

doi 10.18699/vjgb-26-76

Оценка генетических показателей, влияющих на надежность и эффективность реконструкции родословной в популяциях лесных и тундровых ненцев, при использовании X-STR маркеров

К.В. Вагайцева , Н.А. Колесников , О.М. Буренкова , И.А. Волкова , О.Д. Рузавина ,
В.Н. Харьков , В.А. Степанов 

Научно-исследовательский институт медицинской генетики Томского национального исследовательского медицинского центра
Российской академии наук, Томск, Россия

 kseniya.simonova@medgenetics.ru

Аннотация. X-хромосомные STR-маркеры (X-STR) являются информативным инструментом для реконструкции родственных связей, особенно в случаях, когда стандартные аутомсомные панели недостаточно эффективны: при реконструкции родственных отношений между полнородными сестрами, сводными по отцу сестрами, бабушкой по отцовской линии и внучкой, тетей по материнской линии и племянницей. Однако использование X-STR маркеров в ДНК-идентификации требует учета структуры неравновесия по сцеплению и использования частот гаплотипов при расчете отношения правдоподобия (likelihood ratio, LR). В настоящей работе проведена оценка генетической структуры популяций лесных и тундровых ненцев по 16 X-STR маркерам, необходимая для получения референсных значений. Исследована выборка из 504 мужчин ненцев, подразделенная на субэтнические группы (лесные и тундровые ненцы), фратрии тундровых ненцев (Харючи и Вануйто), а также географические локальные группы (индивиды, проживающие в Антипаютинской, Гыданской и Находкинской тундрах). Статистически значимые различия между выборками не обнаружены, попарные значения F_{st} (exact test) не превысили 0.01. Показан средний уровень генетического разнообразия, характерный для популяций коренных народов Сибири. Наиболее полиморфными в популяции ненцев оказались локусы DXS8377 ($H_e = 0.910$) и DXS10079 ($H_e = 0.839$). Тринадцать из 16 маркеров были высокоинформативными ($PI_C > 0.5$). Суммарная исключаяющая способность (CPE) составила 0.99996, что указывает на высокую информативность набора при реконструкции родственных отношений. При попарном анализе структуры неравновесия по сцеплению (LD) статистически значимые отклонения выявлены для 46 из 120 пар маркеров, однако коэффициент r^2 для всех пар аллелей не превысил 0.09, что свидетельствует о слабой силе корреляции между аллелями. В статье приведены референсные значения частот аллелей и генотипов, рекомендуемые для использования в оценке отношения правдоподобия при реконструкции родственных связей. Полученные параметры позволяют повысить надежность и эффективность генетической экспертизы на территории Российской Федерации.

Ключевые слова: ненцы; X-STR; ДНК-идентификация; реконструкция родственных связей; структура неравновесия по сцеплению

Для цитирования: Вагайцева К.В., Колесников Н.А., Буренкова О.М., Волкова И.А., Рузавина О.Д., Харьков В.Н., Степанов В.А. Оценка генетических показателей, влияющих на надежность и эффективность реконструкции родословной в популяциях лесных и тундровых ненцев, при использовании X-STR маркеров. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2026;30(5):755-760. doi 10.18699/vjgb-26-76

Финансирование. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (<https://rscf.ru/project/23-74-10058/>).

Evaluation of genetic parameters affecting the reliability and effectiveness of kinship reconstruction in Forest and Tundra Nenets populations using X-STR markers

K.V. Vagaytseva , N.A. Kolesnikov , O.M. Burenkova , I.A. Volkova , O.D. Ruzavina ,
V.N. Kharkov , V.A. Stepanov 

Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Research Medical Center of the Russian Academy of Sciences, Tomsk, Russia

 kseniya.simonova@medgenetics.ru

Abstract. X-chromosomal STR markers (X-STR) are informative tools for kinship reconstruction, particularly in cases where standard autosomal panels have limited discriminatory power: when reconstructing kinship between full sisters, paternal half-sisters, paternal grandmother and granddaughter, maternal aunt and niece. However, the use of X-STR markers in forensic genetics requires consideration of linkage disequilibrium structure and the use of haplotype

frequencies in calculating the likelihood ratio (LR). In this work, the genetic structure of Forest and Tundra Nenets populations was assessed using 16 X-STR markers in order to obtain reference values. A sample of 504 Nenets males was analyzed, divided into subethnic groups (Forest and Tundra Nenets), phratries of Tundra Nenets (Haryuchi and Vanuito), as well as geographical local groups (individuals living in the Antipayutinskaya, Gydan and Nakhodka tundras). No statistically significant differences were found between the samples, and the pairwise F_{st} values (exact test) did not exceed 0.01. The Nenets population demonstrated an intermediate level of genetic diversity typical of Indigenous Siberian populations. The loci DXS8377 ($H_e = 0.910$) and DXS10079 ($H_e = 0.839$) were found to be the most polymorphic in the Nenets population. Of the 16 markers, 13 were highly informative ($PIC > 0.5$). The combined power of exclusion (CPE) was 0.99996, which indicates that the panel is highly informative for reconstructing kinship relationships. Pairwise analysis of linkage disequilibrium (LD) revealed statistically significant deviations for 46 pairs of markers out of 120; however, the r^2 coefficient for all pairs of alleles did not exceed 0.09, which indicates a weak correlation between alleles. This study provides the reference data of allele and genotype frequencies recommended for use in assessing the likelihood ratio in the reconstruction of kinship relationships. The obtained reference data will contribute to improving the reliability and efficiency of forensic genetic analyses in the Russian Federation.

Key words: Nenets; X-STR; forensic genetic; kinship testing; linkage disequilibrium

For citation: Vagaytseva K.V., Kolesnikov N.A., Burenkova O.M., Volkova I.A., Ruzavina O.D., Kharkov V.N., Stepanov V.A. Evaluation of genetic parameters affecting the reliability and effectiveness of kinship reconstruction in Forest and Tundra Nenets populations using X-STR markers. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii* = *Vavilov J Genet Breed*. 2026;30(5):755-760. doi 10.18699/vjgb-26-76

Введение

Реконструкция родственных связей с помощью анализа генетических маркеров – ключевая задача ДНК-идентификации. Стандартный набор аутосомных STR-маркеров является высокоэффективным инструментом для реконструкции родства первой степени, когда для анализа доступны биологические образцы минимум трех индивидов, предположительно состоящих в родственных отношениях (например, мать, ребенок и предполагаемый отец, так называемое трио). При этом надежность данного подхода в более сложных случаях ниже из-за перекрытия диапазонов значений отношения правдоподобия (likelihood ratio, LR) для истинных родственников и неродственных индивидов (Ge, Budowle, 2020).

Для увеличения информативности в таком случае принято использовать дополнительные генетические маркеры STR, SNP, InDEL. Наиболее информативны для некоторых вариантов реконструкции родословных – маркеры, локализованные на X-хромосоме. Особенности наследования и гемизиготность у мужчин позволяют установить наличие родственных связей между предполагаемым отцом и дочерью, даже если биологический образец мужчины не доступен для анализа (в таком случае к экспертизе привлекается образец матери мужчины). Показано, что включение в анализ 12 X-STR маркеров приводит к росту эффективности экспертизы для следующих типов родственных пар: полнородные сестры, сводные сестры по отцу, бабушка со стороны отца–внучка, а также тетя по матери–племянница, тетя по матери–племянник. Для остальных категорий родства эффект от включения X-STR сопоставим с включением дополнительных аутосомных STR-маркеров, а в некоторых случаях (например, дядя по матери–племянник) уступает ему (Zhang et al., 2021a). При этом использование X-хромосомных маркеров в практике ДНК-идентификации приводит к некоторому усложнению статистических расчетов за счет сцепления локусов.

Согласно рекомендациям международного сообщества судебных генетиков (ISFG), при применении наборов,

включающих сцепленные маркеры, в ходе вероятностных оценок необходимо использовать частоты гаплотипов и учитывать структуру неравновесия по сцеплению (Tillmar et al., 2017). При этом оба этих показателя не являются универсальными, а варьируют в зависимости от генетико-демографической истории популяции. Поэтому перед внедрением любого набора X-STR маркеров в экспертную практику для конкретной популяции необходимо проведение популяционно-генетических исследований.

Цель этой работы – анализ генетической структуры популяции лесных и тундровых ненцев по 16 X-STR маркерам для формирования референсной базы, необходимой для увеличения эффективности реконструкции родственных отношений в практике ДНК-идентификации.

Проведение настоящего исследования одобрено Комитетом по биомедицинской этике Научно-исследовательского института медицинской генетики Томского НИМЦ (протокол номер 19 от 13.10.23).

Материалы и методы

Материалом исследования послужила выборка мужчин ненцев (760 образцов), принадлежащая биобанку биологических образцов «Биобанк населения Северной Евразии» Научно-исследовательского института медицинской генетики. Из данной выборки были исключены индивиды, являющиеся близкими родственниками (отец и сын, братья, дядя и племянник). Родство, популяционная принадлежность, место рождения и проживания были установлены на основе анкетирования. В результате фильтрации выборка сократилась до 504 образцов. В итоговой выборке можно выделить ряд подвыборок: лесные (46 образцов) и тундровые (458 образцов) ненцы; тундровые ненцы из фратрии Харючи (288 образцов); тундровые ненцы из фратрии Вануйто (158 образцов); ненцы, проживающие в Антипаютинской (107 образцов), Гыданской (56 образцов) и Находкинской (59 образцов) тундрах. Забор венозной крови у доноров проводили с соблюдением процедуры письменного информированного согласия на проведение исследования.

Генотипирование образцов по X-STR маркерам осуществляли методом мультиплексной полимеразной цепной реакции с последующим анализом продуктов на генетическом анализаторе «Нанофор 05» («Синтол», Россия). Структура праймеров и анализируемых маркеров представлена в публикации Y. Zhang с коллегами (2021b). Для проведения полимеразной цепной реакции (ПЦР) реакции использовали реакционную смесь и активатор компании «Гордиз» (Россия). В состав ПЦР-смеси на один образец входило 2 мкл активатора, 2 мкл реакционной смеси, 1 мкл образца ДНК с концентрацией более 10 нг/мкл, 5 мкл деионизированной воды. Полимеразную цепную реакцию выполняли при следующих условиях: 95 °C 5 мин; 36 циклов: 95 °C 30 с, 60 °C 45 с, 72 °C 45 с. Заключительная элонгация: 72 °C 4 мин. Оценку флуоресцентных пиков проводили в программном обеспечении «GeneMarker». Соответствие размеров фрагментов аллелям устанавливали с помощью контрольных образцов 9947DNA (Applied Biosystems, США) и МК01 («Гордиз»). Экспериментальные исследования осуществлены на базе Центра коллективного пользования научно-исследовательским оборудованием «Медицинская геномика» (НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ).

Информационное содержание полиморфизма (PIC), ожидаемую гетерозиготность (He) и исключаящую способность (PE) рассчитывали с использованием онлайн-калькулятора ChrX-STR.org (база данных ChrX-STR.org, дата обращения: 10.01.2026). Значение исключяющей способности всего набора маркеров (SoftGenetics LLC, 2012), эффективное число аллелей (Ne), частоты аллелей рассчитывали стандартным способом с помощью программного пакета MS Excel. Анализ молекулярной дисперсии (AMOVA), оценку попарных значений F_{st} и R_{st} , оценку структуры неравновесия по сцеплению (LD), оценку частот гаплотипов проводили с использованием про-

граммного средства Arlequin v.3.5 (Excoffier, Lischer, 2010; Gusmão et al., 2025). Анализ методом главных компонент выполнен в среде R с помощью пакетов FactoMineR (функция PCA) и factoextra для визуализации (Lê et al., 2008).

Результаты

Генетическая дифференциация популяций

Первым этапом исследования стала оценка возможности объединения выборок ненцев в метапопуляцию. С этой целью для визуализации общих генетических взаимоотношений между индивидами был построен график методом главных компонент (PCA) (см. рисунок).

Распределение индивидов в пространстве двух первых главных компонент (которые в сумме объясняют 16.51 % общей изменчивости) не демонстрирует формирования обособленных кластеров, соответствующих выборке лесных или тундровых ненцев. Для оценки генетической дифференциации с помощью F-статистики мы использовали три показателя, два из них характеризуют силу дифференциации (F_{st} , σ^2), один (exact test) – статистическую значимость дифференциации (табл. 1).

Значения попарного F_{st} во всех сравнениях очень низкие (от 0.001 до 0.010), это свидетельствует о слабой генетической подразделенности популяций, что объясняется интенсивным потоком генов между популяциями и относительно недавним временем дивергенции. Точный тест показал отсутствие статистически значимых различий между популяциями.

Генетическое разнообразие и идентификационный потенциал

Поскольку величина генетической дифференциации между изученными выборками не превысила 1 %, согласно общемировой практике (Gusmão et al., 2025), таким уров-



Распределение образцов лесных и тундровых ненцев в пространстве двух первых главных компонент.

Таблица 1. Показатели генетической дифференциации популяций ненцев

Группа сравнения	Fst (p)	σ^2	p-value (exact test)
Лесные/тундровые	0.007 (0.009)	0.062	1
Харючи/Вануйто	0.001 (0.233)	0.022	1
Антипаютинская/Гыданская	0.006 (0.041)	0.103	1
Антипаютинская/ Находкинская	0.010 (0.002)	0.139	
Гыданская/Находкинская	0.003 (0.231)	0.028	

Примечание. Fst (p) – попарные значения Fst (population comparisons), в скобках приведены значения уровня значимости; σ^2 – генетическая дистанция между микросателлитными локусами; p-value – значения уровня значимости для точного теста популяционной дифференциации (population differentiation).

нем различий было решено пренебречь. Все образцы были объединены в единую метапопуляцию (504 образца) для оценки генетического разнообразия и идентификационного потенциала X-STR маркеров (табл. 2).

Результаты расчетов показали, что популяция ненцев демонстрирует средние показатели генетического разнообразия, что типично для коренных народов Сибири, находящихся в относительной изоляции (Вагайцева и др., 2015, 2025). Как видно из табл. 2, эффективное число аллелей варьирует от 1.882 (DXS7423) до 11.169 (DXS8377), а ожидаемая гетерозиготность (He) – от 0.469 (DXS7423) до 0.910 (DXS8377), что свидетельствует о выраженной вариабельности в уровне полиморфизма между локусами. Согласно классификации D. Botstein с коллегами (1980), 13 из 16 маркеров (81.3 %) являются высокоинформативными (PIC > 0.5), включая наиболее полиморфные DXS10079 и DXS8377 (PIC > 0.8). Общий уровень исключаяющей способности (CPE) всего набора маркеров составил 0.99996. Полученные значения сопоставимы с показателями, характерными для других коренных народов Сибири, однако уступают таковым в европейских популяциях (Вагайцева и др., 2015; Mršić et al., 2017).

Структура неравновесия по сцеплению

Локализация анализируемых маркеров на X-хромосоме как дает им преимущества для реконструкции родственных связей, так и усложняет анализ. Аллели локусов, находящиеся в сцеплении, наследуются совместно, формируя гаплотипы. Игнорирование в вероятностных расчетах структуры неравновесия по сцеплению, при котором наблюдаемая частота гаплотипа в популяции статистически значимо отклоняется от произведения частот составляющих его аллелей, может привести к систематическим ошибкам.

Различия в генетико-демографической истории популяции формируют уникальный паттерн неравновесия по сцеплению, который требует эмпирической оценки для каждой конкретной популяции и не позволяет экстраполировать данные, полученные при анализе одних выборок, на другие популяции. Для эмпирической оценки структуры неравновесия по сцеплению между рассматриваемыми X-STR в метапопуляции ненцев локусами был проведен

попарный анализ с расчетом двух общепринятых показателей: уровня значимости для каждой пары локусов (p-value) и квадрата корреляции r^2 . Матрица p-значений (табл. 3) демонстрирует множество статистически значимых ассоциаций. При пороговом уровне значимости $p < 0.05$ статистически значимое LD показали 46 пар локусов из 120. В то же время значения r^2 для всех пар аллелей не превысили 0.09. Это означает, что несмотря на статистическую значимость, сила корреляции низка.

Референсные данные

Референсные данные, необходимые для проведения вероятностных расчетов при реконструкции родственных связей в популяции ненцев, представлены в Приложении¹. В таблицах Приложения приведены частоты аллелей 16 X-STR локусов и частоты гаплотипов локусов, находящихся в одной группе сцепления: II группа сцепления (DXS7132–DXS10079), III группа сцепления (DXS10103–HPRTB), IV группа сцепления (DXS8377–DXS7423) (база данных ChrX-STR.org, дата обращения 10.01.2026).

Обсуждение

Ненцы – коренной народ Севера России, относящийся к уральской языковой семье. Они подразделяются на две основные субэтнические группы – лесных и тундровых ненцев, различающихся географией расселения, культурными особенностями и диалектами. У тундровых ненцев выделяют две основные фратрии: Харючи (Харюца) и Вануйто (Вануэта) (Хомич, 1966). Проведенный В.Н. Харьковым с коллегами анализ рассматриваемых нами выборок по маркерам Y-хромосомы показал высокую степень генетической дифференциации, полностью соответствующей родовой и фратриальной организации (Zvénigorosky et al., 2020; Харьков и др., 2025). Полученные в нашем исследовании результаты анализа X-STR, напротив, продемонстрировали отсутствие значимых различий между выборками (exact test, $p = 1$). Такие различия в уровне генетической дифференциации свидетельствуют об асимметричном потоке генов, обусловленном социальной организацией.

Ключевые характеристики ненецкой брачной системы – это патрилинейность, экзогамия и патрилокальность (Хомич, 1966). В отличие от мужчин, женщины активно перемещались между родами, фратриями и даже субэтническими группами. Наши данные согласуются с демографической историей популяции ненцев. Результаты исследования X-STR маркеров показали средний уровень генетического разнообразия в анализируемой популяции ненцев. Это объясняется действием эффекта основателя при заселении человеком Северной Евразии и последующим генетическим дрейфом в изолированных группах.

Попарный анализ Fst продемонстрировал низкий уровень генетической дифференциации, значения не превышали 1 %. Из пяти попарных сравнений статистическая значимость ($p < 0.05$) была обнаружена только в двух. При этом различия между выборками Антипаютинской и Находкинской тундр (Fst = 0.010, $p = 0.002$) превы-

¹ Приложение см. по адресу:
<https://vavilovj-icg.ru/download/pict-2026-30/appx41.xlsx>

Таблица 2. Параметры генетического разнообразия и исключяющей способности X-STR метапопуляции ненцев

GATA31E08		DXS10079	DXS10103	DXS7132	DXS9895	DXS7133	DXS7424	DXS7423	DXS6789	DXS9902	DXS6810	DXS8377	HPRTB	DXS6797	DXS6804	GATA165B12
Na	7	9	7	6	5	4	8	4	9	5	4	18	8	8	6	4
Ne	4.282	6.201	3.960	3.676	2.855	2.308	4.083	1.882	3.913	3.012	2.416	11.169	3.636	3.413	3.878	2.184
PIC	0.729	0.819	0.714	0.682	0.584	0.500	0.724	0.424	0.708	0.602	0.522	0.903	0.682	0.660	0.703	0.472
He	0.766	0.839	0.747	0.729	0.650	0.567	0.755	0.469	0.744	0.668	0.586	0.910	0.725	0.707	0.743	0.542
PE	0.538	0.673	0.505	0.474	0.355	0.253	0.519	0.162	0.500	0.380	0.274	0.817	0.468	0.439	0.497	0.227

Примечание. Na – наблюдаемое число аллелей на локус; Ne – эффективное число аллелей; PIC – значение информационного содержания полиморфизма; He – ожидаемая гетерозиготность; PE – исключяющая способность.

Таблица 3. Матрица *p*-значений при оценке структуры неравновесия по сцеплению (LD)

Локусы	DXS9902	DXS9895	DXS6810	DXS7132	DXS10079	DXS6789	DXS7424	DXS6797	DXS7133	DXS6804	GATA165B12	DXS10103	HPRTB	GATA31E08	DXS8377
DXS9902	*														
DXS9895	0.0000	*													
DXS6810	0.0299	0.1000	*												
DXS7132	0.0136	0.1778	0.1298	*											
DXS10079	0.2127	0.4524	0.0006	0.0000	*										
DXS6789	0.1210	0.0022	0.0020	0.3529	0.0000	*									
DXS7424	0.3006	0.2589	0.5006	0.2559	0.3805	0.0000	*								
DXS6797	0.5259	0.0000	0.0277	0.2368	0.2640	0.0285	0.0000	*							
DXS7133	0.3248	0.3343	0.2124	0.2066	0.5788	0.0815	0.0015	0.0047	*						
DXS6804	0.1663	0.0081	0.3119	0.0438	0.2698	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	*					
GATA165B12	0.5644	0.3142	0.0650	0.7254	0.0202	0.0016	0.0355	0.0008	0.4632	0.3574	*				
DXS10103	0.4066	0.0924	0.4195	0.5312	0.1546	0.0000	0.4138	0.1351	0.2672	0.8459	0.0888	*			
HPRTB	0.4551	0.0358	0.2916	0.2064	0.0150	0.3056	0.1193	0.3816	0.7270	0.0472	0.0514	0.0000	*		
GATA31E08	0.0000	0.0000	0.0178	0.1458	0.0393	0.4363	0.2963	0.1192	0.7810	0.0983	0.2668	0.0000	0.0000	*	
DXS8377	0.2403	0.4584	0.8199	0.6650	0.0009	0.3204	0.0033	0.3578	0.0414	0.0726	0.0000	0.0060	0.2131	0.0148	*
DXS7423	0.1433	0.0382	0.3474	0.0152	0.6663	0.0932	0.0498	0.0873	0.3627	0.2202	0.5829	0.1132	0.9637	0.1002	0.0000

шают таковые между лесными и тундровыми ненцами ($F_{st} = 0.007$, $p = 0.009$). Для сравнения, в нашем другом исследовании с использованием 18 маркеров X-STR также выявлены слабые статистически значимые различия ($R_{st} = 0.007$, $p = 0.002$) между двумя другими популяциями Сибири (теленгитами и алтай-кижи), при этом уровень генетического разнообразия (H_e) в алтайских популяциях был выше (средняя H_e в популяции ненцев = 0.697, в популяции алтай-кижи = 0.726 и в популяции теленгитов = 0.723) (Вагайцева и др., 2025). Значение суммарной исключительной способности ($CPE = 0.99996$) подтверждает, что представленная панель из 16 X-STR достаточно информативна и может быть использована для реконструкции родословной в ненецкой популяции. Выявлено, что при реконструкции родственных связей индивидов из ненецкой популяции можно не учитывать территорию проживания анализируемых индивидов, благодаря отсутствию статистически значимой дифференциации между проанализированными группами ненцев (exact test, $p = 1$; $F_{st} < 1\%$). При этом следует отметить, что в данной работе анализируемая выборка лесных ненцев небольшая (46 образцов), это может влиять на полученные результаты. Тем не менее представленные данные являются наиболее полной на сегодняшний день характеристикой генетической структуры популяции ненцев по X-STR маркерам.

Заключение

Проведенные исследования позволили получить референсные данные по 16 X-STR маркерам для популяции ненцев, необходимые для повышения эффективности и надежности генетической экспертизы. Это особенно актуально для популяций коренных народов Сибири, поскольку низкий уровень генетического разнообразия нейтральных маркеров, используемых в ДНК-идентификации, делает стандартные aSTR (STR, локализованные на аутосомах) менее информативными (Zvenigorosky et al., 2020). Полученные параметры могут быть использованы в практике ДНК-идентификации для повышения надежности генетической экспертизы на территории Российской Федерации.

Список литературы / References

- Вагайцева К.В., Харьков В.Н., Черпинская К.В., Хитринская И.Ю., Степанов В.А. Генетическая вариабельность X-сцепленных STR-маркеров в популяциях Сибири. *Молекулярная биология*. 2015;49(2):305-312. doi 10.7868/S0026898415020147 [Vagaitseva K.V., Kharkov V.N., Cherpinskaya K.V., Khitrinskaya I.Yu., Stepanov V.A. Genetic variability of X-linked STR markers in Siberian populations. *Mol Biol*. 2015;49(2):267-274. doi 10.1134/S0026893315020132]
- Вагайцева К.В., Колесников Н.А., Скалин М.Д., Валихова Л.В., Рузавина О.Д., Пестрецова Д.Е., Высочина А.Н., Харьков В.Н., Степанов В.А. Генетическое разнообразие популяций теленгитов и алтай-кижи по маркерам, используемым в ДНК-идентификации. *Вестник Томского государственного университета. Биология*. 2025;69:29-37. doi 10.17223/19988591/69/4 [Vagaitseva K.V., Kolesnikov N.A., Skalin M.D., Valikhova L.V., Ruzavina O.D., Pestretsova D.E., Vysochina A.N., Kharkov V.N., Stepanov V.A. Genetic diversity of Telengite and Altai-kizhi populations by markers used in forensic genetics. *Vestnik Tomskogo Gosudarstvennogo Universiteta. Biologiya = Tomsk State University Journal of Biology*. 2025;69:29-37. doi 10.17223/19988591/69/4 (in Russian)]
- Харьков В.Н., Валихова Л.В., Адамов Д.С., Зарубин А.А., Хитринская И.Ю., Степанов В.А. Особенности генофондов лесных и тундровых ненцев по гаплогруппам Y-хромосомы. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2025;29(5):711-721. doi 10.18699/vjgb-25-78 [Kharkov V.N., Valikhova L.V., Adamov D.S., Zarubin A.A., Khitrinskaya I.Yu., Stepanov V.A. The Forest and Tundra Nenets: differences in Y-chromosome haplogroups. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii = Vavilov J Genet Breed*. 2025;29(5):711-721. doi 10.18699/vjgb-25-78]
- Хомич Л.В. Ненцы: историко-этнографические очерки. СПб.: Наука, 1966 [Khomich L.V. The Nenets: Historical and Ethnographic Essays. St. Petersburg: Nauka Publ., 1966 (in Russian)]
- Botstein D., White R.L., Skalnick M.H., Davies R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *Am J Hum Genet*. 1980;32(3):314-331
- Excoffier L., Lischer H.E.L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol Ecol Resour*. 2010;10(3):564-567. doi 10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x
- Ge J., Budowle B. How many familial relationship testing results could be wrong? *PLoS Genet*. 2020;16(8):e1008929. doi 10.1371/journal.pgen.1008929
- Gusmão L., Antão-Sousa S., Faustino M., Abovich M.A., Aguirre D., Alghafri R., Alves C., ... Turchi C., Vullo C., Yurrebaso I., Pereira V., Pinto N. X-chromosomal STRs: metapopulations and mutation rates. *Forensic Sci Int Genet*. 2025;76:103232. doi 8.1016/j.fsigen.2025.103232
- Lê S., Josse J., Husson F. FactoMineR: an R package for multivariate analysis. *J Stat Softw*. 2008;25(1):1-18. doi 10.18637/jss.v025.i01
- Mršić G., Ozretić P., Crnjac J., Merkaš S., Račić I., Rožić S., Sukser V., Popović M., Korolija M. Analysis of 12 X-STR loci in the population of south Croatia. *Mol Biol Rep*. 2017;44(1):183-189. doi 10.1007/s11033-017-4096-1
- SoftGenetics LLC. GeneMarker® HID Software User Manual. Version 2.0. State College, PA: SoftGenetics LLC, 2012
- Tillmar A.O., Kling D., Butler J.M., Parson W., Prinz M., Schneider P.M., Egeland T., Gusmão L. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics (ISFG): guidelines on the use of X-STRs in kinship analysis. *Forensic Sci Int Genet*. 2017;29:269-275. doi 10.1016/j.fsigen.2017.05.005
- Zhang Y., Yu Z., Mo X., Zhao X., Li W., Liu H., Liu C., Wu R., Sun H. Comparative evaluation of autosomal STRs and X-chromosome STRs as a complement of autosomal STRs in kinship testing in Southern Han Chinese. *Ann Hum Biol*. 2021a;48(1):66-69. doi 10.1080/03014460.2020.1856926
- Zhang Y., Yu Z., Mo X., Zhao X., Li W., Liu H., Liu C., Wu R., Sun H. Development and validation of a new 18 X-STR typing assay for forensic applications. *Electrophoresis*. 2021b;42(6):766-773. doi 10.1002/elps.202000168
- Zvenigorosky V., Sabbagh A., Gonzalez A., Fausser J.L., Palstra F., Romanov G., Solovyev A., Barashkov N., Fedorova S., Crubézy É., Ludes B., Keyser C. The limitations of kinship determinations using STR data in ill-defined populations. *Int J Legal Med*. 2020;134(6):1981-1990. doi 10.1007/s00414-020-02298-w
- ChrX-STR.org 2.0 [site]. Forensic ChrX Research; [n.d.; updated Jun 25, 2009; cited Jan 10, 2026]. Available from: <https://www.chrx-str.org/xd/index.jsf>

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила в редакцию 13.04.2026. После доработки 28.04.2026. Принята к публикации 12.05.2026.