

УДК 575.17

## РАЗНООБРАЗИЕ МИТОХОНДРИАЛЬНОГО ГЕНОФОНДА В ПОПУЛЯЦИИ ПОВОЛЖСКИХ ТАТАР РЕСПУБЛИКИ ТАТАРСТАН

*Е.В. Конюхова, Нгуен Фьонг Нга, Ф.К. Алимова, О.А. Кравцова*

### Аннотация

В группах казанских татар, татар-мишарей и крещеных татар, проживающих на территории Республики Татарстан, методом ПДРФ-анализа охарактеризовано разнообразие основных гаплогрупп мтДНК. Выявлено 12 митотипов, большая часть из которых маркирует основные западно-евразийские гаплогруппы (от 77.38% у казанских татар до 100% у крещеных татар). С наибольшей частотой во всех этнографических группах встречаются митотипы H и U, в группе крещеных татар также отмечена высокая частота встречаемости гаплогруппы J.

Полученные данные являются важной характеристикой генетического разнообразия митохондриального генофонда татар РТ и могут представлять интерес для выяснения процессов дивергенции близких этнографических групп внутри популяции поволжских татар.

**Ключевые слова:** этногеномика, популяция татар, полиморфные локусы ДНК, митохондриальная ДНК.

---

### Введение

Изучение разнообразия генофонда популяций является одним из инструментов для реконструкции событий эволюции близкородственных групп одного этноса, происходивших в древности и имеющих место в настоящий момент.

Для оценки генетического своеобразия популяций используют маркеры ядерной и митохондриальной ДНК. С 90-х годов XX в. митохондриальная ДНК (мтДНК) является, пожалуй, наиболее интенсивно изучаемым ДНК маркером [1, с. 138]. Основные причины такого внимания – ее малый размер (всего 16569 п.н.) при общем размере генома человека около 3000 млн. п.н. и то, что наследование происходит строго по материнской линии. Если выбор маркеров ядерной ДНК огромен и индивидуален для каждой лаборатории, то стандартизация популяционных исследований по мтДНК позволила сосредоточить усилия многих лабораторий на одной и той же системе маркеров [2].

Для многих популяций мира, в том числе и для популяций РФ, накоплен большой объем данных по полиморфизму как ядерной, так и митохондриальной ДНК [3–5]. Однако сведения о генетических особенностях популяций Республики Татарстан (РТ), основным населением которой являются поволжские татары, носят фрагментарный характер [6, 7]. Между тем происхождение данной этногеографической группы является до сих пор спорным и в связи с этим особенно

интересным, так как ее формирование осуществлялось благодаря длительному контакту двух рас – европеоидной и монголоидной.

По данным Всероссийской переписи 2002 г., в национальной структуре населения, проживающего на территории РТ, татары занимают первое место по численности [8, с. 95]. В свою очередь среди татар наиболее многочисленными следует признать следующие этнографические группы: казанские татары, татары-мишари и крещеные татары, которые имеют общие корни. При этом у каждой из групп есть своя история происхождения и развития, что не могло не отразиться на их генетическом своеобразии [9].

Целью настоящей работы было изучение полиморфизма митохондриального генома в трех основных этнографических группах поволжских татар РТ.

### 1. Материалы и методы

Материалом для исследования служили образцы ДНК неродственных индивидов этнографических групп поволжских татар: казанские татары ( $N = 135$ ), татары-мишари ( $N = 140$ ) и крещеные татары ( $N = 84$ ), – из Азнакаевского, Буинского и Алексеевского районов РТ соответственно. Материал собран в ходе экспедиционных выездов в 2004–2005 и 2007–2008 гг. Этническую принадлежность выясняли путем индивидуального анкетирования, учитывая данные до третьего поколения.

Препарат ДНК из периферической крови выделяли стандартным методом фенол-хлороформной экстракции с последующей постановкой ПЦР- и ПДРФ-анализа [6, 7]. Идентификация типов мтДНК проводилась на основании существующей классификации митотипов в популяциях мира. Диагностические сайты мтДНК, размеры продуктов ПЦР и рестрикции приведены в табл. 1.

Табл. 1

Локализация амплифицируемых фрагментов кодирующей части митохондриальной ДНК и их характеристики

Диагностический сайт мтДНК	Митотип	Размер, п.н.	
		Амплификаты	Рестрикты
7025 Alu I (–)	H	109	68 + 41
8249 AvaII (+)	I	121	58 + 63
16389 BamHI (+)		125	94 + 31
13704 BstNI (–)	J	122	80 + 42
12308 HinfI (–)	K	123	93 + 30
9052 HaeII (–)		120	54 + 66
8249 AvaII (+)	W	121	58 + 63
8994 HaeIII (–)		126	88 + 38
12308 HinfI (+)	U	123	93 + 30
4577 NlaIII (–)	V	120	62 + 58
14766 MseI (–)	HV	82	50 + 32
663 HaeIII (+)	A	164	60 + 104
5176 AluI (–)	D	132	126 + 6
10394 DdeI (+)	M	201	94 + 107
10397 AluI (+)			
13262 AluI (+)	C	207	30 + 177

Для описания полученных данных использовали построение 95%-ных доверительных интервалов для долей на основании биномиального распределения. Для определения внутривидовой гетерогенности были рассчитаны генетические расстояния между индивидами с помощью программы POPULATIONS (v.1.2.28). Консенсусные дендрогаммы строили с помощью пакета программ Phylip (v.3.61) и Treeview (v.1.6.6).

## 2. Результаты и их обсуждение

По существующей на сегодняшний день классификации митотипов в мировой популяции насчитывается около 40 гаплогрупп мтДНК, предковым является кластер L, от которого берут свое начало две макрогруппы N и M. В каждой из макрогрупп представлены митотипы, распространенные на территории Западной и Восточной Евразии (рис. 1).

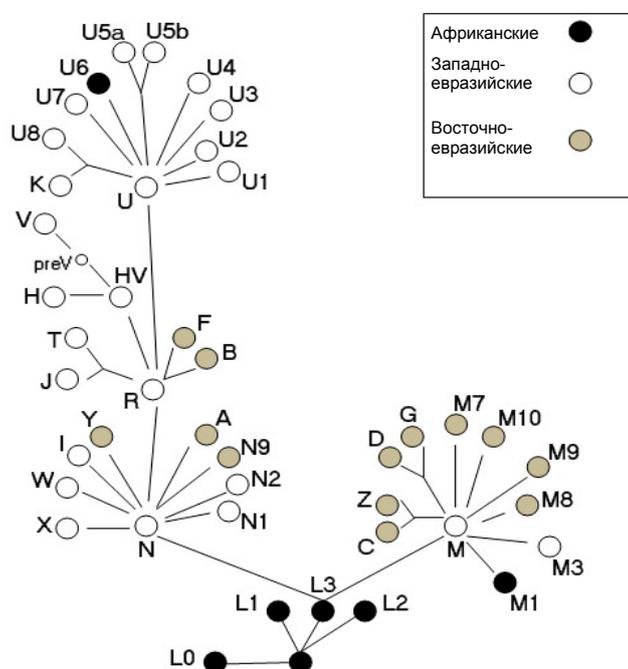


Рис. 1. Упрощенная схема классификации митотипов мтДНК

В ходе анализа разнообразия митохондриального генофонда популяции поволжских татар выявлено 12 основных митотипов, характерных для населения как Западной, так и Восточной Евразии (табл. 2). Большая часть из представленных митотипов относится к основным западно-евразийским гаплогруппам – H, U, K, J, V, I и W. При этом на долю митотипов H и U, а также J (в группе крещеных татар) приходится до 80% от общего разнообразия. В то же время в исследованных популяциях казанских татар и татар-мишарей необходимо отметить довольно высокую частоту встречаемости восточно-евразийских митотипов A, B, C, D и M, тогда как в группе крещеных татар азиатских митотипов обнаружено не было (табл. 2).

Табл. 2

Частоты встречаемости основных гаплогрупп мтДНК в этнографических группах поволжских татар

Гаплогруппа мтДНК	Частота встречаемости гаплогрупп мтДНК		
	Казанские татары (N = 135)	Татары-мишари (N = 140)	Крещенные татары (N = 84)
H	0.3926	0.3714	0.4167
HV	0	0	0
V	0.037	0.0214	0
I	0.0074	0.0285	0
J	0.1073	0.05	0.3095
U	0.1333	0.2643	0.1905
K	0	0.0071	0.0714
W	0.0962	0.057	0.0119
M	0.0518	0.05	0
A	0.0518	0.1	0
B	0.0074	0	0
C	0.0667	0	0
D	0.0518	0.05	0

Интерес представляет и тот факт, что общими для всех трех этнографических групп поволжских татар являются только 4 гаплогруппы – H, U, J и W.

Гаплогруппа H – самая «молодая» в Европе и на Ближнем Востоке, ее возраст насчитывает около 23–28 тыс. лет. При этом данный митотип является самым распространенным в Европе (частота встречаемости до 40%) и встречается все реже при движении через Евразию на Восток [1, с. 261]. В исследованной популяции поволжских татар данный митотип является также преобладающим во всех трех этнографических группах (частота встречаемости составляет 0.37–0.41).

Второй по частоте представленности в исследуемой популяции является гаплогруппа U – одна из самых древних западно-евразийских гаплогрупп. С максимальной частотой данная гаплогруппа представлена в центральной части Евразии [1, с. 270–272]. В нашем исследовании преобладание гаплогруппы U отмечено в этнографической группе татар-мишарей (частота встречаемости – 0.2643), тогда как у крещеных и казанских татар она представлена меньшей частотой (0.1905 и 0.1333 соответственно). Однако отмеченные различия не являются статистически значимыми ( $p > 0.05$ ).

Следующей по частоте встречаемости в популяции поволжских татар является гаплогруппа J. Причем отмечено достоверное повышение доли данного митотипа в генофонде этнографической группы крещеных татар (табл. 2). Данная гаплогруппа также относится к западно-евразийским, и ее распределение подобно распределению гаплогруппы H, только встречается данный митотип с меньшей частотой. Частота гаплогруппы J в Европе и Передней Азии максимальна и постепенно убывает к востоку: в отдельных местах Сибири, Центральной Азии и на северо-западе Индии она встречается с частотой до 5%, но далее к востоку – в основной части Индии, Восточной Азии, на Дальнем Востоке – практически отсутствует [1, с. 262].

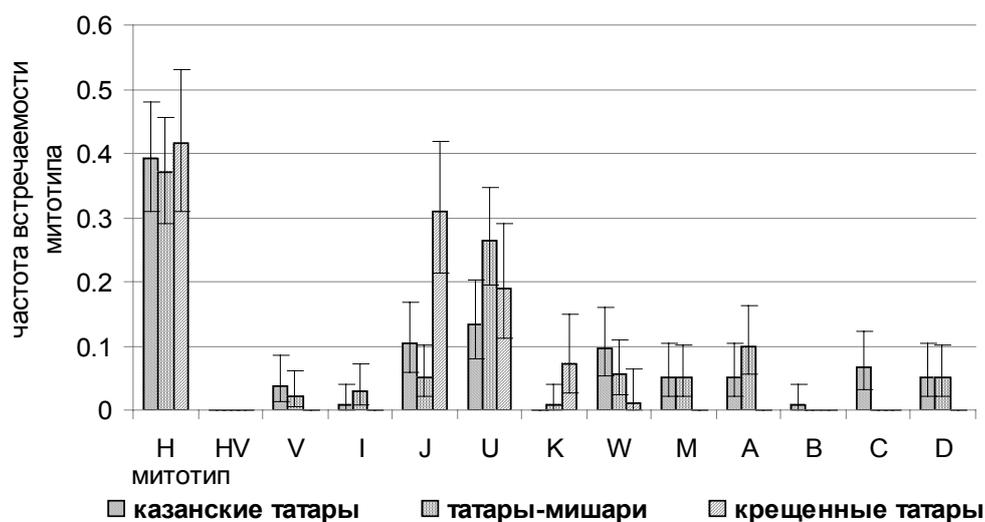


Рис. 2. Сравнительный анализ распределения частот встречаемости гаплогрупп мтДНК в трех этнографических группах поволжских татар Республики Татарстан

Еще одна общая гаплогруппа для всех исследованных групп поволжских татар – гаплогруппа W (типичная трансевразийская гаплогруппа, которая встречается также в Восточной Сибири и Восточной Африке [1, с. 270, 274]) – обнаружена в них с достоверно меньшей частотой по сравнению с гаплогруппами H и U. Однако в группе казанских татар и татар-мишарей доля данного митотипа примерно одинакова с долей гаплогруппы J, тогда как в группе крещеных татар данный митотип практически отсутствует (табл. 2).

Несмотря на наличие общих митотипов в исследуемых выборках, обнаружено статистически достоверное различие в распределении частот встречаемости отдельных гаплогрупп (рис. 2).

В митохондриальном генофонде этнографических групп казанских татар и татар-мишарей представлены еще две западно-евразийские гаплогруппы (V и I), которые распространены преимущественно в Европе, в основном в ее восточной половине. Гаплогруппа V встречается также у индивидуумов, проживающих на территории от Балтийского побережья до Черного моря. В группе кряшен эти митотипы отсутствуют, тогда как с достаточно высокой частотой (0.0714) встречается европейская гаплогруппа K, широко представленная в Европе и Передней Азии. В группе татар-мишарей данный митотип обнаружен всего у одного индивидуума, тогда как в популяции казанских татар он вовсе отсутствует.

В целом средняя доля западно-евразийских гаплогрупп в популяции татар составляет 85.79%, достигая максимального значения в этнографической группе кряшен (100%), а минимальное значение доли европеоидных митотипов обнаружено у казанских татар (78.38%).

В ходе исследования в популяциях казанских татар и татар-мишарей был обнаружен ряд восточно-евразийских гаплогрупп, представленных митотипами M, A, B, C и D, доля которых составляет 21.62% для казанских татар и 20% для татар-мишарей.

Частота встречаемости гаплогрупп M и D в исследованных этнографических группах примерно одинакова (около 5%). Наибольшее разнообразие данные митотипы получают в Восточной и Южной Азии. При этом гаплогруппа M происходит от африканской гаплогруппы L3, что рассматривается как подтверждение гипотезы об африканском происхождении населения Евразии. Гаплогруппа D входит в тройку самых распространенных в Северной и Восточной Азии (до 23%) митотипов. В других регионах Азии и в Европе данные митотипы практически не встречаются [1, с. 258–260].

Общей для групп казанских татар и татар-мишарей является также гаплогруппа A, первоначально обнаруженная в популяциях коренного населения Америки. Позже было установлено, что данный вариант мтДНК сохранился на востоке Азии. Кроме того, указанная гаплогруппа – единственный вариант, встречающийся в популяции эскимосов. Интересно, что частота встречаемости данного митотипа в группе татар-мишарей практически вдвое превышает таковую в группе казанских татар (0.1 и 0.0518 соответственно), однако различия не достигают статистической значимости ( $p > 0.05$ ).

Две другие гаплогруппы – B и C – обнаружены только в популяции казанских татар. Выявлена довольно высокая частота встречаемости митотипа C (6.67%), который, предположительно, так же как и митотип D, был принесен в Америку первыми поселенцами около 20 тыс. лет назад. Данная гаплогруппа – самая частотная гаплогруппа в Сибири. Максимальная частота ее встречаемости отмечена в южных и средних районах этой части России. Гаплогруппа B также широко распространена в Восточной Азии, достигая максимальной частоты на юге Китая. В Европе частота встречаемости гаплогруппы B очень низкая [1, с. 258–260].

В группе кряшен восточно-евразийских митотипов обнаружено не было. Отсутствие азиатских митотипов в группе крещеных татар может быть связано с тем, что история, культура, вера и язык этой группы появились вследствие слияния двух народностей (татар и русских) и их культур. При этом одни историки считают, что «кряшены являются одной из групп казанских татар, отличающейся от них некоторым своеобразием материальной культуры» [10, с. 154], другие же полагают, что нельзя относить кряшен к популяционной группе татар и необходимо обратить внимание на наличие в культуре кряшен слоя, связанного с христианством и русской культурой, что придает специфичность этой группе и подтверждается результатами исследования [11].

Для определения местоположения современной популяции татар в системе мирового митохондриального генофонда была рассчитана матрица стандартных генетических расстояний между этнографическими группами поволжских татар и некоторыми популяциями мира. Так как распределение частот гаплогрупп мтДНК отличается внутри исследованных субэтносов, расчет проводился отдельно по каждой этнографической группе.

На основании полученных генетических расстояний была построена консенсусная дендрограмма (рис. 3) [12–17].

Анализ этого древа показывает четкую дифференциацию европеоидных и азиатских популяций. При этом группы казанских татар и татар-мишарей образуют отдельный кластер, занимающий промежуточное положение между

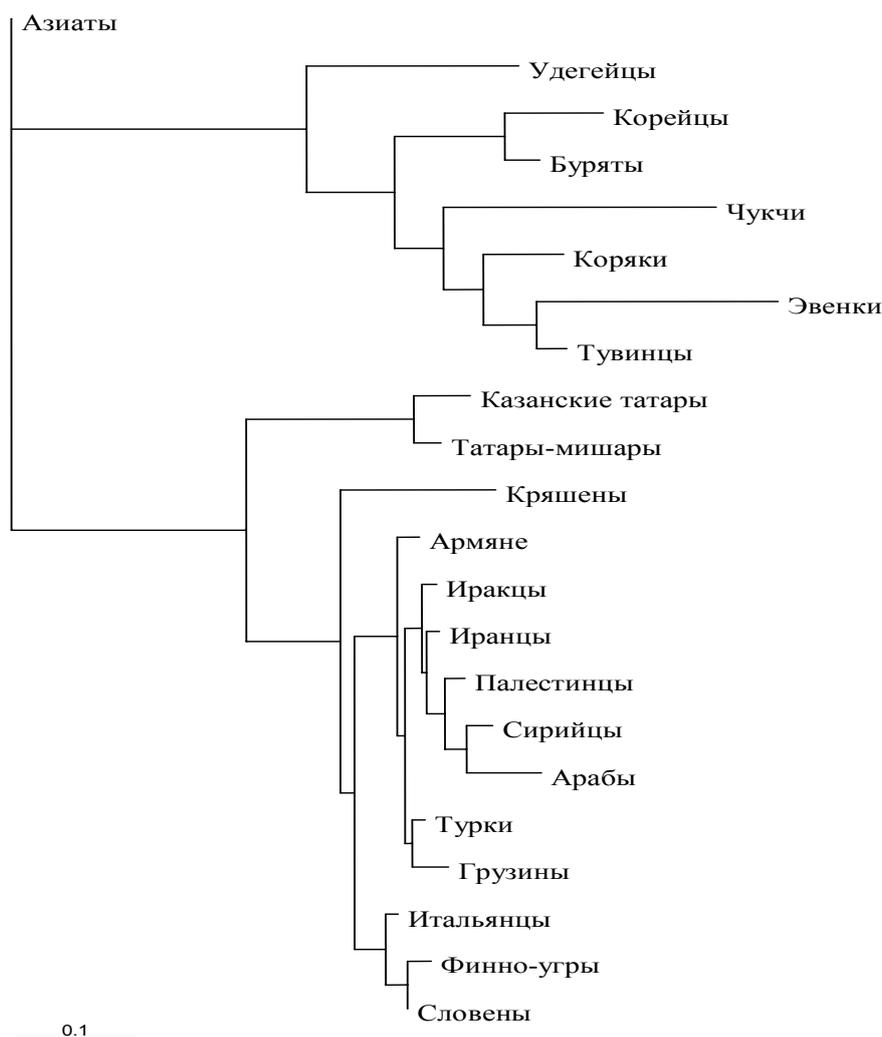


Рис. 3. Консенсусная дендрограмма генетических расстояний по данным о полиморфизме мтДНК. Значения бутстрепа > 99%

кластером, представленным тихоокеанским монголоидным компонентом (народы Сибири, корейцы и азиаты), и европеоидным кластером, объединяющим суперевропеоидов (армяне, грузины), семитов (палестинцы, сирийцы, арабы) и финно-угорскую группу, тогда как этнографическая группа крещеных татар берет начало от европеоидного кластера, что еще раз подчеркивает особые пути развития данного субэтноса.

Таким образом, полученные в ходе исследования данные указывают как на общее происхождение всех трех этнографических групп поволжских татар: казанских татар, татар-мишарей и крещеных татар, – так и на уникальность путей формирования современного населения РТ, обусловленную различными процессами микроэволюции. Следует отметить, что для более полного понимания этих процессов необходима характеристика генофонда популяций по другим типам маркеров (аутосомным и маркерам Y-хромосомы), которые позволят

оценить этапы эволюционного развития этноса не только по материнской, но и по отцовской линии наследования и выявить вклад обоих полов в разнообразие его генофонда.

### Summary

*E.V. Konyukhova, Nguyen Phuong Nga, F.K. Alimova, O.A. Kravtsova.* Diversity of Mitochondrial Gene Pool in the Population of the Volga Tatars, Republic of Tatarstan.

A variety of major mtDNA's haplogroups were investigated by RFLP method in the groups of Kazan Tatars, Mishar Tatars, and baptized Tatars (kryashens) residing in the Republic of Tatarstan. There are 12 mitotype identified and most of them mark a major western Eurasian haplogroup (from 77.38% among the Kazan Tatars to 100% among the baptized Tatars). Haplogroups H and U are found with the highest frequency in all ethnographic groups, while haplogroup J is found in the group of baptized Tatars.

These data are an important characteristic of the genetic diversity of mitochondrial gene pool of the Tatars from Tatarstan and may be of interest to determine the processes of divergence of close ethnographic groups within the population of the Volga Tatars.

**Key words:** ethnogenomics, Tatar population, polymorphic loci of DNA, mitochondrial DNA.

### Литература

1. *Балановская Е.В., Балановский О.П.* Русский генофонд на Русской равнине. – М.: Луч, 2007. – 416 с.
2. *Macauley V., Richards M., Hickey E.B. et al.* . The emerging tree of West Eurasian mtDNAs: a synthesis of control-region sequences and RFLPs // *Am. J. Hum. Genet.* – 1999. – V. 64, No 1. – P. 232–249.
3. *Хуснутдинова Э.К., Викторова Т.В., Ахметова В.Л. и др.* Популяционно-генетическая структура чувашей (по данным о восьми ДНК-локусах ядерного генома) // *Генетика.* – 2003. – Т. 39, № 11. – С. 1550–1563.
4. *Хуснутдинова Э.К., Кутуев И.А., Хусаинова Р.И., Юнусбаев Б.Б., Юсупов Р.М., Виллемс Р.* Этногенетика и филогенетические взаимоотношения народов Евразии // *Вестн. ВОГис.* – Новосибирск, 2006. – Т. 10, № 1. – С. 24–40.
5. *Лимборская С.А., Хуснутдинова Э.К., Балановская Е.В.* Этногенетика и геногеография народов Восточной Европы. – М.: Наука, 2002. – 261 с.
6. *Кравцова О.А., Аскарова А.Н.* Полиморфизм митохондриальной ДНК в современной популяции Республики Татарстан // *Учен. зап. Казан. ун-та. Сер. Естеств. науки.* – 2005. – Т. 145, кн. 3. – С. 117–123.
7. *Кравцова О.А.* Структура ядерного генофонда поволжских татар // *Учен. зап. Казан. ун-та. Сер. Естеств. науки.* – 2007. – Т. 149, кн. 2. – С. 138–147.
8. Сводные итоги Всероссийской переписи населения 2002 года по Республике Татарстан: Стат. Сб. / Редкол.: В.П. Кандилов (пред.) и др. – Казань: Изд. центр Татарстанстата, 2006. – 166 с.
9. История татар с древнейших времен: в 7 т. / Гл. ред. М.А. Усманов, Р.С. Хакимов. – Казань: Рухият, 2006. – Т. 2: Волжская Булгария и Великая Степь. – 959 с.
10. *Мухаметшин Ю.Г.* Татары-кряшены. Историко-этнографическое исследование материальной культуры (середина XIX – начало XX в.). – М.: Наука, 1977. – 184 с.
11. *Журавский А.В.* Кряшены: судьба народа без названия. – URL: <http://www.sitkin.narod.ru/krushen.htm>, свободный.

12. *Derenko M., Malyarchuk B., Dambueva I. et al.* Mitochondrial DNA variation in two South Siberian aboriginal populations: Implications for the genetic history of North Asia // *Hum. Biol.* – 2000. – V. 72. – P. 945–973.
13. *Schurr T., Sukernik R., Starikovskaya Y., Willace D.* Mitochondrial DNA variation in Koryaks and Itel'men: Population replacement in the Okhotsk Sea – Bering Sea region during the Neolithic // *Am. J. Phys. Anthropol.* – 1999. – V. 108. – P. 1–39.
14. *Starikovskaya Y., Sukernik R., Schurr T., Kogelnik A., Willace D.* MtDNA diversity in Chukchi and Siberian Eskimos: Implications for the genetic history of Ancient Beringia and the peopling of the New World // *Am. J. Hum. Genet.* – 1998. – V. 63. – P. 1473–1491.
15. *Torroni A., Schurr T., Yang C. et al.* Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Na-Dene populations were founded by two independent migrations // *Genetics.* – 1992. – V. 130. – P. 153–162.
16. *Al-Zahery N., Semino O., Benuzzi G. et al.* Y-chromosome and mtDNA polymorphisms in Iraq, a crossroad of the early human dispersal and of post-Neolithic migrations // *Mol. Phylogenet. Evol.* – 2003. – V. 28. – P. 458–472.
17. *Деренко М.В., Лункина А.В., Мальярчук Б.А. и др.* Рестрикционный полиморфизм митохондриальной ДНК у корейцев и монголов // *Генетика.* – 2004. – Т. 40, № 11. – С. 1562–1570.

Поступила в редакцию  
05.11.09

---

**Конюхова Евгения Владимировна** – аспирант кафедры биохимии Казанского (Приволжского) федерального университета.

E-mail: [evgeniakon@rambler.ru](mailto:evgeniakon@rambler.ru)

**Нгуен Фыонг Нга** – студент кафедры биохимии Казанского (Приволжского) федерального университета.

**Алимова Фарида Кашифовна** – доктор биологических наук, профессор, заведующий кафедрой биохимии Казанского (Приволжского) федерального университета

E-mail: [farida\\_alimova@hotmail.com](mailto:farida_alimova@hotmail.com)

**Кравцова Ольга Александровна** – кандидат биологических наук, старший преподаватель кафедры биохимии Казанского (Приволжского) федерального университета.

E-mail: [okravz@rambler.ru](mailto:okravz@rambler.ru)