



## ГЕНЕТИКА

УДК 575.17

### ГЕНЕТИЧЕСКИЕ СООТНОШЕНИЯ ПОПУЛЯЦИЙ БЕЛГОРОДСКОЙ ОБЛАСТИ С ВОСТОЧНО-СЛАВЯНСКИМИ ПОПУЛЯЦИЯМИ

**Н.А. РУДЫХ**  
**В.И. ЕВДОКИМОВ**  
**И.К. АРИСТОВА**

*Белгородский государственный  
национальный исследовательский  
университет*

*e-mail: rudyh@bsu.edu.ru*

В статье представлены данные о положении популяций Белгородской области в системе восточнославянского генофонда по данным об аутосомном ДНК полиморфизме. С использованием кластерного анализа, многомерного шкалирования установлено, что минимальные генетические расстояния русские Белгородской области имеют со «среднерусской» популяцией. Украинцы Белгородской области дифференцируются в отдельный кластер с украинцами Львовской области.

Ключевые слова: аутосомный ДНК-полиморфизм, генофонд населения, факторный анализ, генетические расстояния.

Вопросы эволюции популяций человека, их происхождения, родства и исторического развития всегда были в центре внимания популяционных генетиков. Русский народ, являясь самым многочисленным в нашей стране, тем не менее остается наименее изученным по популяционно-генетическим характеристикам. Генофонд других восточнославянских народов (украинцев, белорусов) изучен еще слабее. До настоящего времени практически не изучены особенности распределения аутосомных ДНК маркеров в русских популяциях, располагающихся на стыке с другими восточнославянскими народами и формировавшимися под значимым влиянием как русского, так украинского и белорусского этносов. Моделью такой популяции может являться популяция Белгородской области, территориально расположенная на границе России и Украины.

Для определения места популяций Белгородской области в системе восточнославянского генофонда мы изучили генетические взаимоотношения между коренными русскими и украинскими жителями Белгородской области, коренным украинским населением Львовской и Хмельницкой областей, коренным белорусским населением Витебской области и «среднерусской» популяцией по данным об аутосомном ДНК полиморфизме.

В качестве объектов исследования были выбраны Прохоровский, Красненский, Грайворонский и Красногвардейский районы Белгородской области. Грайворонский и Красногвардейский районы – являются исторически сложившимися местами поселения и проживания украинцев Два других района – Прохоровский и Красненский – представляют две русских популяции. Львовская и Хмельницкая область географически близки, их население относится к разным антропологическим вариантам. Изученная популяция Львовской области относится к западному украинскому антропологическому варианту, а популяция Хмельницкой области – к центральному [1, 4]. Общий объем выборки составил 619 человека. Из которых 298 коренных русских, проживающих в Прохоровском (146 человек) и Красненском районах (152 человека) Белгородской области; 84 коренных украинцев Красногвардейского (42 человека) и Грайворонского (42 человека) районов Белгородской области; 238 коренных жителей Украины (137 жителей Хмельницкой и 101 жителей Львовской областей) и 100 коренных жителей Белоруссии. Изучалось распределение 23 аллелей 8 аутосомных ДНК маркеров. Среди них два диаллельных локуса и шесть мультиаллельных. Диаллельные маркеры представлены инсерционно-делеционным полиморфизмом генов ACE (ангиотензин-



превращающий фермент) и CCR5 (ген хемокинового рецептора). Мультиаллельные маркеры представлены VNTR-полиморфными участками генов eNOS (эндотелиальной синтазы окиси азота), DAT1 (переносчик дофамина), hSERT (серотониновый транспортер), D1S80, VNTR-PAH (фенилаланингидроксилаза) и ApoB (аполипопротеин B). Данные о частотах генов были представлены ранее [7].

Генетические расстояния между популяциями была рассчитаны с помощью программы D-J genetic (версия 0,03 beta), разработанной Ю.А. Серегиным и Е.В. Балановской в ГУ МГНЦ РАМН. При расчете расстояний использовали общепринятый в популяционно-генетических исследованиях метод сравнения популяций по частотам аллелей полиморфных маркеров по М. Nei [9].

Сначала вычисляли генетическое сходство  $I$ :

$$I = \frac{(2n-1) \sum_l \sum_u p_{lu1} p_{lu2}}{\sqrt{\sum_l (2n \sum_u p_{lu1}^2 - 1)} \sqrt{\sum_l (2n \sum_u p_{lu2}^2 - 1)}}$$

где  $p_{lu}$  – частоты аллеля  $u$  локуса  $l$ , индексы 1 и 2 относятся к первой и второй популяциям соответственно, введена поправка на непрерывность  $(2n-1)$ . Генетическое расстояние по М. Nei равно:

$$D = -\ln I [9]$$

Полученные матрицы генетических расстояний явились исходным материалом для проведения кластерного анализа и многомерного шкалирования.

Кластеризация осуществлялась посредством иерархической агломеративной процедуры, характеризующейся пошаговым объединением кластеров и постепенным их укрупнением. Среди различных приемов, применяющихся для построения дендрограмм, нами были выбраны метод минимальной внутригрупповой дисперсии (алгоритм Уорда) и метод средней связи [4]. В работе приведены дендрограммы, соответствующие результатам, полученным и другими методами многомерного анализа: многомерного шкалирования и факторного анализа.

В качестве альтернативного кластерному анализу на основании матриц генетических расстояний был применен метод многомерного шкалирования. Целью данного метода являлось получение графика, который в пространстве небольшого числа измерений наглядно демонстрировал бы взаимное расположение изучаемых популяций в соответствии со значениями показателей их близости. В результате был построен график, на котором визуальное наблюдаемое расстояния между точками, т.е. изученными популяциями, максимально сходны с реальными расстояниями, полученными по значениям признаков. В методике многомерного шкалирования применяется мера близости между эмпирическими и визуальными расстояниями, показывающая соответствие вторых первым [4]. В качестве оценочных ориентиров в этой связи нами были использованы показатель стресса ( $S_0$ ) и коэффициент отчужденности или алиенации ( $K_0$ ), значения которых будут тем меньше, чем лучше соответствие между визуальными и эмпирическими расстояниями. Успешным признавали шкалирование при финальной величине  $S_0$ , не превышающей критического порога в 0,10 ( $S_0 \leq 0,10$ ). Другим показателем, позволившем наглядно контролировать качество проведенного многомерного шкалирования, была кривая Шепарда. Она представляет собой график корреляционного поля, где на одной оси откладываются значения эмпирических расстояний, на другой – величины визуальных расстояний.

На основе корреляционной матрицы проводили факторный анализ по методу главных компонент. Для определения количества полученных значимых главных факторов применяли критерий Кайзера, который позволяет включать в рассмотрение главные факторы с собственными числами (дисперсиями) большими 1 и критерий отсеивания Кеттела, согласно которого включение главных компонент в рассмотрение завершается той из них, собственное число которой начинает прямолинейный пологий участок графика всех полученных собственных чисел [4]. Таким образом, число информативных новых переменных, которые подвергались дальнейшему анализу, уменьшалось до двух-трех. Для интерпретации главных факторов использовали собственные векторы, представленные в виде нагрузок – коэффициентов корреляции исходных признаков с главными факторами, таким образом получали матрицу факторного отображения. Для ее наглядного представления данные изображали в графическом виде. Результатом этого являлось расположение изученных популяций в 2-3 мерном пространстве выявленных значимых главных факторов.

На основе данных о частотах 23 аллелей 8 аутосомных ДНК локусов [7], построена матрица генетических расстояний, представленная в табл. 1.

С использованием матрицы генетических расстояний проведен кластерный анализ, построена дендрограмма по методу Уорда (рис. 1.).



Таблица 1  
**Матрица генетических расстояний между русскими и украинцами Белгородской области, белорусами, украинцами и «среднерусской» популяцией**

Популяции	Русские Белгородской области	Украинцы Белгородской области	Белорусы Витебской области	Украинцы Львовской области	Украинцы Хмельницкой области	«Среднерусская» популяция
Русские Белгородской области	0.000	0.011	0.006	0.005	0.007	0.003
Украинцы Белгородской области	0.011	0.000	0.017	0.010	0.014	0.007
Белорусы Витебской области	0.006	0.017	0.000	0.011	0.009	0.004
Украинцы Львовской области	0.005	0.010	0.011	0.000	0.012	0.006
Украинцы Хмельницкой области	0.007	0.014	0.009	0.012	0.000	0.005
«Среднерусская» популяция	0.003	0.007	0.004	0.006	0.005	0.000
Средние генетические расстояния	0.006	0.012	0.009	0.010	0.009	0.005

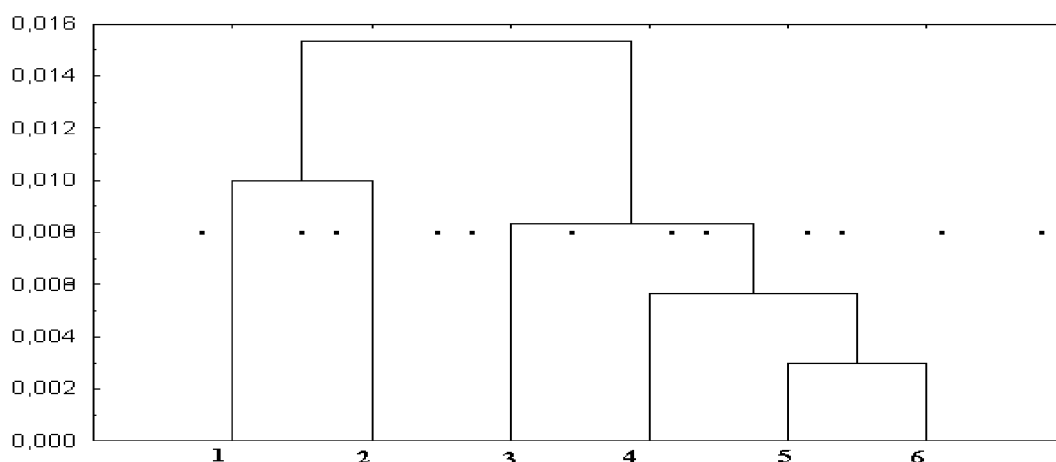


Рис. 1. Дендрограмма генетических взаимоотношений русских и украинцев Белгородской области с популяциями белорусов, украинцев и «среднерусской» популяцией (построена методом Уорда)  
 1 – украинцы Львовской области, 2 – украинцы Белгородской области, 3 – украинцы Хмельницкой области, 4 – украинцы Витебской области, 5 – «Среднерусская» популяция, 6 – русские Белгородской области

Анализ дендрограммы показал, что русские Белгородской области объединяются в один кластер со «среднерусской» популяцией ( $d=0.003$ ). Далее на уровне  $d=0.005 - 0.008$  к ним присоединяются белорусы Витебской области и украинцы Хмельницкой области, а украинцы Белгородской области формируют отдельный кластер с украинцами Львовской области ( $d=0.010$ ).

При проведении многомерного шкалирования получен график взаимного расположения исследуемых популяций в трехмерном пространстве, представленный на рис. Коэффициент стресса данного графика равен  $S_0 = 0$ , кривая Шепарда удовлетворительная, что позволяет считать приемлемыми результаты многомерного шкалирования. Как и на дендрограмме, на данном графике видно, что в трехмерном пространстве русские Белгородской области образуют общий кластер со «среднерусской» популяцией, а украинцы Белгородской области объединяются с украинцами Львовской области.

В результате проведения факторного анализа по методу главных компонент было выделено три значимых главных фактора с суммарным вкладом в общую дисперсию признака 85%. Первый (40%), второй (28%) и третий (17%) главные факторы имеют максимальный вклад в общую дисперсию признака. График расположения изученных популяций в пространстве трех главных факторов представлен на рис. 2.

Следует отметить, что результаты кластерного анализа, многомерного шкалирования и факторного анализа полностью совпадают. На рис. 3 можно выделить две четко дифференцирующиеся группировки изучаемых популяций.



Рис. 2. График трехмерного шкалирования, отражающий расположение в пространстве популяций Белгородской области с популяциями белорусов, украинцев и «среднерусской» популяцией



Рис. 3. Расположение в пространстве трех главных факторов популяций Белгородской области с популяциями белорусов, украинцев и «среднерусской» популяцией

Таким образом, в результате изучения положения популяций Белгородской области в системе восточнославянского генофонда установлено, что минимальные генетические расстояния русские Белгородской области имеют со «среднерусской» популяцией. Украинцы Белгородской области дифференцируются в отдельный кластер с украинцами Львовской области. Следует отметить, что полученные нами с использованием аутосомных ДНК маркеров данные о генетических соотношениях рассмотренных восточнославянских популяций согласуются с результатами иссле-

дований этих же популяций по иммуно-биохимическим маркерам, проведенными ранее И.Н. Лепендиной и др [5-6]. По данным о частотах 21 аллеля 8 биохимических маркеров генов И.Н. Лепендина и др установили, что Львовская популяция генетически ближе всего к географически удаленной белгородской популяции, чем к соседним украинцам Хмельницкой области. Полученные данные могут свидетельствовать о различной соотносительной роли разных территориальных групп украинцев в формировании населения Белгородской области, что подтверждается и литературными данными по истории заселения территории белгородчины [2, 3]. Известные исторические факты [2] свидетельствуют о более значимом и существенном влиянии наряду с русскими и украинцев на формирование белгородской популяции по сравнению с белорусами. Так, массовый переход украинцев в пределы современной территории Белгородской области начался во второй половине XVI в (рис. 4).



Рис. 4. Миграционные потоки в Белгородскую губернию в 17 в. русских (пунктирная стрелка) и украинцев (сплошная стрелка)

В 1670 годах украинцы основали слободу Грайвороны (позднее город Грайворон). Среди них преобладали переселенцы из Правобережной Украины (Жаботина, Белой Церкви, Гадяча, Корсуни, Умани). Немало переселенцев было из соседних Сум, Ахтырки, Ворожбы, Суджи, Богодухова, Бакалеи. В конце XVII – нач. XVIII вв. появился крупный массив украинских селений на юго-востоке – в бассейнах Валуга, Айдара и Тихой Сосны (современные Валуйки, Ровеньской, Красногвардейский р-ны) [2, 3].

Таким образом, в результате проведенного исследования аутосомного ДНК полиморфизма среди населения Белгородской области и в популяциях Украины и Белоруссии, выявлены особенности генетических характеристик данных популяций. Установлено своеобразие генетической дифференциации белгородской популяции как в русском, так и в восточнославянском генофондах, которое может быть связано с историческими особенностями формирования населения Белгородской области в XVII – XVIII вв.

*Работа выполнена при финансовой поддержке ФЦП «научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009-2013гг. (Госконтракт Р-1300 «Изучение генетического разнообразия населения Центрального Черноземья России»)*



### Литература

1. Балановская, Е.В. Русский генофонд. Взгляд в прошлое / [Е.В. Балановская, О.П. Балановский]; М.: Луч, 2006.
2. Белгородоведение: Учебник для общеобразовательных учреждений / Под ред. В.А. Шаповалова. – Белгород, 2002. – 410 с.
3. География Белгородской области/ Под ред. Г.Н. Григорьева. – БелГУ, 1996. – 144 с.
4. Дерябин, В.Е. Многомерные биометрические методы для антропологов. М.: ВИНТИ, 2001. С.105-265.
5. Лепендина И.Н., Балановская Е.В., Чурносов М.И. Генофонд населения Белгородской области. Распределение иммунобиохимических маркеров генов // Генетика.- 2008.-т . 44, № 4. – с. 543 – 557
6. Лепендина И.Н., Чурносов М.И., Артаментова Л.А., Ищук М.А., Тегак О.В., Тегак Л.И., Балановская Е.В. Генофонд населения Белгородской области. Изучение биохимических маркеров генов в популяциях Украины, Белоруссии и положение белгородской популяции в системе восточнославянского генофонда // Генетика.- 2008.-т . 44, № 4. – с. 548 – 569.
7. Рудых, Н.А. Аутомный ДНК-полиморфизм населения Центрального Черноземья России // Медицинский академический журнал. – 2010. – т 10, №5. – С. 62-63.
8. Чурносов М.И., Песик В.Ю., Рудых Н.А., Сорокина И.Н., Цапкова Л.А., Вацилин В.С., Лепендина И.Н., Аристова И.К., Жерлицына М.С., Балановская Е.В. Материалы по изучению структуры генофонда русского населения Центральной России // Медицинская генетика. – 2005. – т.4, №6. – С.289.
9. Nei, M. Molecular evolutionary genetics/ New York: Columbia Univ. Press. 1987.

## GENETIC RELATIONSHIP WITH POPULATIONS OF BELGOROD REGION EAST SLAVS

**N.A. RUDYKH**  
**V.I. EVDOKIMOV**  
**I.K. ARISTOVA**

*Belgorod National  
Research University*

*e-mail:rudykh@bsu.edu.ru*

The paper presents the status of populations of the Belgorod region in eastern Slavic gene pool system according to an autosomal DNA polymorphism. Using cluster analysis, multidimensional scaling revealed that the minimum genetic distances that Russians of Belgorod region have with the "Central Russian" population. Ukrainians of Belgorod region differentiates into a separate cluster with Ukrainians in Lviv region.

Keywords: autosomal DNA polymorphism, the gene pool of the population, factor analysis, genetic distances.