

УДК 575.174:599.9

ПОПУЛЯЦИОННАЯ СТРУКТУРА ПОВОЛЖСКИХ ТАТАР ПО ДАННЫМ О РАЗНООБРАЗИИ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК

© 2011 г. Г. А. Денисова¹, Б. А. Мальярчук¹, М. В. Деренко¹, О. А. Кравцова²

¹ Учреждение Российской академии наук Институт биологических проблем Севера Дальневосточного отделения РАН, Магадан 685000

e-mail: malyarchuk@ibpn.ru

² Казанский государственный университет им. В.И. Ульянова-Ленина кафедра биохимии, Казань 420008

e-mail: okravz@rambler.ru

Поступила в редакцию 01.04.2010 г.

Получены данные об изменчивости митохондриальной ДНК (мтДНК) в двух популяциях поволжских татар, представляющих население Буинского и Азнакаевского районов Республики Татарстан. Сравнительный анализ данных об изменчивости мтДНК в популяциях Восточной Европы показал, что поволжские татары характеризуются низким уровнем межпопуляционной дифференциации ($F_{ST} = 0.33\%$), в то время как уровень межэтнической дифференциации в Восточной Европе составляет 1.8%. Обнаружено генетическое сходство татар восточных районов Татарстана с башкирами, а татар из западных районов с чувашами, с которыми они граничат территориально. Выявлена положительная связь генетической структуры населения Восточной Европы с лингвистической принадлежностью изученных этнических групп.

Предполагается, что поволжские татары произошли от тюркоязычных племен, которые расселились в раннем средневековье на территории Средней Волги и Нижнего Прикамья, включив в свой состав более раннее, видимо, финно-угорское и скифо-сарматское население этих территорий Восточной Европы [1, 2]. Само расположение Поволжья на стыке между Европой и Азией, между степями Юга и лесами Севера, издревле способствовало межэтническим контактам и стало главной причиной большой сложности этнической истории населения этого региона. В антропологическом отношении примерно 80% поволжских татар характеризуются европеоидными признаками и примерно 20% — монголоидными, и в целом они являются представителями субуральского типа [3], хотя, по-видимому, различные территориальные группы поволжских татар могут обладать антропологическим своеобразием вследствие полиморфизма антропологических признаков [4]. Несмотря на то что татары являются вторым по численности народом Российской Федерации, они относятся к числу малоизученных в генетическом отношении групп населения [5–7].

Исследования изменчивости наследуемой по материнской линии митохондриальной ДНК (мтДНК) показали, что среди популяций Волго-Уральского региона поволжские татары характеризуются достаточно высоким уровнем генетического разнообразия и промежуточными частотами (примерно 12%) гаплогрупп мтДНК, характерных для генофондов населения Восточной

Евразии (Сибири, Центральной и Восточной Азии) [5]. Между тем следует отметить, что имеющиеся в литературе данные об изменчивости нуклеотидных последовательностей гипервариабельного сегмента 1 (ГВС1) главной некодирующей области мтДНК были получены у населения только двух районов Республики Татарстан — Альметьевского и Елабужского [5, 6], и поэтому дальнейшие исследования полиморфизма мтДНК в популяциях поволжских татар представляются вполне целесообразными. В настоящей работе нами представлены данные об изменчивости мтДНК (на уровне нуклеотидных последовательностей ГВС1 и отдельных однонуклеотидных замен кодирующей области, определяющих гаплогруппы мтДНК) в двух популяциях поволжских татар — из Буинского и Азнакаевского районов Республики Татарстан, и проводится анализ межпопуляционных взаимоотношений с учетом опубликованных ранее данных об изменчивости ГВС1 мтДНК в популяциях Восточной Европы.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалом для исследования служили образцы ДНК, выделенной из крови неродственных индивидов, представляющих две этнографические группы татар: казанские татары и татары-мишари. Выборка казанских татар собрана в Азнакаевском р-не Республики Татарстан ($N = 71$), а татары-мишари представлены дисперсной выборкой из Буинского р-на Республики Татарстан ($N = 126$). Материал собран в ходе экспе-

Таблица 1. Данные о популяциях Восточной Европы, использованных в сравнительном анализе изменчивости нуклеотидных последовательностей ГВС1 мтДНК

Популяции	<i>N</i>	Место сбора	Литературный источник
Татары-1	71	Азнакаевский р-н Татарстана	Настоящая работа
Татары-2	126	Буинский р-н Татарстана	Настоящая работа
Татары-3	223	Альметьевский и Елабужский р-ны Татарстана	[5]
Татары-4	45	Альметьевский и Елабужский р-ны Татарстана	[6]
Башкиры	209	Разные р-ны Башкортостана	[5]
Чуваши	56	Моргаушский р-н Чувашии	[5]
Мордва	99	Старошайговский р-н Мордовии	[5]
Марийцы-1	136	Звениговский р-н Марий Эл	[5]
Марийцы-2	60	Моркинский р-н Марий Эл	[6]
Удмурты	112	Мало-Пургинский р-н Удмуртии	[5]
Коми-пермяки	68	Пермский край	[5]
Коми-зыряне	61	Сысольский р-н Республики Коми	[5]
Эстонцы	47	Таллин, Эстония	[13]
Карелы	83	Петрозаводск, Карелия	[13]
Русские-1	68	Белгородская область	[14]
Русские-2	74	Нижегородская область	[14]
Русские-3	79	Новгородская область	[15]

Примечание. *N* – размер выборки.

диционных выездов в 2004–2005 гг. Этническую принадлежность выясняли путем индивидуального анкетирования, учитывая данные до третьего поколения.

Нуклеотидные последовательности ГВС1 мтДНК определены с помощью метода капиллярного секвенирования ДНК с использованием генетического анализатора ABI 3130 (“Applied Biosystems”, Foster City, США). Анализ результатов секвенирования производился с использованием пакета программ SeqScape v. 2.5 (“Applied Biosystems”, Foster City, США). Полиморфизм однонуклеотидных замен, определяющих гаплогруппы мтДНК, исследовали с помощью рестрикционного анализа [8, 9].

Для расчета параметров генетического разнообразия и проведения анализа межпопуляционной дифференциации (AMOVA) использовали программы пакета ARLEQUIN 3.11 [10]. Корреляции между матрицами генетических, географических и лингвистических дистанций оценивали с использованием теста Мантеля [11] (1000 пермутаций), также реализованного в пакете программ ARLEQUIN 3.11. В качестве генетических дистанций использовали матрицу попарных значений индексов генетической дифференциации (F_{ST}) между популяциями. Матрица лингвистических расстояний между популяциями была построена согласно подходу, предложенному в работе В.А. Степанова [12]: расстояние между попу-

ляциями, принадлежащими к разным языковым семьям, принято за 1.00, в случае принадлежности пары популяций к одной лингвистической семье – 0.50, одной группе внутри языковой семьи – 0.25. Расстояния в км между населенными пунктами определялись с помощью программы Calculator for Distances between Geographical Locations (<http://www.go.ednet.ns.ca/~larry/bsc/jslatlng.html>). Матрицу попарных значений индексов генетической дифференциации (F_{ST}) использовали для реконструкции филогенетических взаимоотношений исследованных популяций поволжских татар друг с другом, а также с населением Волго-Уральского региона с помощью факторного анализа (метод главных компонент), реализованного в пакете программ STATISTICA 6.0.

Для сравнительного анализа использовали литературные данные о полиморфизме ГВС1 мтДНК населения Волго-Уральского региона: татар, башкир, чувашей, марийцев, мордвы, коми-пермяков и коми-зырян, удмуртов [5, 6], эстонцев и карелов [13], а также трех выборок русского населения Белгородской, Нижегородской и Новгородской областей [14, 15] (табл. 1).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

На основании данных об изменчивости ГВС1 и полиморфизме рестрикционных сайтов, определяющих гаплогруппы мтДНК, нами охаракте-

ризованы митохондриальные генофонды двух популяций поволжских татар: из Буинского и Азнакаевского районов Татарстана (табл. 2). Всего зарегистрировано 27 гаплогрупп мтДНК, из которых более частыми у татар являются гаплогруппы, распространенные в популяциях Западной Евразии (Европы и Западной Азии). Частота восточноевразийского компонента составила 24% в популяции Азнакаевского р-на и 12% в популяции Буинского р-на (табл. 2). По данным Бермишевой и др. [5], частота восточноевразийских вариантов мтДНК у татар Альметьевского и Елабужского районов составляет 12.8%. Таким образом, поволжские татары занимают промежуточное положение среди этнических групп Волго-Уральского региона, характеризующихся высокими (более 20% у башкир и удмуртов) и умеренными частотами (менее 10% у чувашей, марийцев, мордвы) восточноевразийских вариантов мтДНК [5].

Анализ генетического разнообразия нуклеотидных последовательностей ГВС1 мтДНК в популяциях Восточной Европы свидетельствует о том, что показатели генетического разнообразия у татар из Азнакаевского и Буинского районов в целом соответствуют таковым для других популяций Волго-Уральского региона (табл. 3). В сравнении с двумя другими ранее исследованными выборками поволжских татар [5, 6] следует отметить, что выборка татар из наиболее западного Буинского р-на характеризуется наиболее низкими значениями показателей генетического разнообразия, что может быть отчасти обусловлено более низкой частотой восточноевразийских линий мтДНК, способствующих увеличению внутрипопуляционной гетерогенности.

Для анализа популяционной структуры у татар нами исследована межпопуляционная дифференциация на основании данных о распределении как гаплогрупп мтДНК, так и отдельных гаплотипов ГВС1. Анализ показал, что степень межэтнической дифференциации (F_{ST}) по гаплогруппам мтДНК составляет в Восточной Европе 2.6% ($P = 0$), а межпопуляционная дифференциация у поволжских татар на порядок ниже – 0.26%. При этом все попарные F_{ST} -различия между выборками татар были недостоверными. В случае анализа дифференциации на уровне гаплотипов ГВС1 мтДНК значение межпопуляционных различий для четырех выборок поволжских татар составляет 0.33% ($P = 0.04$) и в ряде случаев отмечаются достоверные F_{ST} -различия между отдельными выборками татар при попарных сравнениях (табл. 4). Анализ показал также, что татары из Азнакаевского р-на достоверно не отличаются от башкир, а татары из Буинского р-на от чувашей, что может объясняться географической близостью Азнакаевского р-на (восточные районы Татарстана) к

Таблица 2. Частоты (в %) гаплогрупп мтДНК у поволжских татар

Гаплогруппа	Казанские татары Татары-1 (N = 71)	Татары-мишари Татары-2 (N = 126)
A	4.2 (3)	3.2 (4)
C	5.6 (4)	0
D	9.9 (7)	4.8 (6)
G	0	1.6 (2)
M10	0	0.8 (1)
M7b	0	0.8 (1)
N9a	1.4 (1)	0
Y	0	0.8 (1)
Z	2.8 (2)	0
Восточноевразийский компонент	23.9 (17)	11.9 (15)
H	32.4 (23)	34.1 (43)
I	5.6 (4)	1.6 (2)
J	7.0 (5)	7.1 (9)
K	0	4.8 (6)
M1	0	1.6 (2)
N1a, b, c	0	2.4 (3)
R2	1.4 (1)	0
T	2.8 (2)	4.8 (6)
T1	5.6 (4)	0.8 (1)
U1	0	0.8 (1)
U2	1.4 (1)	0
U3	0	1.6 (2)
U4	5.6 (4)	8.7 (11)
U5	2.8 (2)	4.0 (5)
U8a	0	4.0 (5)
HV0	2.8 (2)	6.3 (8)
W	7.0 (5)	5.6 (7)
X	1.4 (1)	0
Западноевразийский компонент	76.1 (54)	88.1 (111)

Башкортостану, а Буинского р-на (запад Татарстана) к Чувашии (табл. 4).

Основываясь на анализе попарных нуклеотидных различий между гаплотипами ГВС1 мтДНК, значение межэтнической дифференциации населения Восточной Европы составило 1.8% ($P < 0.001$). Это значение намного выше, чем для этнических групп Центральной Европы ($F_{ST} = 0.1\%$, $P = 0.1$ для словаков, чехов, поляков, австрийцев, южных немцев, боснийцев и словенцев [16]), но существенно ниже, чем у населения Центральной Азии ($F_{ST} = 2.34\%$, $P < 0.0001$) [17] и Южной Сибири ($F_{ST} = 2.86\%$, $P < 0.001$) [18]. Между тем степень межпопуляционной дифференциации по-

Таблица 3. Показатели генетического разнообразия в популяциях Восточной Европы по данным об изменчивости ГВС1 мтДНК

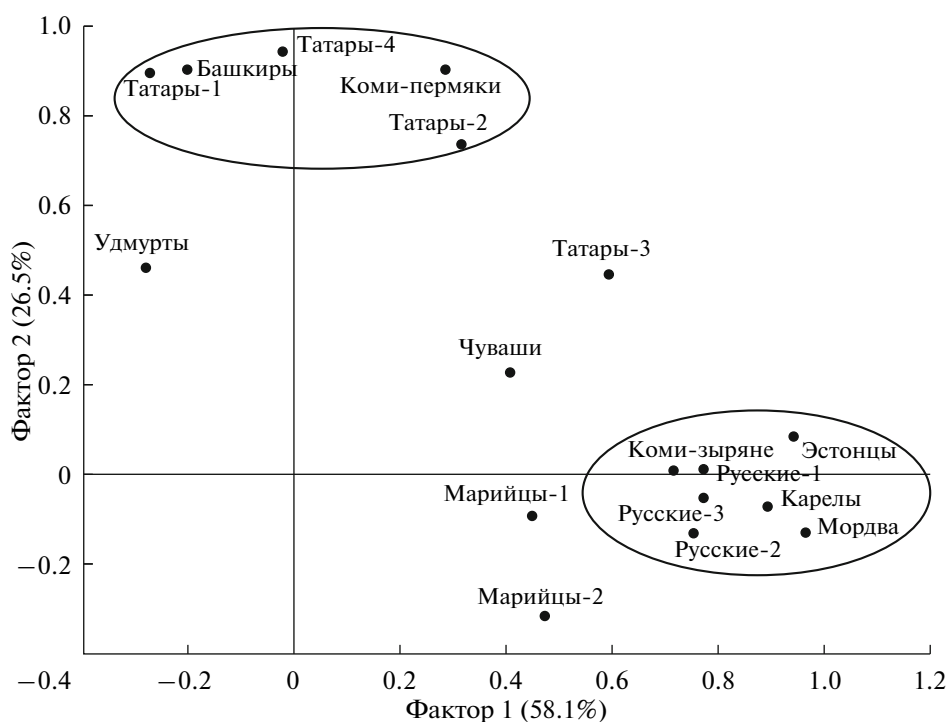
Популяции	<i>N</i>	<i>H</i> (SE)	<i>K</i>	<i>Pi</i> (SE)	π (SE)
Татары-1	71	0.958 (0.014)	35	4.841 (2.391)	0.012 (0.007)
Татары-2	126	0.957 (0.011)	66	4.162 (2.082)	0.010 (0.006)
Татары-3	223	0.977 (0.005)	112	4.957 (2.421)	0.012 (0.007)
Татары-4	45	0.986 (0.009)	35	5.360 (2.634)	0.013 (0.007)
Башкиры	209	0.988 (0.002)	101	6.057 (2.896)	0.015 (0.008)
Чуваши	56	0.982 (0.008)	39	4.684 (2.329)	0.012 (0.006)
Мордва	99	0.973 (0.009)	59	4.625 (2.288)	0.012 (0.006)
Марийцы-1	136	0.928 (0.012)	35	3.565 (1.823)	0.009 (0.005)
Марийцы-2	60	0.924 (0.018)	21	3.981 (2.019)	0.010 (0.006)
Удмурты	112	0.963 (0.006)	39	6.320 (3.020)	0.016 (0.008)
Коми-пермяки	68	0.963 (0.012)	35	5.388 (2.629)	0.013 (0.007)
Коми-зыряне	61	0.954 (0.012)	29	4.104 (2.073)	0.010 (0.006)
Эстонцы	47	0.983 (0.009)	35	4.056 (2.060)	0.010 (0.006)
Карелы	83	0.964 (0.011)	45	3.958 (2.002)	0.010 (0.006)
Русские-1	68	0.969 (0.012)	47	4.282 (2.148)	0.011 (0.006)
Русские-2	74	0.961 (0.016)	50	4.224 (2.120)	0.011 (0.006)
Русские-3	79	0.980 (0.008)	54	5.091 (2.496)	0.0127 (0.007)

Примечание. *N* – размер выборки, *H* – генетическое разнообразие, *K* – число выявленных гаплотипов, *Pi* – среднее число попарных различий, π – нуклеотидное разнообразие, SE – стандартные ошибки, приведенные в скобках.

волжских татар ($F_{ST} = 0.33\%$, $P = 0.04$) вполне соответствует таковой у русского населения Восточной Европы ($F_{ST} = 0.35\%$, $P = 0.009$) [19].

Для выявления факторов, определяющих характер генетических взаимоотношений между

популяциями Восточной Европы, нами проведен факторный анализ, выполненный с помощью метода главных компонент (рисунок). Три первые главные компоненты отражают 92.3% всей изменчивости. На долю первой компоненты прихо-



Расположение популяций Восточной Европы в плоскости двух главных компонент на основании результатов факторного анализа матрицы межпопуляционных F_{ST} -показателей. Овалами выделены кластеры популяций, имеющие значимые нагрузки по первой и второй компонентам.

Таблица 4. Матрица значений генетической дифференциации (F_{ST}) по данным об изменчивости ГВС1 мДНК

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
Популяции																	
1 Татары-1	0.000																
2 Татары-2	0.008	0.000															
3 Татары-3	0.013	0.001	0.000														
4 Татары-4	-0.004	-0.004	-0.004	0.000													
5 Башкиры	0.005	0.016	0.018	0.005	0.000												
6 Чуваши	0.023	0.005	0.001	0.003	0.013	0.000											
7 Мордва	0.030	0.020	0.010	0.016	0.029	0.015	0.000										
8 Марийцы-1	0.034	0.011	0.007	0.016	0.029	-0.002	0.017	0.000									
9 Марийцы-2	0.045	0.023	0.013	0.024	0.036	0.008	0.020	0.006	0.000								
10 Удмурты	0.016	0.040	0.034	0.017	0.031	0.042	0.034	0.054	0.055	0.000							
11 Коми-пермяки	0.009	0.010	0.007	-0.001	0.008	0.011	0.016	0.028	0.036	0.024	0.000						
12 Коми-зыряне	0.040	0.020	0.013	0.014	0.038	0.014	0.017	0.018	0.026	0.047	0.016	0.000					
13 Эстонцы	0.024	0.008	0.003	0.005	0.023	0.009	-0.003	0.015	0.019	0.035	0.005	0.007	0.000				
14 Карелы	0.032	0.015	0.009	0.016	0.025	0.007	0.000	0.012	0.016	0.043	0.016	0.018	-0.006	0.000			
15 Русские-1	0.020	0.006	-0.001	0.006	0.020	0.004	-0.001	0.005	0.007	0.035	0.011	0.017	0.000	0.002	0.000		
16 Русские-2	0.033	0.011	0.002	0.013	0.033	0.008	0.007	0.008	0.006	0.050	0.022	0.013	0.001	0.006	-0.001	0.000	
17 Русские-3	0.027	0.014	0.007	0.014	0.023	0.007	0.004	0.012	0.010	0.041	0.018	0.025	0.004	0.005	-0.004	0.004	0.000

Примечание. Выделенные курсивом значения индексов F_{ST} недостоверны при $P \leq 0.05$.

Таблица 5. Генетические различия между популяциями Восточной Европы, сгруппированными в соответствии с данными лингвистики и географии

Группы популяций	Число популяций	Число групп	Различия, %		
			внутри популяций	между популяциями внутри групп	между группами
Восточная Европа	17	1	98.20	1.8	—
Лингвистическая ¹	17	3	98.06	1.51	0.43
Лингвистическая ²	17	6	98.07	1.22	0.71
Географическая ³	16	3	97.88	1.46	0.66

Примечание. ¹Популяции сгруппированы согласно принадлежности к лингвистическим группам: тюркская группа алтайской семьи – татары, башкиры, чуваша; финно-угорская группа уральской семьи – мордва, марийцы, удмурты, коми, эстонцы, карелы; славянская группа индо-европейской семьи – русские. ²Популяции сгруппированы согласно принадлежности к лингвистическим подгруппам: северо-западная – татары, башкиры; болгарская – чуваша; волжско-финская – мордва, марийцы; пермская – удмурты, коми; прибалтийско-финская – эстонцы, карелы; восточнославянская – русские. ³Географические группы популяций: северо-западная – эстонцы, карелы, русские-3; поволжская группа – татары, чуваша, мордва, марийцы, русские-2; уральская группа – коми, удмурты, башкиры. Выделенное курсивом значение недостоверно ($P = 0.06$), остальные различия достоверны ($P < 0.03$).

дится 58%, второй – 26.5%, третьей – 7.8% суммарной изменчивости. В пространстве первых двух компонент можно выделить два крупных кластера популяций. Первый объединяет популяции коми-зырян, мордвы, карелов, эстонцев и все три выборки русских. Все популяции этого кластера имеют значимые нагрузки по первой компоненте (значимыми считали нагрузки, абсолютное значение которых превышало 0.7). Второй кластер образуют три выборки татар (татары-1, -2 и -4), башкиры и коми-пермяки, имеющие значимые нагрузки для второго фактора. По третьей компоненте объединяются друг с другом обе выборки марийцев и чуваша.

Для определения факторов, которые в наибольшей степени определяют структуру генетического разнообразия, популяции Восточной Европы были сгруппированы согласно этнолингвистической классификации, а также в соответствии с географическим расположением (табл. 5). Максимальные значения межгрупповой изменчивости

получены при объединении популяций согласно принадлежности к лингвистическим подгруппам (0.71%), однако ни в одном из вариантов группировки доля межгрупповых различий не превышала значения межпопуляционных различий внутри групп. Это свидетельствует, во-первых, об отсутствии связи между структурой генетического разнообразия изученного населения Восточной Европы и географическим распределением и, во-вторых, о влиянии, хотя и незначительном, лингвистического фактора на межпопуляционную генетическую дифференциацию.

Результаты исследования корреляций матриц генетических, географических и лингвистических дистанций с помощью теста Мантеля выявили в Восточной Европе наличие достоверной корреляции между матрицей генетических дистанций и лингвистической принадлежностью исследованных популяций ($r = 0.147$, $P = 0.025$) (табл. 6). Коэффициент частной корреляции матриц генетических и лингвистических дистанций при постоянстве географических расстояний также является высоким и достоверным ($r = 0.155$, $P = 0.03$), что подтверждает связь структуры генофондов изученных популяций с лингвистической принадлежностью. Между тем положительной достоверной корреляции между генетическими и географическими расстояниями для исследованных популяций Восточной Европы не выявлено и в этом случае. Таким образом, проведенное исследование разнообразия мтДНК позволило получить первые представления об уровне и характере межпопуляционной дифференциации у поволжских татар, что является важным этапом исследований в области молекулярной филогеографии населения Восточной Европы.

Таблица 6. Результаты анализа корреляции матриц генетических, географических и лингвистических дистанций с помощью теста Мантеля

Матрицы дистанций	r	P
Генетических и географических	-0.012	0.495
Генетических и лингвистических	0.147	0.025
Географических и лингвистических	0.257	
Генетических и географических (при постоянстве лингвистических расстояний)	-0.052	0.604
Генетических и лингвистических (при постоянстве географических расстояний)	0.155	0.03

Настоящая работа выполнена при финансовой поддержке Программы Президиума Российской академии наук “Биоразнообразии” (подпрограмма “Генофонды и генетическое разнообразие”).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Халиков А.Х. Происхождение татар Поволжья и Приуралья. Казань: Татарское кн. изд-во, 1978. 160 с.
2. Кузеев Р.Г. Народы Среднего Поволжья и Южного Урала: этногенетический взгляд на историю. М.: Наука, 1992. 345 с.
3. Алексеев В.П. Происхождение народов Восточной Европы (краниологическое исследование). М.: Наука, 1969. 324 с.
4. Газимзянов И.Р. Антропологический облик татар // Татары / Под ред. Р.К. Уразманова, С.В. Чешко. М.: Наука, 2001. С. 35–40.
5. Бермишева М.А., Тамбетс К., Виллемс Р., Хуснутдинова Э.К. Разнообразие гаплогрупп митохондриальной ДНК в этнических группах Волго-Уральского региона // Молекуляр. биология. 2002. Т. 36. С. 990–1001.
6. Орехов В.А. Характеристика митотипов представителей трех этнических групп европейской части России: Автореф. дис. ... канд. биол. наук. М.: ИОГен РАН, 2002. 22 с.
7. Кравцова О.А. Молекулярно-генетический анализ древних и современных образцов ДНК: Автореф. дис. ... канд. биол. наук. Казань: КГУ, 2006. 24 с.
8. Malyarchuk B.A., Grzybowski T., Derenko M.V. et al. Mitochondrial DNA variability in Poles and Russians // Ann. Hum. Genet. 2002. V. 66. P. 261–283.
9. Derenko M., Malyarchuk B., Grzybowski T. et al. Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA in North Asian populations // Am. J. Hum. Genet. 2007. V. 81. P. 1025–1041.
10. Excoffier L., Laval G., Schneider S. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis // Evol. Bioinf. Online. 2005. V. 1. P. 47–50.
11. Mantel N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach // Cancer Res. 1967. V. 27. P. 209–220.
12. Степанов В.А. Этногеномика населения Северной Евразии. Томск: Печатная мануфактура, 2002. 244 с.
13. Sajantila A., Lahermo P., Anttinen T. et al. Genes and languages in Europe – an analysis of mitochondrial lineages // Genome Res. 1995. V. 5. P. 42–52.
14. Мальярчук Б.А. Изменчивость митохондриального генома человека в аспекте генетической истории славян: Дис. ... д-ра биол. наук. Магадан: ИБПС ДВО РАН, 2002. 480 с.
15. Grzybowski T., Malyarchuk B.A., Derenko M.V. et al. Complex interactions of the Eastern and Western Slavic populations with other European groups as revealed by mitochondrial DNA analysis // Forensic Sci. Int. Genet. 2007. V. 1. P. 141–147.
16. Malyarchuk B.A., Perkova M.A., Derenko M.V. et al. Mitochondrial DNA variability in Slovaks, with application to the Roma origin // Ann. Hum. Genet. 2008. V. 72. P. 228–240.
17. Comas D., Plaza S., Wells R.S. et al. Admixture, migrations, and dispersals in Central Asia: evidence from maternal DNA lineages // Eur. J. Hum. Genet. 2004. V. 12. P. 495–504.
18. Derenko M.V., Grzybowski T., Malyarchuk B.A. et al. Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia // Ann. Hum. Genet. 2003. V. 67. P. 391–411.
19. Мальярчук Б.А. Вклад балтийских славян в популяционно-генетическую дифференциацию русского населения Восточной Европы // Вестник СВНЦ ДВО РАН. 2008. № 3. С. 55–59.

Population Structure of Volga Tatars Inferred from the Mitochondrial DNA Diversity Data

G. A. Denisova^a, B. A. Malyarchuk^a, M. V. Derenko^a, and O. A. Kravtsova^b

^aInstitute of the Biological Problems of the North, Far Eastern Branch Russian Academy of Sciences, Magadan, 685000 Russia

e-mail: malyarchuk@ibpn.ru

^bDepartment of Biochemistry Kazan State University, Kazan, 420008 Russia

e-mail: okravz@rambler.ru

The data on mitochondrial DNA (mtDNA) variation in two populations of Volga Tatars, representing the population of Buinsk and Aznakaevo districts of the Republic of Tatarstan are presented. Comparative analysis of the data on mtDNA variation in the populations of Eastern Europe showed that Volga Tatars were characterized by low interpopulation differentiation ($F_{ST} = 0.33\%$), while the level of interethnic differentiation in Eastern Europe is 1.8%. Genetic similarity of Tatars from the eastern regions of Tatarstan to Bashkirs, as well as of Tatars from western regions to Chuvashes, with whom they share territorial borders, was revealed. Positive correlation between population genetic structure in Eastern Europe and linguistic affiliation of the ethnic groups studied was observed.