

УДК 577.21+575.17:340.6

ИЗМЕНЧИВОСТЬ ПЯТНАДЦАТИ АУТОСОМНЫХ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ ДНК В ПЯТИ ПОПУЛЯЦИЯХ КОРЕННОГО НАСЕЛЕНИЯ ЮЖНОЙ СИБИРИ

© 2007 г. М. В. Деренко^{1*}, J. Czarny², Б. А. Мальярчук¹, М. Woźniak², И. К. Дамбуева³, Т. Grzybowski², И. А. Захаров⁴

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

²Forensic Medicine Institute, The Ludwik Rydygier Collegium Medicum, The Nicolaus Copernicus University, 85-094 Bydgoszcz, Poland

³Институт общей и экспериментальной биологии Сибирского отделения Российской академии наук, Улан-Удэ, 670047

⁴Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, 119991

Поступила в редакцию 28.08.2006 г.

Принята к печати 14.09.2006 г.

Представлены данные о распределении частот аллелей пятнадцати аутомомных STR-локусов (*D3S1358*, *vWA*, *FGA*, *TH01*, *TPOX*, *CSF1PO*, *D5S818*, *D13S317*, *D7S820*, *D16S539*, *D2S1338*, *D8S1179*, *D21S11*, *D18S51*, *D19S433*), входящих в состав наборов AmpFISTR SGM Plus и AmpFISTR Profiler Plus (“Applied Biosystems”, США), в пяти популяциях коренного населения Южной Сибири: у бурят, алтайцев, тофаларов, сойотов и хакасов (размер суммарной выборки 261 человек). Все исследованные популяции не различаются достоверно по распределению частот аллелей. Приводятся значения совокупного дискриминирующего потенциала (PD) изученной системы локусов для каждой из исследованных популяций.

Ключевые слова: STR-локус, аутомомные микросателлитные локусы, генетика популяции человека, генетическое разнообразие.

VARIABILITY OF FIFTEEN AUTOSOMAL MICROSATELLITE DNA LOCI IN FIVE POPULATIONS OF ABORIGINAL SOUTH SIBERIANS, by M. V. Derenko¹, J. Czarny², B. A. Malyarchuk¹, M. Woźniak², I. K. Dambueva³, T. Grzybowski², I. A. Zakharov⁴ (¹Institute of Biological Problems of the North, Far East Division, Russian Academy of Sciences, Magadan, 685000 Russia, *e-mail: mderenko@mail.ru; ²Forensic Medicine Institute, The Ludwik Rydygier Collegium Medicum, The Nicolaus Copernicus University, 85-094 Bydgoszcz, Poland; ³Institute of General and Experimental Biology, Siberian Division, Russian Academy of Sciences, Ulan-Ude, 670047 Russia; ⁴Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, 119991 Russia). The allele distributions for 15 STR loci included in the AmpFISTR SGM Plus and AmpFISTR Profiler Plus kits (“Applied Biosystems”, USA) were determined in 261 healthy unrelated individuals belonging to five indigenous populations of South Siberia: in Buryats, Altaians, Tofalars, Sojots and Khakassians. No significant differences in allele frequencies were found between populations studied. Combined power of discrimination (PD) for the STR loci investigated were estimated for the populations under study.

Key words: autosomal microsatellite loci, human population, genetic diversity, DNA-identification.

Изменчивость коротких tandemно повторяющихся последовательностей (STR), или микросателлитов, диспергированных по всему геному че-

ловека, активно изучается в связи с проблемами ДНК-идентификации личности и определения степени генетического родства между индивидами [1, 2]. Прогресс в изучении изменчивости аутомомных микросателлитных локусов стал возможным благодаря разработке высокоэффективных мультиплексных систем ПЦР-амплификации ДНК, таких как AmpFISTR SGM Plus, AmpFISTR Profiler Plus, PowerPlex[®] 16 System и PowerPlex[®] ES System. Таким образом, мультилокусное выявление аутомомных микросателлитов является в настоящее время одним из наиболее мощных инструментов в изучении генетической изменчивости.

Принятые сокращения: STR (Short Tandem Repeats) – короткие tandemные повторы; MP (Matching Probability) – вероятность случайного совпадения генотипов; PD (Power of Discrimination) – дискриминирующий потенциал; PIC (Polymorphic Information Content) – информационное содержание полиморфизма; PE (Power of Exclusion) – исключаяющий потенциал; PI (Typical Paternity Index) – индекс отцовства; H(ob) (Observed Heterozygosity) – наблюдаемая гетерозиготность; H(ex) (Expected Heterozygosity) – ожидаемая гетерозиготность; Hardy–Weinberg equilibrium test – тест Харди–Вайнберга.

*Эл. почта: mderenko@mail.ru

Несмотря на прогресс в создании баз данных по распределению аллелей и генотипов *STR*-локусов в региональных группах населения мира и в отдельных этнических группах, сведений о полиморфизме этих локусов в этнически дифференцированном населении Российской Федерации пока еще мало. Известны лишь данные о распространенности аллелей локусов, используемых в судебно-медицинской экспертизе в русской популяции населения различных регионов Российской Федерации [3–7]. Из представителей коренного населения Сибири исследованы лишь северные алтайцы, тувинцы, буряты и эвенки по набору из девяти динуклеотидных микросателлитных локусов, входящих в состав панели, предназначенной для анализа генетического сцепления [8]. В настоящей работе приводятся первые данные об изменчивости пятнадцати микросателлитных локусов, генотипированных с помощью мультиплексных систем ПЦР-амплификации AmpFISTR SGM Plus и AmpFISTR Profiler Plus, в популяциях алтайцев ($N = 68$), бурят ($N = 78$), сойотов ($N = 29$), тофаларов ($N = 35$) и хакасов ($N = 51$).

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНАЯ ЧАСТЬ

Геномную ДНК выделяли из венозной крови с помощью стандартного метода, включающего обработку крови детергентом (1%-ный раствор додецилсульфата натрия) и протеиназой К (“Sigma”), а также очистку ДНК с помощью фенола и хлороформа [9]. Выборка состояла из 261-го неродственного индивидуума из пяти этнических групп коренного населения южной Сибири. Выборка бурят ($N = 78$) включала жителей Кижингинского, Хоринского, Закаменского, Еравнинского, Селенгинского, Баргузинского и Кабанского районов Республики Бурятия; выборка алтайцев ($N = 68$) – жителей Кош-Агачского, Улаганского, Онгудайского, Усть-Канского, Шебалинского и Турочакского районов Республики Алтай; тофаларов ($N = 35$) – жителей поселка Алыгджер Иркутской области; сойотов ($N = 29$) – жителей Окинского и Тункинских районов Республики Бурятия; хакасов ($N = 51$) – жителей населенных пунктов Аскизского, Ширинского, Бейского и Орджоникидзевого районов Республики Хакасия.

***STR*-локусы амплифицировали** с использованием мультиплексных систем ПЦР-амплификации AmpFISTR SGM Plus и AmpFISTR Profiler Plus (“PE Applied Biosystems”) в соответствии с рекомендациями производителя. Продукты амплификации фракционировали электрофоретически с помощью генетического анализатора ABI Prism 377 (“PE Applied Biosystems”). Для контроля качества использовали контрольные образцы ДНК и аллельные стандарты. Размер продуктов ПЦР определяли с помощью компьютерных программ GeneScan v. 3.1 и Genotyper v. 2.0 (“PE Applied Bio-

systems”). Наименования аллелей приводятся в соответствии с рекомендациями комиссии по ДНК Международного общества судебной гемогенетики [10].

Статистический анализ данных проводили с использованием пакета компьютерных программ Arlequin (v. 2.000) [11] и программы PowerType Excel spreadsheet (“Promega”) [12].

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В таблицах представлены данные о распределении частот аллелей пятнадцати *STR*-локусов (*D3S1358*, *vWA*, *FGA*, *TH01*, *TPOX*, *CSF1PO*, *D5S818*, *D13S317*, *D7S820*, *D16S539*, *D2S1338*, *D8S1179*, *D21S11*, *D18S51*, *D19S433*) в пяти популяциях коренного населения южной Сибири. Всего в исследованных популяциях выявлено 129 аллелей. Число аллелей в отдельных популяциях варьирует от 99 (у тофаларов) до 113 (у бурят). Среднепопуляционный уровень гетерозиготности составляет 0.750, а ожидаемая гетерозиготность суммарной выборки – 0.761. Уровень гетерозиготности отдельных популяций статистически не различается, изменяясь в диапазоне от 0.708 у тофаларов до 0.764 у бурят. По уровню среднепопуляционной гетерозиготности (0.585–0.862) и гетерозиготности в суммарной выборке (0.603–0.871) всех исследованных локусов существенных различий не наблюдается.

Сравнительный анализ распределения частот аллелей *STR*-локусов показал, что достоверных F_{ST} -различий между популяциями нет. Аналогичный результат получен и с помощью точного теста на межпопуляционную дифференциацию [11]. При этом во всех исследованных популяциях локусы *FGA*, *D2S1338*, *D8S1179*, *D21S11*, *D18S51* и *D19S433* оказались наиболее вариабельными по уровню молекулярного разнообразия (число наблюдаемых аллелей >10 , $PI_C > 0.8$, табл. 1–5).

Высокое внутривидовое генетическое разнообразие по исследованным микросателлитным локусам выражается и в значительном дискриминационном потенциале этой полиморфной системы. Высокие значения индекса дискриминации (PD), изменяющиеся в диапазоне от 0.920 до 0.959, определяются в восьми из пятнадцати исследованных локусов – *vWA*, *FGA*, *D13S317*, *D16S539*, *D2S1338*, *D21S11*, *D18S51*, *D19S433*. Значения совокупного потенциала дискриминации изученной системы локусов составляют 0.999999999999999830 у бурят, 0.999999999999999671 у алтайцев, 0.999999999999922209 у тофаларов, 0.999999999999993458 у сойотов и 0.99999999999999226 у хакасов. Отклонение наблюдаемых частот генотипов от равновесного распределения Харди–Вайнберга обнаружено в трех из пяти исследованных популяций – у бурят

Таблица 1. Частоты аллелей и другие статистические параметры для пятнадцати STR-локусов у бурят ($n = 156$ хромосом)

Аллель	D3S1358	vWA	FGA	TH01	TPOX	CSF1PO	D5S818	D13S317	D7S820	D16S539	D2S1338	D8S1179	D21S11	D18S51	D19S433
6	-	-	-	0.096	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	0.353	0.000	-	0.051	-	0.006	-	-	-	-	-	-
8	-	-	-	0.160	0.500	-	-	0.160	0.269	0.026	-	-	-	-	-
9	-	-	-	0.269	0.141	0.051	0.013	0.179	0.109	0.378	-	-	-	-	-
9.3	-	-	-	0.122	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	-	-	-	-	0.026	0.321	0.103	0.179	0.179	0.103	-	0.103	-	-	-
11	-	-	-	-	0.308	0.301	0.397	0.231	0.231	0.141	-	0.064	-	-	0.006
12	-	-	-	-	0.026	0.244	0.282	0.147	0.167	0.231	-	0.115	-	0.006	0.064
13	-	-	-	-	0.000	0.045	0.147	0.071	0.032	0.083	-	0.244	-	0.192	0.314
13.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.064
14	0.026	0.090	-	-	-	0.038	0.006	0.013	0.006	0.032	-	0.205	-	0.321	0.167
14.2	-	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.083
15	0.442	0.026	-	-	-	-	-	0.019	-	0.006	-	0.218	-	0.135	0.077
15.2	-	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.141
16	0.340	0.237	-	-	-	-	-	-	-	-	0.013	0.045	-	0.115	0.026
16.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.058
17	0.122	0.276	-	-	-	-	-	-	-	-	0.090	0.006	-	0.026	-
18	0.071	0.244	-	-	-	-	-	-	-	-	0.115	-	-	0.045	-
19	-	0.083	0.032	-	-	-	-	-	-	-	0.179	-	-	0.038	-
20	-	0.045	0.013	-	-	-	-	-	-	-	0.115	-	-	0.038	-
21	-	-	0.071	-	-	-	-	-	-	-	0.006	-	-	0.032	-
22	-	-	0.109	-	-	-	-	-	-	-	0.045	-	-	0.045	-
23	-	-	0.212	-	-	-	-	-	-	-	0.205	-	-	-	-
23.2	-	-	0.006	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
24	-	-	0.333	-	-	-	-	-	-	-	0.147	-	-	-	-
24.2	-	-	0.006	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
25	-	-	0.122	-	-	-	-	-	-	-	0.058	-	-	0.006	-
25.2	-	-	0.019	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	-	-	0.045	-	-	-	-	-	-	-	0.019	-	-	-	-
26.2	-	-	0.006	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
27	-	-	0.013	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	0.013	-	-	-	-	-	-	-	0.006	-	0.026	-	-
28.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.006	-	-
29	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.205	-	-
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.449	-	-
30.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.026	-	-
31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.096	-	-
31.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.006	-	-
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.006	-	-
32.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.115	-	-
33.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.038	-	-
34.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.026	-	-
MP	0.176	0.082	0.065	0.110	0.198	0.111	0.130	0.070	0.070	0.093	0.046	0.066	0.110	0.071	0.053
PD	0.824	0.918	0.935	0.890	0.802	0.889	0.870	0.930	0.930	0.907	0.954	0.934	0.890	0.929	0.947
PIC	0.610	0.760	0.786	0.714	0.572	0.696	0.685	0.806	0.772	0.733	0.848	0.797	0.700	0.800	0.810
PE	0.416	0.416	0.638	0.662	0.343	0.477	0.521	0.738	0.457	0.543	0.613	0.662	0.310	0.816	0.638
PI	1.625	1.625	2.786	3.000	1.393	1.860	2.053	3.900	1.773	2.167	2.600	3.000	1.300	5.571	2.786
H(ob)	0.692	0.692	0.795	0.744	0.641	0.731	0.756	0.872	0.718	0.769	0.808	0.833	0.590	0.910	0.744
H(ex)	0.673	0.796	0.803	0.702	0.638	0.750	0.739	0.839	0.810	0.771	0.869	0.829	0.716	0.825	0.743
P	0.715	0.020	0.408	0.762	0.452	0.819	0.485	0.061	0.374	0.285	0.020	0.559	0.180	0.277	0.817

Примечание. MP – вероятность случайного совпадения генотипов; PD – дискриминирующий потенциал; PIC – информационное содержание полиморфизма; PE – исключаяющий потенциал; PI – индекс отцовства; H(ob) – наблюдаемая гетерозиготность; H(ex) – ожидаемая гетерозиготность; P – значение вероятности отклонения от равновесного распределения Харди–Вайнберга.

Таблица 2. Частоты аллелей и другие статистические параметры для пятнадцати *STR*-локусов у алтайцев ($n = 136$ хромосом)

Аллель	<i>D3S1358</i>	<i>vWA</i>	<i>FGA</i>	<i>TH01</i>	<i>TPOX</i>	<i>CSF1PO</i>	<i>D5S818</i>	<i>D13S317</i>	<i>D7S820</i>	<i>D16S539</i>	<i>D2S1338</i>	<i>D8S1179</i>	<i>D21S11</i>	<i>D18S51</i>	<i>D19S433</i>
6	-	-	-	0.147	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	0.243	-	-	0.022	-	-	-	-	-	-	-	-
8	-	-	-	0.088	0.522	0.007	-	0.250	0.272	0.015	-	-	-	-	-
9	-	-	-	0.346	0.044	0.015	0.044	0.125	0.081	0.213	-	0.007	-	-	-
9.3	-	-	-	0.162	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	-	-	-	0.015	0.007	0.199	0.051	0.103	0.265	0.132	-	0.103	-	-	-
11	-	-	-	-	0.397	0.353	0.574	0.272	0.176	0.228	-	0.044	-	-	0.007
12	-	-	-	-	0.022	0.309	0.221	0.213	0.191	0.235	-	0.059	-	0.044	0.044
13	-	-	-	-	0.007	0.081	0.081	0.029	0.007	0.147	-	0.463	-	0.118	0.346
13.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.051
14	0.022	0.103	-	-	-	0.037	0.007	0.007	0.007	0.029	-	0.228	-	0.287	0.184
14.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.074
15	0.449	0.044	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.059	-	0.110	0.081
15.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.096
16	0.221	0.287	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.015	-	0.088	0.074
16.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.037
17	0.257	0.287	-	-	-	-	-	-	-	-	0.096	0.015	-	0.147	-
18	0.051	0.184	0.015	-	-	-	-	-	-	-	0.059	0.007	-	0.051	-
19	-	0.081	0.015	-	-	-	-	-	-	-	0.154	-	-	0.022	-
19.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.007
20	-	0.015	0.051	-	-	-	-	-	-	-	0.147	-	-	0.051	-
20.2	-	-	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	-	-	0.081	-	-	-	-	-	-	-	0.022	-	-	0.015	-
22	-	-	0.206	-	-	-	-	-	-	-	0.059	-	-	0.037	-
23	-	-	0.176	-	-	-	-	-	-	-	0.221	-	-	0.022	-
23.2	-	-	0.015	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
24	-	-	0.257	-	-	-	-	-	-	-	0.132	-	-	-	-
24.2	-	-	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
25	-	-	0.110	-	-	-	-	-	-	-	0.081	-	-	0.007	-
25.2	-	-	0.000	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	-	-	0.074	-	-	-	-	-	-	-	0.015	-	0.007	-	-
27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.007	-	-	-	-
28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.007	-	0.066	-	-
29	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.191	-	-
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.301	-	-
30.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.007	-	-
31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.096	-	-
31.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.110	-	-
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.007	-	-
32.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.154	-	-
33.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.044	-	-
34.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.015	-	-
MP	0.156	0.076	0.061	0.109	0.275	0.112	0.193	0.080	0.094	0.074	0.045	0.121	0.074	0.042	0.076
PD	0.844	0.924	0.939	0.891	0.725	0.888	0.807	0.920	0.906	0.926	0.955	0.879	0.926	0.958	0.924
PIC	0.626	0.750	0.812	0.730	0.479	0.687	0.570	0.759	0.747	0.778	0.851	0.680	0.799	0.838	0.795
PE	0.372	0.461	0.672	0.616	0.260	0.351	0.294	0.616	0.643	0.701	0.760	0.437	0.588	0.561	0.535
PI	1.478	1.789	3.091	2.615	1.172	1.417	1.259	2.615	2.833	3.400	4.250	1.700	2.429	2.267	2.125
H(ob)	0.662	0.721	0.824	0.603	0.574	0.647	0.603	0.809	0.824	0.853	0.882	0.706	0.779	0.779	0.662
H(ex)	0.686	0.792	0.834	0.666	0.579	0.741	0.615	0.797	0.787	0.813	0.871	0.720	0.799	0.860	0.737
P	0.715	0.894	0.104	0.614	0.891	0.553	0.638	0.995	0.699	0.884	0.268	0.506	0.043	0.398	0.039

Обозначения как в табл. 1.

Таблица 3. Частоты аллелей и другие статистические параметры для пятнадцати STR-локусов у тофаларов ($n = 70$ хромосом)

Аллель	D3S1358	vWA	FGA	TH01	TPOX	CSF1PO	D5S818	D13S317	D7S820	D16S539	D2S1338	D8S1179	D21S11	D18S51	D19S433
6	-	-	-	0.186	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	0.243	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
8	-	-	-	0.043	0.743	-	-	0.300	0.343	0.014	-	-	-	-	-
9	-	-	-	0.186	0.057	0.043	0.014	0.200	-	0.043	-	-	-	-	-
9.3	-	-	-	0.343	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	-	-	-	-	0.029	0.157	0.029	0.143	0.371	0.100	-	0.043	-	-	-
11	-	-	-	-	0.143	0.257	0.643	0.129	0.171	0.186	-	-	-	-	0.014
12	-	-	-	-	0.029	0.443	0.214	0.071	0.071	0.371	-	0.043	-	0.029	0.014
13	-	-	-	-	-	0.100	0.100	0.129	0.043	0.171	-	0.429	-	0.057	0.257
13.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.043
14	0.071	0.071	-	-	-	-	-	0.029	-	0.114	-	0.314	-	0.329	0.357
14.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.114
15	0.343	0.057	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.143	-	0.071	0.114
15.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.057
16	0.157	0.143	-	-	-	-	-	-	-	-	0.014	-	-	0.129	0.029
17	0.400	0.443	-	-	-	-	-	-	-	-	0.043	0.029	-	0.114	-
18	0.029	0.214	-	-	-	-	-	-	-	-	0.029	-	-	0.014	-
19	-	0.057	0.029	-	-	-	-	-	-	-	0.357	-	-	0.029	-
20	-	0.014	0.086	-	-	-	-	-	-	-	0.229	-	-	0.129	-
20.2	-	-	0.014	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	-	-	0.100	-	-	-	-	-	-	-	0.029	-	-	0.029	-
22	-	-	0.086	-	-	-	-	-	-	-	0.029	-	-	0.029	-
23	-	-	0.086	-	-	-	-	-	-	-	0.057	-	-	0.043	-
24	-	-	0.386	-	-	-	-	-	-	-	0.086	-	-	-	-
25	-	-	0.200	-	-	-	-	-	-	-	0.129	-	-	-	-
26	-	-	0.014	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.014	-	-
28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.043	-	-
29	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.114	-	-
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.414	-	-
30.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.014	-	-
31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.129	-	-
31.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.071	-	-
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.057	-	-
32.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.129	-	-
33.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.014	-	-
MP	0.180	0.113	0.096	0.107	0.370	0.162	0.282	0.079	0.164	0.112	0.082	0.197	0.099	0.086	0.110
PD	0.820	0.887	0.904	0.893	0.630	0.838	0.718	0.921	0.836	0.888	0.918	0.803	0.901	0.914	0.890
PIС	0.637	0.692	0.753	0.711	0.395	0.656	0.482	0.785	0.657	0.743	0.763	0.642	0.749	0.817	0.744
PE	0.365	0.547	0.547	0.451	0.153	0.451	0.175	0.498	0.599	0.653	0.599	0.653	0.547	0.547	0.825
PI	1.458	2.188	2.188	1.750	0.921	1.750	0.972	1.944	2.500	2.917	2.500	2.917	2.188	2.188	5.833
H(ob)	0.657	0.771	0.771	0.571	0.457	0.714	0.486	0.743	0.800	0.829	0.800	0.829	0.657	0.771	0.800
H(ex)	0.702	0.736	0.798	0.649	0.450	0.726	0.561	0.822	0.729	0.784	0.800	0.703	0.737	0.844	0.667
P	0.193	0.700	0.411	0.721	0.432	0.402	0.398	0.232	0.331	0.119	0.634	0.447	0.040	0.000	0.329

Обозначения как в табл. 1.

Таблица 4. Частоты аллелей и другие статистические параметры для пятнадцати *STR*-локусов у соевых ($n = 58$ хромосом)

Аллель	<i>D3S1358</i>	<i>vWA</i>	<i>FGA</i>	<i>TH01</i>	<i>TPOX</i>	<i>CSF1PO</i>	<i>D5S818</i>	<i>D13S317</i>	<i>D7S820</i>	<i>D16S539</i>	<i>D2S1338</i>	<i>D8S1179</i>	<i>D21S11</i>	<i>D18S51</i>	<i>D19S433</i>
6	-	-	-	0.121	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	0.397	-	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	-
8	-	-	-	0.034	0.569	-	-	0.241	0.190	-	-	-	-	-	-
9	-	-	-	0.241	0.121	0.052	0.034	0.034	0.155	0.172	-	-	-	-	-
9.3	-	-	-	0.172	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	-	-	-	0.034	0.017	0.379	0.052	0.190	0.190	0.155	-	0.086	-	-	-
11	-	-	-	-	0.259	0.293	0.517	0.276	0.379	0.345	-	0.086	-	-	0.017
12	-	-	-	-	0.034	0.259	0.172	0.086	0.052	0.259	-	0.138	-	0.052	0.052
13	-	-	-	-	-	0.017	0.207	0.121	0.034	0.069	-	0.224	-	0.224	0.345
13.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.017
14	0.017	0.069	-	-	-	-	-	0.052	-	-	-	0.190	-	0.241	0.259
14.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.069
15	0.517	0.017	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.224	-	0.069	0.017
15.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.172
16	0.328	0.345	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.052	-	0.086	0.034
16.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.017
17	0.069	0.207	-	-	-	-	-	-	-	-	0.103	-	-	0.069	-
18	0.069	0.293	-	-	-	-	-	-	-	-	0.172	-	-	0.086	-
19	-	0.052	0.052	-	-	-	-	-	-	-	0.155	-	-	-	-
20	-	0.017	0.155	-	-	-	-	-	-	-	0.034	-	-	0.069	-
21	-	-	0.086	-	-	-	-	-	-	-	0.017	-	-	0.017	-
22	-	-	0.190	-	-	-	-	-	-	-	0.052	-	-	0.034	-
23	-	-	0.103	-	-	-	-	-	-	-	0.172	-	-	0.017	-
24	-	-	0.155	-	-	-	-	-	-	-	0.155	-	-	0.017	-
25	-	-	0.172	-	-	-	-	-	-	-	0.052	-	-	0.017	-
26	-	-	0.086	-	-	-	-	-	-	-	0.086	-	-	-	-
28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.017	-	-
29	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.207	-	-
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.483	-	-
30.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.017	-	-
31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.086	-	-
31.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.121	-	-
32.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.017	-	-
33.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.052	-	-
MP	0.208	0.113	0.056	0.151	0.313	0.168	0.213	0.084	0.103	0.118	0.058	0.073	0.132	0.054	0.096
PD	0.792	0.887	0.944	0.849	0.687	0.832	0.787	0.916	0.897	0.882	0.942	0.927	0.868	0.946	0.904
PIC	0.551	0.702	0.841	0.698	0.537	0.643	0.612	0.776	0.721	0.716	0.853	0.804	0.664	0.843	0.743
PE	0.316	0.412	0.719	0.467	0.586	0.586	0.467	0.525	0.525	0.525	0.859	0.586	0.237	0.788	0.525
PI	1.318	1.611	3.625	1.813	2.417	2.417	1.813	2.071	2.071	2.071	7.250	2.417	1.115	4.833	2.071
H(ob)	0.621	0.690	0.862	0.621	0.793	0.793	0.724	0.759	0.759	0.759	0.931	0.793	0.517	0.897	0.690
H(ex)	0.655	0.767	0.873	0.679	0.604	0.713	0.673	0.824	0.770	0.769	0.887	0.842	0.673	0.872	0.733
P	0.807	0.454	0.854	0.291	0.061	0.891	0.121	0.528	0.871	0.560	0.753	0.386	0.170	0.890	0.726

Обозначения как в табл. 1.

Таблица 5. Частоты аллелей и другие статистические параметры для пятнадцати *STR*-локусов у хакасов ($n = 102$ хромосомы)

Аллель	<i>D3S1358</i>	<i>vWA</i>	<i>FGA</i>	<i>TH01</i>	<i>TPOX</i>	<i>CSF1PO</i>	<i>D5S818</i>	<i>D13S317</i>	<i>D7S820</i>	<i>D16S539</i>	<i>D2S1338</i>	<i>D8S1179</i>	<i>D21S11</i>	<i>D18S51</i>	<i>D19S433</i>
6	-	-	-	0.118	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
7	-	-	-	0.441	0.010	-	0.020	-	-	-	-	-	-	-	-
8	-	-	-	0.088	0.529	-	-	0.167	0.235	0.020	-	-	-	-	-
9	-	-	-	0.206	0.069	0.020	0.049	0.137	0.098	0.216	-	-	-	-	-
9.3	-	-	-	0.137	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
10	-	-	-	0.010	0.049	0.196	0.078	0.118	0.176	0.196	-	0.078	-	0.010	-
11	-	-	-	-	0.235	0.235	0.353	0.206	0.225	0.304	-	0.069	-	-	-
12	-	-	-	-	0.098	0.441	0.363	0.245	0.225	0.098	-	0.069	-	0.010	0.049
13	-	-	-	-	0.010	0.098	0.137	0.108	0.029	0.108	-	0.451	-	0.140	0.333
13.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.029
14	0.039	0.069	-	-	-	0.010	-	0.020	0.010	0.059	-	0.167	-	0.260	0.265
14.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.059
15	0.382	0.059	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.069	-	0.230	0.137
15.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.039
16	0.422	0.294	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.078	-	0.090	0.078
17	0.157	0.275	-	-	-	-	-	-	-	-	0.078	0.010	-	0.060	0.010
18	-	0.225	-	-	-	-	-	-	-	-	0.098	0.010	-	0.060	-
19	-	0.069	0.010	-	-	-	-	-	-	-	0.157	-	-	0.060	-
20	-	0.010	0.088	-	-	-	-	-	-	-	0.118	-	-	0.040	-
21	-	-	0.108	-	-	-	-	-	-	-	0.039	-	-	-	-
22	-	-	0.147	-	-	-	-	-	-	-	0.049	-	-	0.040	-
23	-	-	0.284	-	-	-	-	-	-	-	0.186	-	-	-	-
24	-	-	0.186	-	-	-	-	-	-	-	0.147	-	-	-	-
25	-	-	0.127	-	-	-	-	-	-	-	0.108	-	-	-	-
26	-	-	0.029	-	-	-	-	-	-	-	0.020	-	-	-	-
27	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.029	-	-
28.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.029	-	-
29	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.225	-	-
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.382	-	-
30.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.020	-	-
31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.059	-	-
31.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.206	-	-
32	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.010	-	-
32.2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.039	-	-
MP	0.210	0.136	0.060	0.134	0.177	0.137	0.126	0.066	0.080	0.093	0.044	0.106	0.112	0.059	0.072
PD	0.790	0.864	0.940	0.866	0.823	0.863	0.874	0.934	0.920	0.907	0.956	0.894	0.888	0.941	0.928
PIC	0.581	0.739	0.804	0.686	0.605	0.655	0.669	0.801	0.771	0.769	0.860	0.718	0.718	0.819	0.757
PE	0.325	0.880	0.570	0.535	0.277	0.351	0.351	0.643	0.535	0.501	0.840	0.379	0.570	0.715	0.501
PI	1.342	8.500	2.318	2.125	1.214	1.417	1.417	2.833	2.125	1.962	6.375	1.500	2.318	3.571	1.962
H(ob)	0.627	0.941	0.784	0.745	0.588	0.647	0.647	0.824	0.765	0.745	0.922	0.667	0.745	0.860	0.667
H(ex)	0.656	0.782	0.834	0.672	0.654	0.708	0.730	0.833	0.809	0.813	0.884	0.752	0.726	0.849	0.731
P	0.158	0.207	0.500	0.374	0.170	0.435	0.130	0.467	0.311	0.052	0.913	0.248	0.266	0.583	0.784

Обозначения как в табл. 1.

(по локусам *vWA* и *D21S11*), алтайцев (по локусам *D21S11* и *D19S433*) и тофаларов (по локусам *D21S11* и *D18S51*). Возможные причины отклонения от равновесия в данных случаях связаны с действием факторов популяционной динамики, а также с небольшими размерами исследуемых выборок.

Данные настоящей работы вносят важный вклад в создание референтной базы молекулярных данных, необходимой для дальнейшего совершенствования статистической основы судебно-медицинских экспертиз, проводимых в Российской Федерации. Представляется перспективным продолжение исследований изменчивости указанного набора микросателлитных локусов для выявления генетических различий в группах родственных популяций и оценки степени генетической подразделенности населения Северной Евразии.

Работа получила финансовую поддержку Российского фонда фундаментальных исследований (04-04-48746) и Программы фундаментальных исследований Президиума РАН “Динамика генофондов и биоразнообразия” (06-И-П11-033).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Brinkmann B., Junge A., Meyer A., Wiegand P. 1998. Population genetic diversity in relation to microsatellite heterogeneity. *Hum. Mutat.* **11**, 135–144.
2. Sun G., McGarvey S.T., Bayoumi R. et al. 2003. Global genetic variation at nine short tandem repeat loci and implications on forensic genetics. *Eur. J. Hum. Genet.* **11**, 39–49.
3. Корниенко И.В., Земскова Е.Ю., Фролова С.А. и др. 2002. Исследования аллельного полиморфизма молекулярно-генетических индивидуализирующих систем на основе тетрануклеотидных tandemных повторов *LPL*, *vWA* и *TH01* среди населения России. *Судебно-медицинская экспертиза.* **45**, 12–14.
4. Пушкарев В.П., Рахманина Л.В., Новиков П.И., Иванов П.Л. 2004. Исследование с помощью капиллярного электрофореза аллельного разнообразия микросателлитных локусов *D16S539*, *F13B*, *FESFPS*, *TH01* и *TPOX* у европеоидов Уральского региона России. *Судебно-медицинская экспертиза.* **47**, 23–28.
5. Шорохова Д.А., Степанов В.А., Удовенко Ю.Д. и др. 2005. Генетическая вариабельность и дискриминирующий потенциал четырех микросателлитных локусов ДНК в русской популяции. *Молекуляр. биология.* **39**, 965–970.
6. Kornienko I.V., Vodolazhsky D.I., Ivanov P.I. 2002. Genetic variation of the nine Profiler Plus loci in Russians. *Int. J. Legal Med.* **116**, 309–311.
7. Мальярчук Б.А., Woźniak M., Czarny J. и др. 2007. Вариабельность 15 аутосомных микросателлитных локусов ДНК в русской популяции. *Молекуляр. биология.* **41**, 3–7.
8. Степанов В.А. 2002. *Этногеномика населения Северной Евразии.* Томск: Печатная мануфактура.
9. Sambrook J., Fritsch E.E., Maniatis T.R. 1989. *Molecular cloning. A Laboratory Manual.* Cold Spring Harbour, N.Y.: Cold Spring Harbor Lab. Press.
10. Olaisen B., Bär W., Brinkmann B. et al. 1998. DNA Recommendations 1997 of the International Society for Forensic Genetics. *Vox Sanguinis.* **74**, 61–63.
11. Schneider S., Roessli D., Excoffier L. 2000. Arlequin ver. 2000: *A software for population genetics data analysis.* Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.
12. Tereba A. 1999. *Profiles in DNA 3, Tools for Analysis of Population Statistics,* Promega Corporation, <http://www.promega.com/geneticidtools/powerstats/>