

фектом. Генетическое последствие огнестрельного ранения представляет, таким образом, новую проблему не только для военно-полевой медицины, но для общества и государства.

Полиморфизм митохондриальной ДНК в населении Северного Кавказа в свете генетической связи с сарматским населением Предкавказских степей

С.Ю. Рычко, О.Ю. Наумова, И.Ю. Морозова
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, 119991 Москва,
ул. Губкина 3, тел. (095)135.4219, Fax (095)132.8962,
E-mail rychko@vigg.ru

За последние два десятилетия исследования полиморфизма митохондриальной ДНК (мтДНК) в популяциях человека показали успешность и высокую информативность использования этого инструмента в решении популяционно-генетических, этногенетических и даже исторических вопросов. Этому способствуют уникальные особенности мтДНК: во-первых, высокая скорость изменчивости митохондриальной ДНК приводит к высокому уровню полиморфизма мтДНК в популяциях такого молодого вида как человек. Во-вторых, отсутствие рекомбинаций и наследование мтДНК исключительно гаплотипами способствует простоте реконструкции предковых форм – гаплотипов-основателей – наблюдаемого генетического разнообразия. Наследование от одного родителя определяет мтДНК как нейтральный маркер материнской линии, и, наконец, многокопийность мтДНК обуславливает длительную ее сохранность в ископаемых костных останках. Последнее обстоятельство позволяет исследовать древнее население, след которого фиксируется ныне лишь в археологических памятниках, в палеоантропологических останках.

Кавказ, учитывая его геополитическое положение на стыке Европы и Азии, сложный многоуровневый ландшафт и многообразие этнического состава его населения, представ-

ляет собой уникальный регион для изучения генетики этносов. Одним из ключевых вопросов в исследовании сформировавшегося генетического разнообразия народонаселения Кавказа является проблема многовековых контактов кавказских народов с последовательно сменявшимся населением Прикавказских степей. Одними из древних и продолжительных соседей населения Северного Кавказа являлись населявшие донские степи на протяжении семи веков (с III в. до н. э. по IV в. н. э.) сарматы. Основная задача настоящего исследования – оценить генетический вклад сарматского населения в формирование современного северокавказского народонаселения, учитывая многочисленные археологические данные, свидетельствующие о тесных культурных взаимосвязях сармат с горскими племенами.

Для решения этой задачи в работе был изучен полиморфизм мтДНК у трех северокавказских народов, представителей основных лингвистических групп – абхазо-адыгской (кабардинцы), нахско-дагестанской (чеченцы), и иранской (осетины), на общей выборке 154 человека; по материалам могильника Новый в Ростовской области (раскопки Л. С. Ильюкова, 1982-1983 гг., [1]) изучен полиморфизм митохондриальной ДНК сарматского населения (I в. до н. э.). Изучался полиморфизм сайтов рестрикции в главной некодирующей области мтДНК, наиболее соответствующей условиям селективной нейтральности эволюции и, как следствие, позволяющей максимально приблизиться к цели исследования – исторической, а не адаптационной, компоненте формирования генетического разнообразия.

В работе использовались методы выделения тотальной ДНК из образцов крови [2], выделения ДНК из ископаемых костных останков [3,4], амплификации фрагментов ДНК в полимеразной цепной реакции [5]. Изучался полиморфизм сайтов рестрикции семи рестриктирующих эндонуклеаз: *Ava* II, *Bam*H I, *Eco*R V, *Hae* III, *Kpn* I, *Sau*3A I и *Rsa* I в участке 16081-16545 мтДНК, согласно стандартной последовательности [6]. Разделение рестрикционных фрагментов ДНК

проводились в 4-7% ПААГ, окрашенных бромистым этидием, с последующей оценкой полиморфизма длин рестрикционных фрагментов в УФ.

Таблица 1.

Структура и частоты гаплотипов мтДНК в трех современных популяциях Северного Кавказа и в древней сарматской популяции

№	Структура гаплотипа*	Сарматы (N=19)	Чеченцы (N=19)	Кабардинцы N=28	Сетины (N=88)
1		.368	.158	.286	.273
2	<i>Hae III</i> 16517 (+)	.368	.211	.214	.307
3	<i>Kpn I</i> 16129 (-)	.053	.105	.036	.045
4	<i>Rsa I</i> 16310 (-)	.053	.053	.143	.034
5	<i>Rsa I</i> 16303 (-)	.053	0	.023	0
6	<i>Kpn I</i> 16129 (-), <i>Hae III</i> 16254 (+), <i>Rsa I</i> 16303 (-), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	.053	0	0	0
7	<i>Rsa I</i> 16164 (+), <i>Rsa I</i> 16208 (-)	.053	0	0	0
8	<i>Hae III</i> 16517 (+), <i>Rsa I</i> 16125 (-)	0	.158	.036	0
9	<i>EcoR V</i> 16274 (+), <i>Hae III</i> 16517 (+)	0	.053	.036	.057
10	<i>Kpn I</i> 16129 (-), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	0	.053	0	0
11	<i>Rsa I</i> 16208 (-)	0	.053	0	0
12	<i>Ava II</i> 16390 (-), <i>BamH I</i> 16389 (+), <i>Kpn I</i> 16129 (-), <i>Hae III</i> 16517 (+)	0	.053	0	.023
13	<i>EcoR V</i> 16274 (+), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	0	.053	0	0
14	<i>Kpn I</i> 16129 (-), <i>Hae III</i> 16517 (+)	0	.053	0	.068
15	<i>Rsa I</i> 16125 (-)	0	0	.071	0
16	<i>Hae III</i> 16398 (+), <i>Hae III</i> 16517 (+), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	0	0	.036	.023
17	<i>EcoR V</i> 16274 (+), <i>Kpn I</i> 16129 (-), <i>Hae III</i> 16517 (+)	0	0	.036	.011
18	<i>Kpn I</i> 16129 (-), <i>Hae III</i> 16517 (+), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	0	0	.036	.023
19	<i>EcoR V</i> 16274(+), <i>Hae III</i> 16517 (+), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	0	0	.036	.011
20	<i>Rsa I</i> 16303 (-), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	0	0	.036	0
21	<i>Hae III</i> 16517 (+), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	0	0	0	.023
22	<i>Hae III</i> 16517 (+), <i>Rsa I</i> 16303 (-)	0	0	0	.023
23	<i>Hae III</i> 16398 (+), <i>Rsa I</i> 16303 (-)	0	0	0	.011
24	<i>Hae III</i> 16398 (+), <i>Rsa I</i> 16310 (-)	0	0	0	.023
25	<i>Ava II</i> 16390 (-), <i>Hae III</i> 16398 (+).	0	0	0	.011

26	<i>Ava</i> II 16390 (-), <i>Bam</i> H I 16389 (+), <i>Hae</i> III 16517 (+), <i>Kpn</i> I 16129 (+), <i>Rsa</i> I 16310 (-)	0	0	0	.011
27	<i>Hae</i> III 16398 (+), <i>Hae</i> III 16517 (+)	0	0	0	.011
28	<i>Eco</i> R V 16274 (+), <i>Hae</i> III 16517 (+), <i>Rsa</i> I 16318 (+)	0	0	0	.011

* дана в отличиях от опубликованной последовательности [6]

В изученных образцах было выявлено 19 сайтов из них 13 – полиморфных, маркирующих 28 различных гаплотипических комбинаций или гаплотипов мтДНК, структура и частоты которых приведены в таблице 1. Как видно из таблицы, независимо от величины выборки все изученные группы населения характеризуются единым ядром митохондриальных линий, так на долю первых двух гаплотипов приходится от 36 (у чеченцев), до 74% (у сарматов) общего разнообразия мтДНК (табл.1). Основные различия в гаплотипическом составе популяций наблюдаются в шлейфе редких, обладающих низкой частотой, гаплотипов, число которых возрастает с увеличением выборки (табл. 1, 2).

Обратимся к данным о разнообразии гаплотипов мтДНК в сарматской популяции – четыре из семи выявленных в этой древней группе линий митохондриальной ДНК (85% общего разнообразия) характерны и для всех изученных современных популяций Северного Кавказа (гаплотипы № 1-4, табл. 1). Это свидетельствует о том, что гаплотипические составы генофондов изученного сарматского населения и современных популяций Северного Кавказа коренным образом не различаются.

Важным параметром генофонда популяций, отражающим эволюционно-исторические процессы его формирования, является генетическое разнообразие. В работе был оценен уровень разнообразия митохондриального генофонда исследованных современных и древней популяций. Для оценки внутригруппового разнообразия использовались следующие показатели: 1) H , или гаплотипическое разнообразие в популяции, аналогичное величине гетерозиготности, учитываю-

щее частоты гаплотипов в популяции [7]; 2) s , или среднее число нуклеотидных различий между гаплотипами без учета их частот в популяции, отражающее качественный состав линий мтДНК в популяции, степень “близкородственности” гаплотипов; 3) мера генетического полиморфизма мтДНК – d_x , или внутривнутрипопуляционное нуклеотидное разнообразие [8].

Таблица 2.

Внутрипопуляционное гаплотипическое и нуклеотидное разнообразие мтДНК в современных популяциях Северного Кавказа и в древней сарматской популяции

Популяция	Размер выборки	Число гаплотипов	Внутрипопуляционное разнообразие		
			n	s	d_x
Сарматы	19	7	.754	2.57	.022
Чеченцы	19	11	.924	2.62	.032
Кабардинцы	28	13	.867	2.56	.027
Осетины	88	19	.826	2.99	.028

Уровень разнообразия мтДНК в древней сарматской популяции по всем привлеченным показателям оказался самым низким, либо близким к минимальному среди современных северокавказских групп (табл. 2). Рассмотрим величины оценок разнообразия в современных кавказских популяциях (табл. 2). Индекс d_x , учитывающий степень сходства гаплотипов и частоты их распространения, представляет вероятностное количество нуклеотидных различий между индивидуальными последовательностями мтДНК в популяции. Этот показатель указывает на то, что наиболее высоким уровнем общего разнообразия мтДНК отличается чеченская группа, наименьшим – кабардинская, а популяция осетин занимает промежуточное положение. Привлечение других показателей разнообразия (табл. 2) предоставляет возможность прочесть

эти величины следующим образом: кабардинская группа является наименее гетерогенной в ряду сравниваемых современных популяций, а несомые ею типы мтДНК – наиболее близкородственны. Осетины характеризуются большим разнообразием линий мтДНК ($s =$ максимальной величине), не имеющим, однако, в массе своей широкого распространения (низкое значение H); одной из причин такого явления можно предположить недавнее проникновение извне большого ряда гаплотипов в генофонд осетин. Наиболее гетерогенной из трех современных групп выступает чеченская популяция, максимальная величина оценки H и высокая s позволяет предположить, что матрилинейная часть генофонда этого этноса является более многокомпонентной в сравнении с кабардинцами и осетинами.

Таблица 3.

Оценки генетических расстояний ($d \times 100$) для изученных популяций Северного Кавказа и древней сарматской популяции

	Сарматы	Чеченцы	Кабардинцы
Чеченцы	.241		
Кабардинцы	.172	.101	
Осетины	.108	.119	.081

Истоки наблюдаемой картины разнообразия мтДНК, а именно не кодирующего ее участка, в изученных популяциях, разумеется, следует искать в истории их формирования. Археологические находки на Дону и Северном Кавказе свидетельствуют о тесных контактах степных кочевых племен сармат с северокавказским населением [9]. В какой мере контакты культурные могли быть сопряжены со взаимопроникновением генов, позволят оценить генетические расстояния сармат до современных этносов Кавказа. В таблице 3 представлены величины генетических расстояний, полученные для изученных древней сарматской и трех современных северокавказских популяций методом предложенным Неем с соавт. [8].

В треугольнике величин расстояний для современных популяций отмечается наиболее тесная связь пары осетины-кабардинцы (табл. 3). В историческом контексте такое сближение популяций может найти объяснение: так, на протяжении трехсот лет (с XV по XVIII вв.) северные территории Осетии являлись частью кабардинских княжеств. Древняя сарматская популяция проявляет наибольшую генетическую близость к северным осетинам и значительно удалена от кабардинцев и, в особенности, от чеченцев. Возможно, последние, будучи жителями гор вплоть до XV – XVI веков, практически не испытывали на себе влияние степных сарматских племен. Таким образом, результаты исследования позволяют предполагать высокую долю не только лингвистического (осетины – единственный ирано-язычный этнос на Северном Кавказе), но и генетического сарматского наследия в осетинском этносе.

В данной работе, представляющей результаты первого этапа исследования, рассматривается лишь один из исторических этапов – рубеж новой эры, и одно географическое направление процесса взаимодействия населения Северный Кавказ – степь. Проводимое коллективом исследование полиморфизма митохондриальной ДНК современного народонаселения Кавказа в целом, древних популяций автохтонного кавказского населения позволит оценить вес различных генетических компонентов – “степного” и “собственно горского” в наблюдаемой сегодня картине генетического разнообразия народонаселения региона.

Работа выполнена при поддержке Российского фонда фундаментальных исследований.

Литература

- Ильюков Л. С., Власкин М. В. Сарматы междуречья Сала и Маныча. Ростов-на-Дону: РГУ. 1992. 288 с.
- Maniatis T., Fritsch E. E., Sambrook J. Molecular cloning: A Laboratory Manual. N. J.: Cold spring Harbor Lab., 1982.
- Hanni C., Laudet V., Sakka M. et al. Amplification de fragments

d'ADN mitochondrial a partir de dents et d'os humains anciens // Compt. Ren. Acad. Sci Paris. 1990. V. 310. P. 365-370.

Paabo S. Ancient DNA: Extraction, characterization, molecular cloning and enzymatic amplification // Proc. Natl Acad. Sci. USA. 1989. V. 86. № 6. P. 1939-1943

Innis M., Gelfand d., Sninsky J., White T. PCR protocols. San Diego California: Acad. Press, Inc., 1990. 482 T.

Anderson S., Bankier A. T., Barrell B. G. et al. Sequence and organisation of the mitochondrial genome // Nature. 1981. V. 290. P. 457-465.

Nei M., Tajima F. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases // Genetics. 1981. V. 97. 145-163.

Nei M., Li W-H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases // Proc. Natl. Acad. Sci. USA 1979. V. 76. P. 5269-5273.

Степи европейской части СССР в скифо-сарматское время. Под ред. Рыбакова Б. А. М: Наука. 1989. 463 с.

Абхазия как среда обитания низших приматов

Н.Э. Хашиг, В.С. Баркая, З.А. Джемилев

Институт Экспериментальной патологии и терапии АНА, Сухум

Природа Абхазии отличается своим разнообразием и богатством. Здесь насчитывается более 2000 видов растений, из них 1700 из различных регионов мира было акклиматизировано в Абхазии. Разнообразна и фауна. В лесах обитают: косуля, олень, тур, серна. Акклиматизировались и хорошо размножаются нутрия, ондатра, алтайская белка, черно-бурая лиса. Сравнительно недавно Абхазия стала средой обитания и для обезьян.

Обезьяны были завезены в Абхазию с целью акклиматизации и использования их в медико-биологических экспериментах. Близость обезьян к человеку по анатомно-физиологическим особенностям, психоэмоциональным харак-