает с временной границей между плейстоценом и голоценом. Возможно, по сути из Сибири в Восточную Европу носители гаплогруппы N3 подвергались значительному воздействию таких явлений, как «горлышко бутылки» и эффект основателя, что существенно снизило генетическое разнообразие.

Известно, что позже в эпоху неолита еще в 6-м тысячелетии до н.э. на обширных территориях Центральной Азии были широко расселены различные популяции [Алексеев, Гохман, 1984; Алексеев, 1989]. Wells и соавт. [Wells et. Al., 2001] провели исследования 23 бинарных маркеров Y-хромосомы и обнаружили их высокое разнообразие в Средней Азии. Авторы предположили, что возможно, этот регион является источником, по крайней мере, трех больших волн миграций в Европу, Индию и Америку. Степная часть Центральной Азии – от Алтая, Хакасии, Тувы и до Внутренней Монголии – издревле была ареной взаимодействия групп монголоидного и европеоидного происхождения, и более того, представляла собой зону различных очагов европеоидного расообразования [Алексеев, 1989]. Популяции европеоидного и смешанного происхождения уже широко расселились на указанных территориях в эпоху неолита, бронзы и раннего железа. Однако культурная преемственность археологических памятников уводит генезис неолитического населения Монголии и Алтая-Саянского нагорья к более раннему времени.

В целом, судя по изменчивости мтДНК у якутов, данный генофонд формировался на смешанной генетической основе. Ее составили не только разнообразные монголоидные линии, но и европеоидный компонент, который выражен в разной степени в большинстве исследованных популяций Северной Азии. В то же время изменчивость по Y-хромосоме у якутов может отражать участие значительно меньшего числа исторических

родословных по мужской линии, основные из которых относятся к типичным северо-евразийским вариантам.

Следует отметить, что характер изменчивости локусов мтДНК и Y-хромосомы, обусловленные демографическими процессами только в женской и мужской части популяций, могут в значительной степени отличаться от изменчивости остальной части генома. Рассмотрение множества независимых генетических маркеров, безусловно, повысит надежность оценки степени влияния на современную генетическую структуру популяций различных исторических и эволюционных событий в описании реконструкции процессов микроэволюции и этногенеза народов. Совокупность будущих генетических, археологических, лингвистических и исторических данных позволит более точно установить историю формирования не только якутов, но и народов Сибири в целом.

Библиография и примечания:

* См. Тарская Л.А., Гоголев А.И., Ельчинова Г.И., Егорова А.Г., Лимборская С.А. Этническая геномика якутов (народа саха): генетические особенности и популяционная история. М., Наука, 2009, 271 с., ISBN: 978-5-02-036080-8, С.202-205.

