

Полиморфизм ядерного и митохондриального генома современных популяций татар
Среднего Поволжья

Конюхова Е.В., Кравцова О.А., Латыпова А.Р.

студент, к.б.н., студент

КГУ, биолого-почвенный факультет, Казань, Россия

okravz@rambler.ru

Многочисленные исследования полиморфных систем ядерного и митохондриального геномов привели к развитию нового раздела геномики – этногеномики. Итоги более чем столетнего изучения антропологического типа татар отмечают их расовую неоднородность как внутри основных территориальных групп, так и между ними, что, вероятно, отражает специфику их расогенеза и этногенической связи. С другой стороны, все исследованные группы татар довольно близки между собой, и по выраженной европеоидности и наличию сублапоноидности татары стоят ближе к народам Поволжья и Приуралья, чем к другим тюркоязычным народам.

В связи с вышесказанным, представляется актуальным исследование полиморфизма локусов ядерной и митохондриальной ДНК в современных популяциях татар для выявления их местоположения в системе мирового генофонда.

В работе использованы образцы ДНК современного населения, представляющие две этнографические группы татар: казанские татары и татары–мишары (N=276). Для проведения анализа по микросателлитам Y-хромосомы дополнительно были использованы образцы ДНК мужчин, представляющих русское население г. Казани (N=69).

Современную ДНК выделяли из периферической крови стандартным методом фенол/хлороформной экстракции. Изучение полиморфных локусов ядерного и митохондриального геномов проводили методом ПЦР. Продукты амплификации и рестрикции анализировались электрофоретически в ПААГ с последующей окраской гелей нитратом серебра.

Для оценки индивидуализирующих свойств микросателлитных маркеров и изучения характера распределения частота аллелей и генотипов в популяции, был проведен анализ 11 аутосомных STR-локусов (D3S1358, D5S818, D7S820, D16S539, TH01, FGA (FIBRA), LPL (LIPOL), CD4, D21S11, TPOX, vWA31A) и 8 Y-STR локусов (DYS19, DYS392, DYS391, DYS393, DYS389I, DYS385, DYS448, DYS464) в двух популяциях татар. Митотипическое разнообразие современного генофонда оценивали с помощью ПДРФ-анализа D-петли ГВС1 и рестрикционного анализа кодирующей части молекулы мтДНК.

Анализ аутосомных микросателлитных локусов показал, что распределение частот аллелей в исследованных популяциях не отличается от таковых в мировых популяциях. Различие в распределении аллелей и генотипов между двумя исследованными популяциями татар по микросателлитам было обнаружено только по 3 локусам (FGA, TPOX, D21S11). Показано, что по некоторым локусам обе популяции отклоняются от равновесия Харди-Вайнберга. Сравнительная оценка частот аллельных вариантов микросателлитных локусов Y-хромосомы выявила различия между популяциями татар Азнакаевского р-на и русскими г. Казани. При этом основной вклад в дифференциацию определяется локусами DYS392, DYS393, DYS389 I и DYS448. Показатели гаплотипического разнообразия и дискриминирующего потенциала не различаются для двух исследованных субпопуляций татар. Индексы генного разнообразия, рассчитанные для каждой из популяций по сайтам рестрикции D-петли ГВС 1, имеют сходные значения, как с монголоидными, так и с европеоидными популяциями. В целом по уровню гаплотипического разнообразия по ПДРФ-анализу D-петли, исследованные популяции стоят ближе к европейским, чем к монголоидным.