

Генетическая структура ненцев по 21 аутосомному STR-маркеру

Валихова Л.В.*, Вагайцева К.В., Колесников Н.А., Харьков В.Н.,
Бочарова А.В., Степанов В.А.

Научно-исследовательский институт медицинской генетики, Томский НИМЦ РАН, Томск, Россия

* larisa.valikhova@medgenetics.ru

Ключевые слова: ненцы; популяционная генетика; аутосомные STR-маркеры

Мотивация и цель: Ненцы – самодийский народ, населяющий территорию евразийского побережья Северного Ледовитого океана от Кольского полуострова до Таймыра. Современные ненцы делятся на две группы: лесных и тундровых [1]. Две группы ненцев значительно различаются друг от друга по языку (наличием двух диалектов), понимание между ними затруднено, а также имеются различия по антропологии [2]. Численность лесных ненцев в несколько раз меньше, чем тундровых. Внутри субэтнуса тундровых ненцев выделяются роды, которые, в свою очередь, объединяются во фратрии, одна из которых, Харючи, включает роды самодийского происхождения, а фратрия Вануйто – роды аборигенного генетического субстрата, а также энецкого и хантыйского происхождения [3]. При изучении генофонда тундровых ненцев с помощью YSTR-маркеров было выяснено, что Y-хромосомный генофонд ненцев структурирован по родовому принципу. Выявлены значительные различия между двумя ненецкими фратриями [4]. В данной работе представлен результат анализа структуры генофонда ненцев по 21 аутосомному STR-маркеру, что дополнит имеющиеся данные об их структуре на основе других видов маркерных систем.

Методы и алгоритмы: Материалом исследования послужили выборки мужчин лесных ненцев, тундровых ненцев двух фратрий и разных родов. Всего было использовано 368 образцов, из них к лесным ненцам принадлежат 47, к фратрии Харючи – 216, к фратрии Вануйто – 105 (всего тундровых ненцев – 321). Забор венозной крови у доноров проводили с соблюдением процедуры письменного информированного согласия на проведение исследования. На каждого донора составлялась анкета с его родословной, указанием этнической принадлежности и мест рождения предков. Генотипирование образцов по аутосомным STR-маркерам проводили методом мультиплексной полимеразной цепной реакции с последующим анализом продуктов амплификации на автоматическом генетическом анализаторе НАНОФОР-05 («Синтол», Россия). При анализе использовался 21 аутосомный маркер: D20S1082, D6S474, D14S1434, D4S2666, D1S1677, D11S4463, D9S1122, D2S1776, D17S974, D1S1627, D3S4529, D2S1360, D3S1744, D9S2157, D17S1301, D8S1132, Penta D, D21S2050, D10S2325, D7S1517, Penta E. Для генотипирования использовали реакционный микс и активатор производства компании «Гордиз» (Россия). Реакционная смесь включала: 2 мкл активатора, 2 мкл реакционного микса, 0.16 мкл смеси праймеров, 1 мкл ДНК, 4.84 мкл ddH₂O для доведения до объема 10 мкл.

Анализ молекулярной дисперсии (AMOVA) проводили с использованием программного средства Arlequin v. 3.5 [5].

Результаты: При сравнении выборок лесных и тундровых ненцев на межпопуляционные различия пришлось 0.74 %. При сравнении двух фратрий тундровых ненцев (Харючи и Вануйто) на долю межпопуляционных различий приходится лишь 0.42 %. Большее значение межпопуляционных различий между лесными и тундровыми ненцами может быть объяснено большей изоляцией между ними по сравнению с фратриями тундровых ненцев. Также проводилось сравнение родов внутри каждой фратрии, отдельной группой считался род, который включал от 10 человек, все остальные роды были объединены в категорию «другие». Во фратрии Харючи были выделены роды: Лапсуй (35), Ядне (27), Яптунай (21), Яр (42), Яндо (17) Худи (16), «другие» (58). Во фратрии Вануйто были выделены роды Вануйто (43), Салиндер (32) и «другие» (30). Сравнение родов во фратрии Харючи показало отрицательное значение в межродовой дифференциации (–0.89). Это может свидетельствовать о крайне близком генетическом сходстве индивидов внутри фратрии Харючи, что подтверждается и другим исследованием [4]. При сравнении родов фратрии Вануйто получено самая большое значение в межпопуляционной дифференциации – 3.52. Это может быть связано с этногенезом данной фратрии, включением хантыйских родов – Тибичи, Вэхо, Неркыхы, Няданги, Пурунгу́й, Салиндер, энецких родов – Марык, Аседа, Паровых, Тёр, Оковай, которые могут усиливать генетическую дифференциацию фратрии [3]. Данные о внутрипопуляционных различиях представлены в табл. 1.

Таблица 1. Сравнение разных популяционных выборок

Группа сравнения	Межпопуляционные различия	Внутрипопуляционные различия
Лесные и тундровые ненцы	0.74	99.26
Фратрии Харючи и Вануйто	0.42	99.58
Роды внутри фратрии Харючи	–0.89	100.21
Роды внутри фратрии Вануйто	3.52	96.48

Выводы: Представленные данные подтверждают процессы этногенеза ненцев, их взаимоотношения как между субэтносами, так и между фратриями, внутри отдельных фратрий.

Финансирование: Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования № 122112800026-1.

**Genetic structure of the Nenets
based on 21 autosomal STR markers**

Valikhova L.V.*, Vagaitseva K.V., Kolesnikov N.A., Kharkov V.N.,
Bocharova A.V., Stepanov V.A.

Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Research Medical Center, RAS, Tomsk, Russia

* larisa.valikhova@medgenetics.ru

Key words: Nenets; population genetics; autosomal STR markers

Motivation and Aim: The Nenets are a Samoyed people inhabiting the territory of the Eurasian coast of the Arctic Ocean from the Kola Peninsula to Taimyr. Modern Nenets are divided into two groups: forest and tundra [1]. The two groups of Nenets differ significantly from each other in language (the presence of two dialects), understanding between them is difficult, and there are also differences in anthropology [2]. The number of forest Nenets is several times smaller than that of the tundra Nenets. Within the subethnos of the Tundra Nenets, clans are distinguished, which in turn are united in phratries, one of which “Kharyuchi” – includes clans of Samoyed origin and the phratry “Vanuito” – includes clans of aboriginal genetic substrate, as well as Enets and Khanty origin [3].

When studying the gene pool of the tundra Nenets using YSTR markers, it was found that the Y-chromosomal gene pool of the Nenets is structured according to the generic principle. Significant differences were identified between the two Nenets phratries [4]. This paper presents the result of an analysis of the structure of the Nenets gene pool using 21 autosomal STR markers, which will complement the existing data on their structure based on other types of marker systems.

Methods and Algorithms: The research material consisted of samples of forest Nenets men, tundra Nenets men of two phratries and different clans. A total of 368 samples were used, of which 47 belong to the forest Nenets, 216 to the Kharyuchi phratry, and 105 to the Vanuito phratry (in total, 321 tundra Nenets). Venous blood was collected from donors in compliance with the procedure for written informed consent for the study. For each donor, a questionnaire was compiled with his pedigree, indicating his ethnicity and place of birth of his ancestors. Genotyping of samples using autosomal STR markers was carried out using the multiplex polymerase chain reaction method, followed by analysis of amplification products on an automatic genetic analyzer NANOFOR-05 (Sinthol, Russia). The analysis used 21 autosomal markers: D20S1082, D6S474, D14S1434, D4S2666, D1S1677, D11S4463, D9S1122, D2S1776, D17S974, D1S1627, D3S4529, D2S1360, D3S1744, 57, D17S1301, D8S1132, Penta D, D21S2050, D10S2325, D7S1517, Penta E. For genotyping, we used a reaction mix and an activator produced by Gordiz (Russia). The reaction mixture included: 2 µl. activator, 2 µl. reaction mix, 0.16 µl primer mixtures, 1 µl DNA, 4.84 µl ddH₂O to make up to 10 µl volume. Analysis of molecular variance (AMOVA) was performed using the Arlequin software tool v 3.5 [5].

Results: When comparing samples of forest and tundra Nenets, interpopulation differences accounted for 0.74 %. When comparing two phratries of the tundra Nenets (Kharyuchi and Vanuito), interpopulation differences account for only 0.42 %. The greater significance of interpopulation differences between the forest and tundra Nenets can be explained by the greater isolation between them than between the phratries of the tundra Nenets. A comparison of clans within each phratry was also carried out; a clan that included 10 or more people was considered a separate group; all other clans were combined into the “other” category. In the Haryuchi phratry, the following clans were identified: Lapsui (35), Yadne (27), Yaptunay (21), Yar (42), Yando (17), Khudi (16), “others” (58). In the Vanuito phratry, two clans were also distinguished: Vanuito (43), Salinder (32), “others” (30). A comparison of genera in the Haryuchi phratry showed a negative value in intergeneric differentiation (–0.89). This may indicate an extremely close genetic similarity of individuals within the Haryuchi phratry, which is confirmed by another study [4]. When comparing the clans of the Vanuito phratry, the highest value in interpopulation differentiation was obtained – 3.52. This may be due to the

ethnogenesis of this phratry, the inclusion of the Khanty clans – Tibichi, Vekho, Nerkyhy, Nyadangi, Purungui, Salinder, Entets clans – Maryik, Aseda, Parovykh, Ter, Okovai, which can enhance the genetic differentiation of this moiety [3]. Data on intrapopulation differences are presented in Table 1.

Table 1. Comparison of different population samples

Comparison group	Interpopulation differences	Intrapopulation differences
Forest and tundra Nenets	0.74	99.26
Phratries of Haryuchi and Vanuito	0.42	99.58
Clans within the Haryuchi phratry	–0.89	100.21
Clans within the Vanuito phratry	3.52	96.48

Conclusions: The data presented above confirm the processes of ethnogenesis of the Nenets, their relationships both between subethnic groups and between phratries, within individual phratries.

Funding: The work was carried out within the framework of the State assignment of the Ministry of Science and Higher Education No. 122112800026-1.

Список литературы/References

1. Vasiliev V.I., Tugolukov V.A. Ethnographic research in Taimyr. *Sov Ethnography*. 1960;5:128-141
2. Khomich L.V. Problems of ethnogenesis and ethnic history of the Nenets. L.: Nauka, 1976
3. Kvashin Yu.N. The main elements of the clan structure of the Gydan Nenets. *Vestnik Arheologii, Antropologii i Etnografii*. 2001;3:1-4
4. Kharkov V.N. et al. Reconstruction of the origin of the Gydan Nenets based on genetic analysis of their generic structure using a new set of YSTR markers. *Genetics*. 2021;57(12):1403-1414
5. Excoffier L., Lischer H.E. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour*. 2010;10(3):564-567. doi 10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x