Коренное население Удмуртии в генетическом пространстве финно-угорских и других окружающих народов

Впервые генофонд коренных народов Удмуртии (пять популяций удмуртов и бесермян) исследован по обширной полногеномной панели ДНК-маркеров в широком контексте всех финно-угорских и окружающих народов. Анализ ADMIXTURE выявил особую «удмуртскую» предковую компоненту, составляющую почти 100% геномов удмуртов и основную часть геномов бесермян. По данным трех независимых методов анализа обнаружено наибольшее генетическое сходство удмуртов и бесермян с коми-пермяками, далее по степени близости генофондов следуют марийцы, чуваши, башкиры и татары Поволжья. По частотам 45 фармакогенетически значимых генетических вариантов охарактеризован фармакогенетический статус населения Удмуртии, он оказался близок к таковому коренного населения Поволжья, Приуралья и Южного Урала, но не более отдаленных регионов. В пределах этой территории можно пользоваться едиными протоколами при развитии персонифицированной медицины.

Коренные народы Удмуртии — удмурты и бесермяне — ранее изучалось как по Y-хромосомному и митохондриальному, так и по аутосомному генофонду, но выводы об их генетической истории или отсутствуют, или основаны на анализе небольшого числа генетических вариантов. Предварительные данные подводят к необходимости детального исследования аутосомного генофонда удмуртов и бесермян по широкогеномным панелям ДНК- маркеров. Это было сделано коллективом лаборатории популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра под руководством профессора Е.В.Балановской и профессора РАН О.П.Балановского в сотрудничестве с Институтом общей генетики РАН, Казанским федеральным университетом, и Удмуртским федеральным исследовательским центром, статья опубликована в журнале «Ежегодник финно-угорских исследований». Задача исследования – оценить, какое положение занимают удмурты и бесермяне среди народов финно-угорского мира и окружающих славянских и тюркских народов. Кроме того авторы впервые охарактеризовали фармакогенетический статус удмуртов и бесермян по частотам генетических вариантов, ассоциированных с действием лекарств.

Формирование удмуртского народа восходит к пермской прародине в Пермско-Сарапульском Прикамье, удмуртский язык происходит из пермского праязыка. Распад прапермской общности (в начале II тыс. н.э.) связан с появлением в нижнем Прикамье (не позднее IX в.) булгар, и именно в пределах Волжской Булгарии, по-видимому, происходило становление удмуртского народа и языка. В ходе взаимодействия предков удмуртов с булгарами в XI-XV вв. произошло формирование этнической группы бесермян, в культуре которой велико тюркское влияние. Важным этапом в этнической истории удмуртов и бесермян стало противоборство Русского государства и Казанского ханства во второй половине XV в., оно привело к возникновению двух этнографических групп удмуртов (южной и северной) и полной смене ареала бесермян. По данным переписи 1926 года у значительной части бесермян произошла смена и этнической самоидентификации – они записывались в число удмуртов.

В основную выборку для исследования вошли геномы 28 удмуртов и бесермян. Они представляли две популяции бесермян: восточную и западную, и три популяции удмуртов: исторически сложившуюся северную и южную, подразделенную, в свою очередь, на восточную и центральную. В анализ были включены все финно-угорские народы России (от саамов и ижоры на западе до обских угров на востоке) и некоторые зарубежные (венгры, финны и эстонцы). Финно-угорские народы рассматривали в широком контексте окружающих народов – тюркоязычных, славянских, балтоязычных и самодийцев.

Основным методом анализа стал ADMIXTURE, который дает оценку вклада разных предковых компонент в каждый индивидуальный геном при заданном числе предковых компонент k. В данном случае для анализа 728 геномов из популяций всего населения европейской части России и Урала его провели 14 раз, от k=2 до k=15.

Начиная с уровня k=4, на графике ADMIXTURE отчетливо проявляется специфическая «удмуртская» компонента, которая составляет почти 100% в геномах всех удмуртов и бесермян. В других популяциях эта компонента встречается лишь у ближайших соседей удмуртов. А именно, при k=5 «удмуртская» компонента составляет половину генофонда коми-пермяков и пятую часть генофонда коми-зырян, у башкир и татар занимает десятую часть генофонда, у остальных народов практически отсутствует. Авторы подчеркивают, что вклад «удмуртской» компоненты в генофонд коми-пермяков не только велик (в среднем около половины генофонда), но и стабилен: ни у одного индивида не ниже трети и не выше двух третей генома. Такая стабильность, выявленная для геномов всех пяти популяций коми-пермяков, указывает на общий для них мощный генетический пласт, роднящий их с удмуртами и бесермянами. У коми-зырян этот генетический пласт тоньше, но тоже стабилен, варьируя по индивидуальным геномам от 17% до 24%.

В генофондах тюрских народов — башкир и татар, вклад «удмуртской» компоненты, хотя и невелик (10%), но тоже стабилен. Авторы отмечают, что при предыдущих исследованиях этих народов постоянно фиксировался значительный вклад дотюркского населения в их генофонды, и он мог быть получен от коренного населения Урала, от народов пермской языковой

группы. Ассимиляция тюрками южнопермского (древнеудмуртского) населения происходила в ходе формирования кыпчакоязычных народов Поволжья и Приуралья в XIII-XVI веках.

При числе предковых компонент k=6 «удмуртская» предковая компонента становится в равной степени и «марийской» (составляя практически весь их генофонд). Она образует три четверти генофонда чувашей, 40% генофонда коми-пермяков, четверть генофонда татар и башкир. При этом у бесермян «удмуртская» предковая компонента снижается до трех четвертей генофонда за счет проявления «беломорской» предковой компоненты, которая составляет практически весь генофонд Русского Севера (Архангельской области) и три четверти геномов коми-зырян. При большем числе компонент (k=7-15) и у марийцев, и у чувашей появляется собственная общая предковая компонента, составляя основную часть их генофондов.

Эти результаты позволяют авторам выдвинуть гипотезу, что сходство популяций Удмуртии, марийцев и чувашей отражает наиболее древний генетический пласт, возможно, сформировавшийся до того, как эти народы приобрели лингвистическое своеобразие. Вероятно, он образован группами населения западной периферии пермской прародины, населявшими бассейн Вятки и ассимилированных в начале II тыс. н. э. марийцами, удмуртами и чувашами.

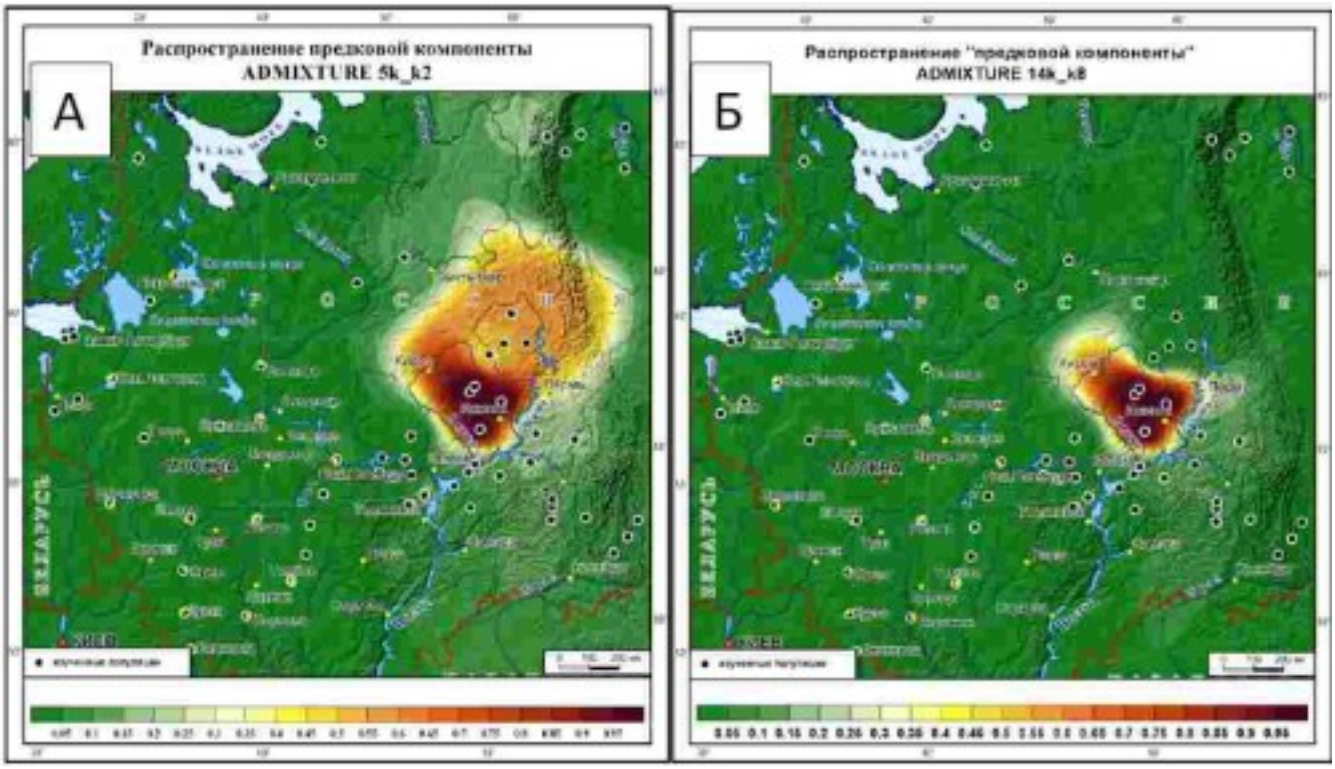

Рис. 1. Распространение условно «удмуртской» предковой компоненты ADMIXTURE: А — при k=5 предковых компонент; Б — при k=14 предковых компонент Обозначения: высокие значения предковой компоненты обозначены красно-коричневыми тонами, низкие – зелеными, шкала переходов приведена в легенде под картой; изученные популяции обозначены черными кружками.

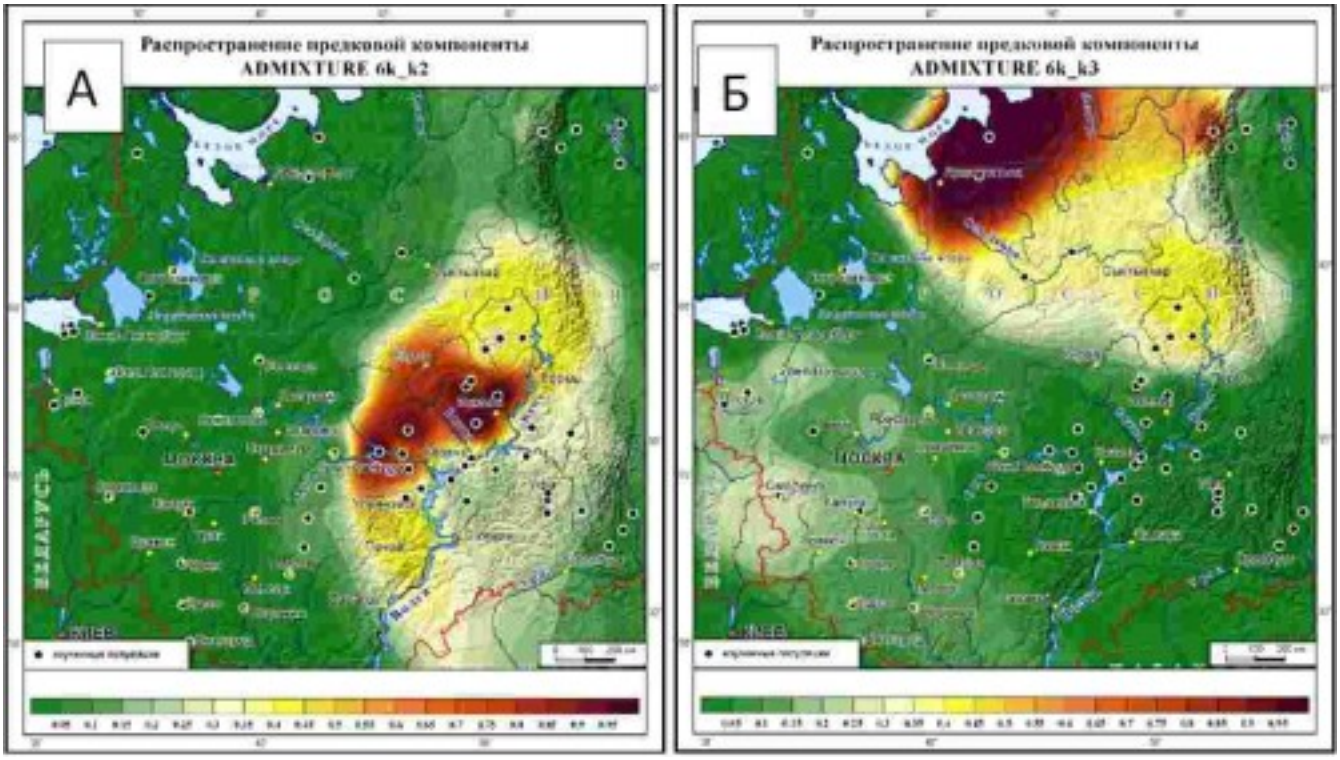

Рис. 2. Распространение предковых компонент ADMIXTURE при k=6: А — условно «удмуртской», Б — условно «беломорской». Обозначения: высокие значения предковой компоненты обозначены красно-коричневыми тонами, низкие – зелеными, шкала переходов приведена в легенде под картой; изученные популяции обозначены черными кружками.

Анализ продолжили методом расчета генетических расстояний (F_{ST}) между популяциями. Он показал, прежде всего, высокую гомогенность самих удмуртов. Из остальных народов наиболее близкими к удмуртам и бесермянам оказались коми-пермяки и все изученные тюркоязычные популяции: башкиры, татары и чуваши. Следующую по близости группу составили марийцы, карелы, популяции Мордовии, русские и украинцы. Еще более удалена от удмуртов группа, в которую вошли коми-зыряне, вепсы, ижора и балтоязычные литовцы. Среди наиболее генетически далеких от удмуртов популяций оказались и западные (водь, саамы), и восточные (ханты, манси, ненцы) уралоязычные народы.

В анализ главных компонент были включены также эстонцы, финны и венгры. Наиболее близки к удмуртам и бесермянам (особенно к бесермянам) снова оказались коми-пермяки. На втором месте по степени сходства с генофондами бесермян и удмуртов – геномы марийцев.

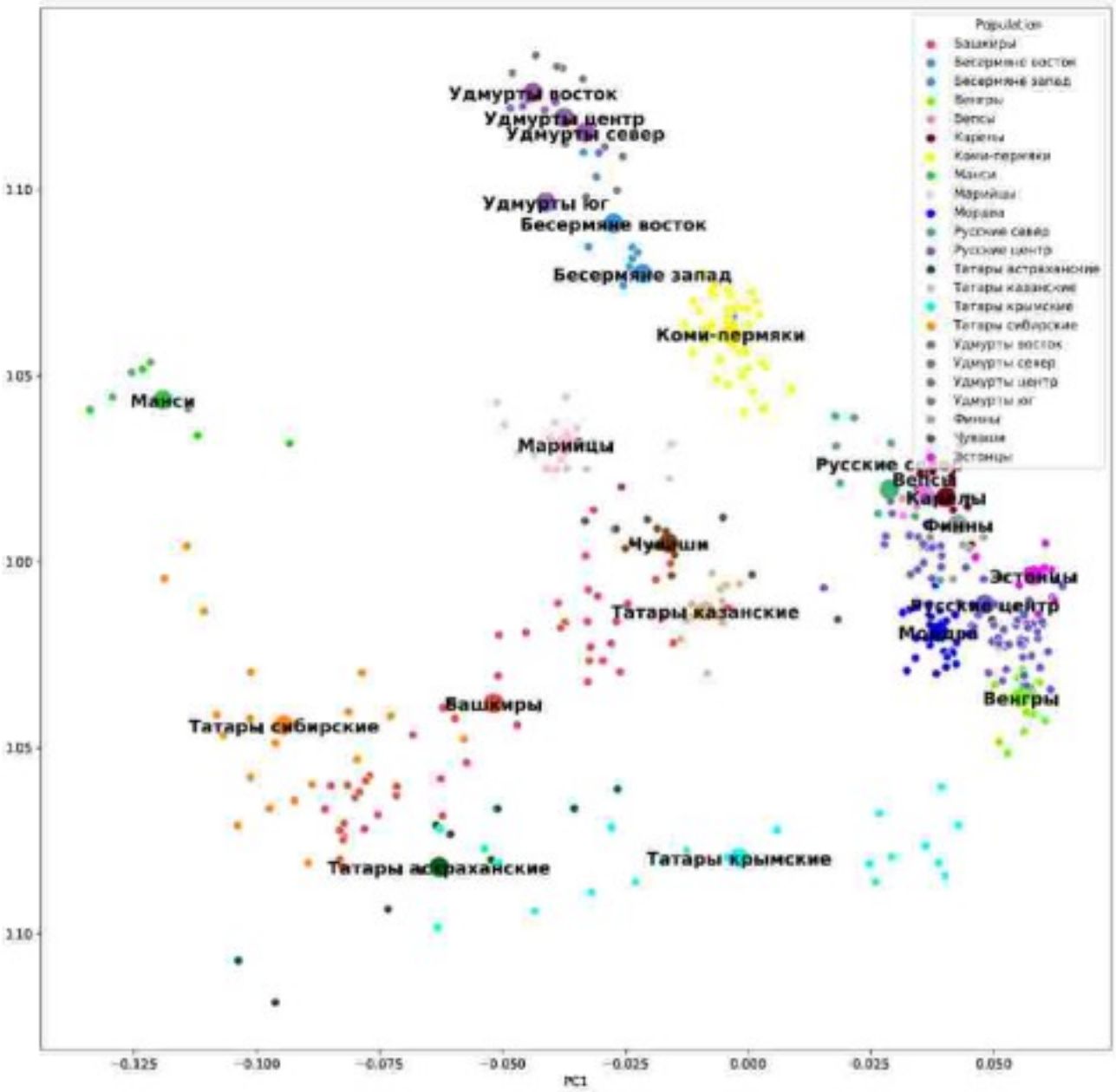

Рис. 3. Положение геномов удмуртов и бесермян в генетическом пространстве 1 и 2 главных компонент финно-угорских и других народов Европы. Обозначения: каждый индивидуальный геном обозначен отдельной точкой; усредненное положение популяции показано большим кругом; цветовой обозначение кругов приведено в легенде.

Итак, сравнение результатов анализа тремя независимыми методами – предковых компонент ADMIXTURE, генетических расстояний F_{ST} и главных компонент PCA – показывает, что по геномным данным удмурты обнаруживают наибольшее сходство с коми-пермяками. Второй круг генетического сходства включает марийцев и уральских тюрков. Хотя при анализе разными методами их вклад оценивается различно, в наиболее общем виде можно очертить такую последовательность генетического сходства с удмуртами и бесермянами: коми-пермяки, марийцы, чуваши, часть популяций башкир, татары казанские. Эти же закономерности характерны и для генофонда бесермян, при этом бесермяне генетически ближе ко всем перечисленным народам, чем удмурты. Генетическое сходство между удмуртами, бесермянами, коми-пермяками, марийцами и уральскими тюрками особенно ярко проявляется на фоне их генетической отдаленности от остальных финно-угров России (карел, води, ижоры, хантов и манси) и зарубежных стран (финнов, эстонцев, венгров).

Наконец, для оценки фармакогенетического статуса удмуртов и бесермян авторы исследовали в их популяциях частоты 45 фармакогенетически значимых генетических вариантов (ДНК- маркеров). В предыдущей работе этого же коллектива было описано распространение этих генетических вариантов в популяциях России, на основе чего создан первый фармакогенетический атлас для населения России и сопредельных стран. Поскольку исследование выявило своеобразие генофонда удмуртов и бесермян, можно было ожидать, что оно нашло отражение и в своеобразии их фармакогенетического статуса. Частоты 45 фармакогенетических ДНК-маркеров были рассчитаны для объединенной популяции Удмуртии, включившей геномы удмуртов и бесермян. Для каждого ДНК-маркера была построена карта генетических расстояний, а затем

— карта средних по 45 ДНК-маркерам генетических расстояний от коренного населения Удмуртии до популяций России. Она показывает, что ареал наиболее фармакогенетически близких к Удмуртии популяций (зеленые цвета на карте) охватывает в основном коренное население Поволжья и Урала. От него и на запад и особенно на восток тянутся регионы с иным фармакогенетичесим статусом. Эта карта может служить ориентиром для развития персонифицированной медицины: рекомендации, пригодные для Удмуртии, могут годиться для коренного населения Поволжья, Приуралья и Южного Урала, но не более отдаленных регионов.

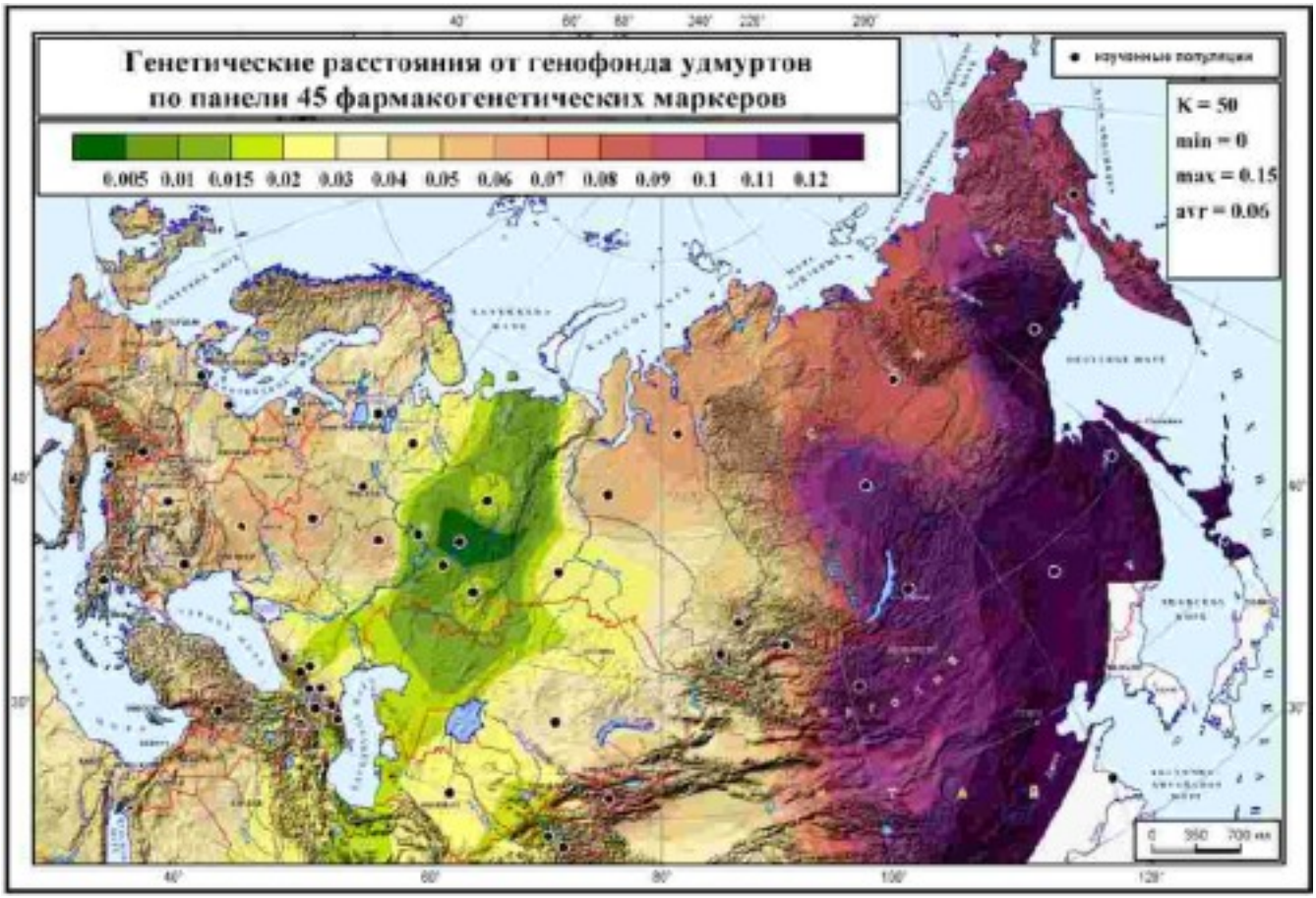

Рис. 4. Карта средних генетических расстояний от популяции коренного населения Удмуртии до популяций Северной Евразии. Обозначения: минимальные генетические расстояния (близость к генофонду Удмуртии) обозначены зелеными тонами; максимальные генетические расстояния (несходство с генофондом Удмуртии) обозначены красно-фиолетовыми тонами, шкала переходов приведена в легенде над картой; изученные популяции обозначены черными кружками.

Источник:

Балановская Е.В., Напольских В.В., Чураков В.С., Пислегин Н.В., Записецкая Ю.С., Черневский Д.К., Балановский О.П. Генофонды удмуртов и бесермян в контексте финно-угорских и других окружающих народов: полногеномные и фармакогенетические данные // Ежегодник финно-угорских исследований, 2022, Т.16, №2, DOI: 10.35634/2224-9443-2022-16-2-328-346

Новость на сайте «N+1″

Предковая компонента в геномах удмуртов и бесермян оказалась «удмуртской»