

doi 10.18699/vjgb-25-77

Полиморфизм митохондриальных геномов у восточнославянского населения Северо-Востока Сибири

Б.А. Малярчук , Г.А. Денисова , А.Н. Литвинов 

Институт биологических проблем Севера Дальневосточного отделения Российской академии наук, Магадан, Россия
 malbor@mail.ru

Аннотация. Информация о полиморфизме митохондриальной ДНК (мтДНК) на популяционном уровне вызывает большой интерес со стороны исследователей в области популяционной и этнической генетики, судебной медицины и криминалистики. В настоящей работе получены данные об изменчивости целых митохондриальных геномов у пришлого восточнославянского населения Северо-Востока Сибири (на примере Магаданской области), а также новые сведения об изменчивости мтДНК у жителей Магаданской области – русских ($N = 49$) и украинцев ($N = 15$) – по материнской линии, а также метисного происхождения – русских по материнской линии и коренных жителей (коряки, эвены, ительмены) по отцовской линии ($N = 4$). Кроме этого, для повышения информативности филогеографического анализа секвенированы митогеномы русских Новгородской, Калужской и Ярославской областей ($N = 15$). Результаты проведенного исследования показали, что митохондриальный генофонд пришлого восточнославянского населения Магаданской области характеризуется высоким уровнем генетического разнообразия. Результаты анализа генетической дифференциации популяций русского населения России по данным об изменчивости целых митохондриальных геномов свидетельствуют о низком уровне межпопуляционных различий ($F_{st} = 0.15 \%$, $P = 0.2$). По результатам многомерного шкалирования F_{st} -дистанций русские Магаданской области кластеризуются с русскими юго-западной части страны – популяциями Белгородской и Орловской областей. В генофонде русского населения Магаданской области преобладают гаплотипы мтДНК западноевразийского (включая европейское) происхождения. Доля гаплотипов восточноазиатского происхождения у русских невелика (4.8 %), однако часть из них (гаплогруппы F1b1 и Z1a1a), согласно результатам филогеографического анализа, длительное время эволюционировала в генофондах популяций Восточной Европы. Среди европейских по происхождению гаплотипов мтДНК у магаданских русских преобладают восточноевропейские варианты, а также у них высока доля гаплотипов мтДНК, специфичных для славян (19.4 %). В митохондриальных генофондах русских и украинцев Магаданской области обнаружены редкие гаплотипы, родственные материнским линиям императрицы Александры Федоровны Романовой (гаплогруппа H1af2) и князя Дмитрия, сына князя Александра Невского (гаплогруппа F1b1-a3a2a).

Ключевые слова: митохондриальный геном; генетический полиморфизм; молекулярная филогеография; восточные славяне; Северо-Восток Сибири

Для цитирования: Малярчук Б.А., Денисова Г.А., Литвинов А.Н. Полиморфизм митохондриальных геномов у восточнославянского населения Северо-Востока Сибири. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2025; 29(5):704-710. doi 10.18699/vjgb-25-77

Mitochondrial genome polymorphism in the East Slavic population of Northeastern Siberia

B.A. Malyarchuk , G.A. Denisova , A.N. Litvinov 

Institute of Biological Problems of the North of the Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences, Magadan, Russia
 malbor@mail.ru

Abstract. Data on mitochondrial DNA (mtDNA) polymorphism at the population level are of significant interest to researchers in the fields of population and ethnic genetics, forensic medicine, and forensic science. In the present study, we have obtained data on the variability of whole mitochondrial genomes in the immigrant East Slavic population of Northeastern Siberia (using the Magadan region as an example). The study yielded novel data concerning mtDNA variability in the Magadan region's inhabitants comprising maternal lineages of Russians ($N = 49$) and Ukrainians ($N = 15$), as well as individuals with a mixture of maternal and paternal ancestries, including Russians on the maternal side and indigenous populations (Koryaks, Evenes, and Itelmens) on the paternal side ($N = 4$). In addition, the mitogenomes of the Russian population from the Novgorod, Kaluga, and Yaroslavl regions ($N = 15$) were sequenced to enhance the power of the phylogeographic analysis. The results of the study demonstrated that the mitochondrial gene pool of the East Slavic immigrant population in the Magadan region is characterized by a high

level of diversity. The analysis of genetic differentiation of Russian populations within Russia, as measured by the variability of complete mitochondrial genomes, revealed a low level of interpopulation differences ($F_{st} = 0.15$, $P = 0.2$). The results of multidimensional scaling of F_{st} distances indicate that the Russians residing in the Magadan region are genetically similar to the Russian populations inhabiting the southwestern part of the country, specifically the Belgorod and Orel regions. The gene pool of the Russian population in the Magadan region is predominantly characterized by mtDNA haplotypes of West Eurasian (including European) origin. The prevalence of East Asian-derived haplotypes among the Russian population is relatively low, accounting for approximately 4.8 % of the total. However, certain East Asian-specific haplogroups, such as F1b1 and Z1a1a, have demonstrated a prolonged presence in the gene pools of Eastern European populations, as evidenced by phylogeographic analysis. Among the European mtDNA haplotypes of Russians from the Magadan region, Eastern European variants predominate, and they also have a high proportion of mtDNA haplotypes specific to Slavs (19.4 %). Furthermore, rare mtDNA haplotypes have been identified in the mitochondrial gene pools of Russians and Ukrainians residing in the Magadan region. These rare haplotypes are linked to the maternal lines of Empress Alexandra Fedorovna Romanova (haplogroup H1af2) and Prince Dmitry, son of Prince Alexander Nevsky (haplogroup F1b1-a3a2a).

Key words: mitochondrial genome; genetic polymorphism; molecular phylogeography; Eastern Slavs; Northeastern Siberia

For citation: Malyarchuk B.A., Denisova G.A., Litvinov A.N. Mitochondrial genome polymorphism in the East Slavic population of Northeastern Siberia. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii* = *Vavilov J Genet Breed.* 2025;29(5):704-710. doi 10.18699/vjgb-25-77

Введение

Митохондриальная ДНК (мтДНК) наследуется по материнской линии без рекомбинаций и представляет тем самым очень информативную генетическую систему для исследования генетической истории популяций и реконструкции миграций. Интерес к изучению процессов формирования пришлого населения Сибири, имеющего восточноевропейское (преимущественно русское) происхождение, с помощью маркеров мтДНК возник еще на этапе первых популяционных исследований полиморфизма ДНК митохондрий в России (Лемза, Соколова, 1992; Мальярчук и др., 1994; Деренко, Мальярчук, 1996; Казаковцева и др., 1998). Эти и более поздние исследования (Gubina et al., 2014) показали, что пришлое население Сибири, как и ожидалось, характеризуется высоким разнообразием митохондриальных линий преимущественно европейского происхождения. Это обусловлено миграционными процессами, начатыми в XVI–XVII вв. в связи с освоением Сибири русскими землепроходцами и продолжившимися позже во времена капиталистического и социалистического развития российского общества.

Аналогично исследования полиморфизма мтДНК у русских староверов Сибири, обособившихся в середине XVII в., выявили, что генетическая структура староверов соответствует таковой для европейских популяций, включая русских, хотя частота восточноазиатского компонента в генофонде русских староверов несколько выше, чем у современных русских Новосибирской области (Gubina et al., 2014). Это может быть обусловлено более интенсивными брачными связями староверов с коренным населением Сибири на протяжении нескольких веков соседствования.

Между тем исследования полиморфизма мтДНК у русских старожилов – потомков русских служилых и промысловых людей, обосновавшихся на Крайнем Севере Восточной Сибири также с середины XVII в., продемонстрировали очень высокий вклад восточноазиатских гаплотипов (100 % у походчан и марковцев, 67 % у русскоустыинцев) в генофонды русских старожилов (Сукерник и др., 2010; Borisova et al., 2024). Очевидно, что это обусловлено особенностями истории формирования по-

пуляций русских старожилов, а именно брачными связями выходцев из Восточной Европы (казаков, купцов, промышленников) с коренными жителями, преимущественно юкагирского происхождения (Сукерник и др., 2010; Solovyev et al., 2023; Borisova et al., 2024).

Сходным образом организованы генетические структуры и современного коренного населения на Северо-Востоке Сибири. В генофондах коряков, эвенков и чукчей также наблюдается асимметрия по вкладу материнских (по мтДНК) и отцовских (по Y-хромосоме) линий европейского происхождения – отцовские линии такого рода резко преобладают над материнскими (Балановская и др., 2020; Агджоян и др., 2021; Derenko et al., 2023; Solovyev et al., 2023; Мальярчук, Деренко, 2024; Borisova et al., 2024). На территории Магаданской области в XVII–XVIII вв. также стали появляться первые поселения, основанные русскими землепроходцами и торговцами (Тауйск, Гижигинск, Ямск, Ола и другие поселки). Однако лишь начиная с 1930-х годов в регион направились сотни тысяч людей – главным образом в связи с хозяйственным освоением этого богатого региона Сибири. Таким образом, в Магаданской области стало складываться так называемое пришлое население, представленное в основном русскими (81.5 %) и украинцами (6.3 %) (по данным Росстата за 2010 г.). Доля коренного аборигенного населения составляет около 3 % от всего населения Магаданской области численностью 133 387 человек (по данным Росстата 2024 г.).

В настоящей работе представлены данные об изменчивости целых митохондриальных геномов у пришлого населения Магаданской области с целью филогеографической идентификации митохондриальных гаплотипов и исследования межпопуляционных взаимоотношений русского населения Российской Федерации.

Материалы и методы

Определены нуклеотидные последовательности целых митохондриальных геномов у русских по материнской линии жителей Магаданской области (г. Магадан и поселки Северо-Эвенского района; $N = 49$). Для проведения филогеографического анализа также секвенированы ми-

тохондриальные геномы жителей Магаданской области: 15 украинцев (по материнской линии) и 4 индивидумов метисного происхождения – русских по материнской линии и коренных жителей (коряки, эвены, ительмены) по отцовской линии (Приложение, табл. S1)¹.

Кроме этого, для повышения информативности филогеографического анализа секвенированы митогеномы русского населения Новгородской, Калужской и Ярославской областей ($N = 10, 3$ и 2 соответственно) (см. табл. S1). Для секвенирования целых молекул мтДНК использованы методы и подходы, описанные нами ранее (Деренко, Малайчук, 2010). Нуклеотидные последовательности митохондриальных геномов депонированы в GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov) под номерами PQ285752-PQ285800, PQ300111-PQ300129 и PQ283331-PQ283345.

Филогенетические взаимоотношения между нуклеотидными последовательностями мтДНК анализировали с помощью метода максимальной экономии, реализованного в пакете компьютерных программ mtPhyl v4.015 (<https://isogg.org/wiki/MtPhyl>). Полиморфизм длины участков мтДНК 16180-16193, 309-315 и 514-524, а также замену в нуклеотидной позиции 16519 при построении деревьев не учитывали. Для определения эволюционного возраста монофилетических кластеров мтДНК использовали заложенные в программе mtPhyl молекулярные часы, основанные на коррекции долговременной филогенетической скорости мутаций в мтДНК человека (одна нуклеотидная замена в целом митогеноме за 3624 года, или 1.665×10^{-8} замен на сайт в год) с учетом действия отрицательного отбора (Soares et al., 2009).

В работе использована филогенетическая классификация гаплогрупп мтДНК, предложенная разработчиками ресурса PhyloTree (www.phylotree.org). Кроме этого, применяли регулярно обновляемую классификацию вариантов мтДНК, представленную ресурсом YFull MTree (<https://www.yfull.com/mtree/>). Монофилетические кластеры мтДНК учитывались нами как этноспецифичные, если не менее 75 % гаплотипов мтДНК в кластере были характерны только для представителей определенной этнической группы (например, русские) или этнической общности (славяне). Для филогеографического анализа мтДНК использовали информацию об изменчивости целых митогеномов у представителей различных популяций человека, согласно данным GenBank, Logan DNA Project (<http://www.ianlogan.co.uk>), YFull MTree. По состоянию на конец 2024 г. в GenBank содержится более 61 000 митохондриальных геномов от представителей различных этнических групп мира (<https://www.mitomap.org/foswiki/bin/view/MITOMAP/GBFreqInfo>). Этническая принадлежность исследованных образцов установлена на основании сведений, представленных в базах данных.

Для проведения сравнительного анализа полногеномной изменчивости мтДНК на популяционном уровне задействовали опубликованные ранее данные для популяций русских европейской части страны (Malyarchuk et al., 2017). В выборку русского населения Магаданской области, кроме 49 новых последовательностей мтДНК, вошли

секвенированные ранее 13 митохондриальных геномов (см. табл. S1). Параметры генетического разнообразия в популяциях рассчитывали с помощью программ пакета DnaSP 5.10.01 (Librado, Rozas, 2009). Анализ молекулярной изменчивости (AMOVA, *Fst*-анализ), основанный на попарных нуклеотидных различиях между митогеномами, выполняли с помощью пакета программ Arlequin 3.5.1.2 (Excoffier, Lischer, 2010). Расположение популяций в двухмерном пространстве исследовали с применением метода многомерного шкалирования межпопуляционных *Fst*-различий, реализованного в пакете программ STATISTICA10 package (StatSoft Inc.).

Результаты и обсуждение

Межпопуляционные различия русского населения по данным об изменчивости целых митохондриальных геномов

Анализ изменчивости мтДНК показал, что исследованная выборка русского населения Магаданской области (49 новых и 13 ранее секвенированных митогеномов) на популяционном уровне не отличается от других выборок русского населения европейской части России по основным параметрам генетического разнообразия (табл. 1). По этим показателям русские Магаданской области занимают промежуточное положение среди популяций русских, для которых самые низкие значения среднего числа попарных нуклеотидных различий (k) наблюдаются у русских Псковской и Новгородской областей, а самые высокие – у русских Владимирской области. Параметр Tajima's D, используемый для тестирования нейтральности эволюции мтДНК в популяциях, у русских Магаданской области имеет значимо отрицательное значение, что характерно и для других европейских популяций, включая русских (Литвинов и др., 2020). Это свидетельствует о воздействии отрицательного отбора на изменчивость мтДНК.

Анализ *Fst*-различий между митохондриальными геномами русского населения показал отсутствие межпопуляционных различий ($Fst = 0.15 \%$, $P = 0.2$). При попарных сравнениях статистически значимые различия выявляются только между популяцией Владимирской области и северо-западными популяциями русского населения Псковской и Новгородской областей (табл. 2). Между тем по результатам многомерного шкалирования межпопуляционных *Fst*-различий видно, что выборка русского населения Магаданской области группируется с юго-западными популяциями Белгородской и Орловской областей и значительно удалена, как и остальные русские популяции, от русских Владимирской области (рис. 1).

Филогеографический анализ гаплотипов мтДНК пришлого восточнославянского населения Магаданской области

Генофонд русского населения Магаданской области представлен главным образом гаплогруппами мтДНК западноевразийского происхождения (95.2 %) (см. табл. S1). Наиболее частыми являются гаплогруппы H (37.1 %), T (16.1 %), U (14.5 %), J (6.5 %), HV (4.8 %). Сходные спектры митохондриальных гаплогрупп характерны и

¹ Табл. S1 и рис. S1 Приложения см. по адресу: <https://vavilovj-icg.ru/download/pict-2025-29/appx23.xlsx>

Таблица 1. Генетические параметры в популяциях русского населения по данным об изменчивости целых митохондриальных геномов

Популяция	<i>N</i>	<i>n</i>	<i>s</i>	<i>h</i>	π	<i>k</i>	Tajima's D (<i>p</i> -value)
Магадан ¹	62	61	416	0.999 ± 0.003	0.0018 ± 0.0009	30.24	-2.39 (< 0.01)
Белгород ²	64	64	437	1.0 ± 0.003	0.0018 ± 0.0009	30.18	-2.39 (< 0.01)
Орел ²	48	48	311	1.0 ± 0.004	0.0017 ± 0.0009	28.44	-2.18 (< 0.01)
Владимир ²	73	71	433	0.999 ± 0.002	0.0019 ± 0.0009	31.38	-2.27 (< 0.01)
Тула ²	59	59	418	1.0 ± 0.003	0.0018 ± 0.0009	29.38	-2.41 (< 0.01)
Псков ²	68	66	368	0.999 ± 0.003	0.0016 ± 0.0008	26.88	-2.29 (< 0.01)
Великий Новгород ²	64	63	404	1.0 ± 0.003	0.0017 ± 0.0009	27.99	-2.41 (< 0.01)
Русские в целом ¹	438	419	1224	0.9997 ± 0.0002	0.0018 ± 0.0009	29.19	-2.59 (< 0.001)

Примечание. *N* – размер выборки; *n* – количество гаплотипов; *s* – количество полиморфных сайтов; *h* – гаплотипическое разнообразие; π – нуклеотидное разнообразие; *k* – среднее число попарных нуклеотидных различий.

Ссылки: ¹ настоящая работа; ² Malyarchuk et al., 2017.

Таблица 2. *Fst*-различия между популяциями русского населения по данным об изменчивости нуклеотидных последовательностей целых митогеномов

Популяция	Белгород	Орел	Владимир	Тула	Псков	Великий Новгород
Белгород	0					
Орел	0	0				
Владимир	0.0048	0.0025	0			
Тула	0.0007	0	0.0085	0		
Псков	0	0	0.0115*	0.0043	0	
Великий Новгород	0	0	0.0093*	0.0026	0	0
Магадан	0.0005	0	0	0.0039	0.0013	0

Примечание. Значения *Fst* основаны на попарных нуклеотидных различиях между гаплотипами мтДНК и показаны под диагональю.

* Статистически значимые различия (*P* < 0.05).

для других популяций русского населения Восточной Европы (Morozova et al., 2012; Kushniarevich et al., 2015; Malyarchuk et al., 2017).

По результатам филогенетического анализа, в исследованной выборке русского населения Магаданской области (*N* = 62) зарегистрировано 62 гаплотипа мтДНК, т. е. идентичных гаплотипов не обнаружено. Филогеографический анализ показал, что гаплотипы мтДНК, выявленные у русских Магаданской области, распространены в основном у населения Европы (см. табл. S1, рис. S1). Лишь три гаплотипа относятся к гаплогруппам, распространенным в Западной Азии (гаплогруппы H-7630-11113-12172, R0a1a5 и M5a1b и, соответственно, образцы 10_R, 2_R и 44_R), и два гаплотипа остались неидентифицированными по происхождению. Примерно четверть магаданской выборки (25.8 %) составляют гаплотипы мтДНК, распространенные у населения Восточной Европы. Почти 20 % гаплотипов русских Магаданской области относятся к подгруппам мтДНК, распространенным преимущественно среди славян (гаплогруппы HV-15617, HV6a1, H1b2g, H13a2b, U4d2b, U5a1a1h, U5a2b1g, U5a2a1o, K1c1e, K2b1, J1c3a1, V7a) (см. рис. S1). Ряд образцов (11.3 %) попадает в гаплогруппы, обнаруженные пока в основном среди русского населения (H5a1a, J1c4b1, I1a1c-10454, W1c-10086-12136, R1a1a1, F1b1-a3a2a). Частота прибалтийско-финского компонента (H1n4, H49, U5b1b1a, Z1a1a) составила 8.1 %.

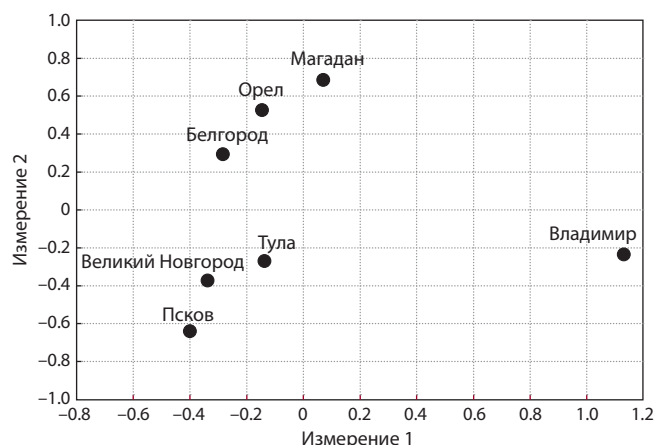


Рис. 1. Результаты многомерного шкалирования межпопуляционных *Fst*-значений, основанных на попарных нуклеотидных различиях между последовательностями целых митохондриальных геномов из различных популяций русского населения. Величина стресса равна 0.00003.

Три гаплотипа мтДНК, выявленные у русских Магаданской области, относятся к гаплогруппам восточноазиатского происхождения: F1b1, Z1a1a и N9a2a2. Однако, как показал филогеографический анализ, только гаплогруппа N9a2a2 имеет исключительно восточноазиат-

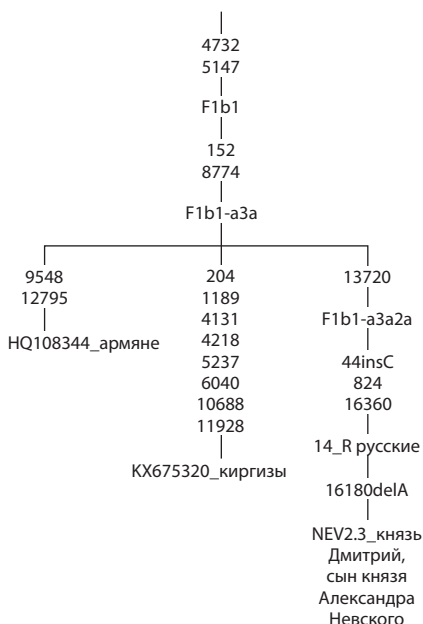


Рис. 2. Филогенетическое дерево мтДНК гаплогруппы F1b1-a3a.

На ветвях отмечены нуклеотидные позиции, в которых произошли транзиции. 16180delA означает делецию А в позиции 16180. Указаны также номера образцов в GenBank и этническая принадлежность.

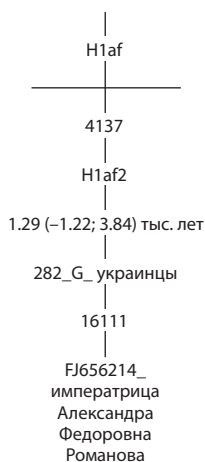


Рис. 3. Филогенетическое дерево мтДНК гаплогруппы H1af.

На ветвях отмечены нуклеотидные позиции, в которых произошли транзиции, а также указан эволюционный возраст подгруппы H1af2.

ское распространение, поскольку она обнаружена только у японцев (см. рис. S1). Гаплотип, относящийся к гаплогруппе Z1a1a, маркирует собой, вероятнее всего, участие финно-угорских племен в этногенезе русских (Lunkina et al., 2004). Эта гаплогруппа мтДНК характерна для населения Северо-Восточной Европы (особенно

Фенноскандии), и предполагается, что она появилась в генофонде саамов и финнов с востока из Волго-Уральского региона примерно 3 тыс. лет тому назад (Tambets et al., 2004; Ingman, Gyllensten, 2007). F1b1-гаплотип, обнаруженный у русских Магаданской области, интересен тем, что он относится (согласно классификации ресурса YFull MTtree) к подгруппе F1b1-a3a2a, распространенной только среди современного русского населения Курской, Белгородской и Брянской областей (см. табл. S1). Филогенетический анализ показал, что этот гаплотип почти идентичен (за исключением делеции в позиции 16180) F1b1-гаплотипу, найденному у князя Дмитрия, сына князя Александра Невского, и имеющему, возможно, половецкое происхождение (Жур и др., 2023) (рис. 2).

Филогеографический анализ 15 митогеномов украинского происхождения также продемонстрировал, что выявленные гаплотипы мтДНК распространены преимущественно в европейских популяциях (см. табл. S1). Три гаплотипа принадлежат к славяно-специфичным гаплогруппам мтДНК (H6c1, H1u5a2, HV9b1a1), один гаплотип относится к гаплогруппе U5b1b1a1d, распространенной преимущественно среди финнов. В украинской выборке Магаданской области обнаружен также гаплотип, принадлежащий к редкой гаплогруппе H1af2, которая известна тем, что к ней относится материнская линия, выявленная у императрицы Александры Федоровны Романовой (рис. 3).

В базе данных GenBank отсутствуют другие (кроме «царской») H1af2-последовательности, несмотря на большой объем базы данных (более 61 000 митогеномов различной этнической принадлежности), а в базе данных YFull MTtree представлены дополнительные H1af2-образцы YF129594 и YF109892, но по ним недоступна как информация об этническом происхождении, так и сами нуклеотидные последовательности. Проведенное нами исследование позволило обнаружить H1af2-гаплотип, родственник гаплотипу русской царицы, у индивидуума украинского происхождения, а эволюционный возраст подгруппы H1af2 составил примерно 1.3 тыс. лет. По данным YFull MTtree, возраст этой гаплогруппы несколько больше – 3.2 тыс. лет. Согласно генеалогическим данным, материнская линия русской царицы (и королевы Великобритании Виктории соответственно) имеет западноевропейское (по всей видимости, французское) происхождение.

Филогеографический анализ индивидуумов смешанного происхождения показал, что гаплотипы двух человек (коряков по отцовской линии) относятся к гаплогруппам, распространенным преимущественно среди финнов (K1c1 и U5b1b1a). Два других гаплотипа мтДНК принадлежат к гаплогруппам, по которым пока трудно идентифицировать более локальное происхождение; оба эти гаплотипа, J2b1a11 и U5a1a1a, распространены в европейских популяциях.

Заключение

Результаты исследования показали, что митохондриальный генофонд прошлого восточнославянского населения Северо-Востока Сибири (на примере жителей Магаданской области) характеризуется высоким уровнем разнообразия. Вместе с тем генетическая дифференциация популяций русского населения России, по данным анализа изменчивости целых митохондриальных геномов, очень низка, что свидетельствует о высоком уровне сходства гаплотипов мтДНК, распространенных в различных популяциях русских. Митохондриальный генофонд русского населения Магаданской области существенно не отличается от генофондов других популяций русских европейской части страны, а по результатам многомерного шкалирования *Fst*-дистанций, магаданские русские кластеризуются с русскими популяциями юго-западной части страны – Белгородской и Орловской областей. Этим современное население Северо-Востока Сибири отличается от популяций русских старожитов, сформировавшихся на Крайнем Севере Восточной Сибири с середины XVII в. Русские старожилы характеризуются очень высоким вкладом восточноазиатских (преимущественно юкагирских) гаплотипов мтДНК (Сукерник и др., 2010; Borisova et al., 2024). По результатам анализа полиморфизма Y-хромосомы и аутосомных локусов, европейские варианты полиморфизма, сохранившиеся в этих популяциях (наряду с русским языком и культурой), своим происхождением связаны главным образом с населением

Северо-Восточной Европы, что свидетельствует в пользу «поморской» гипотезы происхождения русских старожилов арктического побережья (Solovyev et al., 2023).

В генофонде русских и украинских по материнской линии жителей Магаданской области преобладают гаплотипы мтДНК европейского происхождения. Доля гаплотипов восточноазиатского происхождения у русских невелика (4.8 %), а при более детальном рассмотрении с помощью филогеографического анализа оказалось, что F1b1- и Z1a1a-гаплотипы, хотя и имели изначально восточноазиатское происхождение, длительное время эволюционировали в генофондах восточноевропейских популяций. Среди европейских по происхождению гаплотипов мтДНК у русских Магаданской области преобладают восточноевропейские варианты, а также у них высока доля гаплотипов мтДНК, специфичных для славян (19.4 %). Ранее столь высокие частоты славяно-специфичных линий мтДНК были обнаружены только у украинцев – 23.6 % (Malyarchuk, Derenko, 2023).

Также интересны и перспективны в плане дальнейших исследований находки в митохондриальных генофондах современных русских и украинцев редких гаплотипов, родственных материнским линиям императрицы Александры Федоровны Романовой и князя Дмитрия, сына князя Александра Невского.

Список литературы / References

- Агджоян А.Т., Богунова А.А., Каменщикова Е.Н., Запорожченко В.В., Богунов Ю.В., Балановский О.П., Балановская Е.В. Генетический портрет чукчей Камчатки (по развернутой панели маркеров Y-хромосомы). *Вестник Московского университета. Серия XXIII: Антропология*. 2021;1:80-92. doi 10.32521/2074-8132.2021.1.080-092
- [Agdzhoyan A.T., Bogunova A.A., Kamenshchikova E.N., Zaporozhchenko V.V., Bogunov Y.V., Balanovsky O.P., Balanovska E.V. The Chukchi of Kamchatka: a genetic portrait based on the wide array of Y-chromosome markers. *Vestnik Moskovskogo Universiteta. Seria XXIII. Antropologia = Moscow University Anthropology Bulletin*. 2021;1:80-92. doi 10.32521/2074-8132.2021.1.080-092 (in Russian)]
- Балановская Е.В., Богунов Ю.В., Богунова А.А., Каменщикова Е.Н., Пылев В.Ю., Бычковская Л.С., Балановский О.П., Лавряшина М.Б. Демографический портрет коряков севера Камчатки. *Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология*. 2020;4:111-122. doi 10.32521/2074-8132.2020.4.111-122
- [Balanovska E.V., Bogunov Y.V., Bogunova A.A., Kamenshchikova E.N., Pylev V.Y., Bychkovskaya L.S., Balanovsky O.P., Lavryashina M.B. Demographic portrait of Koryaks from Northern Kamchatka. *Vestnik Moskovskogo Universiteta. Seria XXIII. Antropologia = Moscow University Anthropology Bulletin*. 2020;4:111-122. doi 10.32521/2074-8132.2020.4.111-122 (in Russian)]
- Деренко М.В., Мальярчук Б.А. Сравнительный анализ ПДРФ митохондриальной ДНК в популяциях восточных славян России. *Генетика*. 1996;32(6):815-821
- [Derenko M.V., Malyarchuk B.A. Comparative analysis of RFLP of mitochondrial DNA from Eastern Slavic populations in Russia. *Genetika*. 1996;32(6):815-821 (in Russian)]
- Деренко М.В., Мальярчук Б.А. Молекулярная филогеография населения Северной Евразии по данным об изменчивости митохондриальной ДНК. Магадан: СВНЦ ДВО РАН, 2010
- [Derenko M.V., Malyarchuk B.A. Molecular Phylogeography of Populations of Northern Eurasia Based on Mitochondrial DNA Variability Data. Magadan: NESCFEB RAS, 2010 (in Russian)]

- Жур К.В., Шарко Ф.С., Седов В.В., Добровольская М.В., Волков В.Г., Максимов Н.Г., Сеславин А.Н., Макаров Н.А., Прокхорчук Е.Б. Рюриковичи: первый опыт реконструкции генетического облика правящего рода средневековой Руси по данным палеогеномики. *Acta Naturae*. 2023;15(3):50-65. doi 10.32607/actanaturae.23425
- [Zhur K.V., Sharco F.S., Sedov V.V., Dobrovolskaya M.V., Volkov V.G., Maksimov N.G., Seslavine A.N., Makarov N.A., Prokhorchouk E.B. The Rurikids: the first experience of reconstructing the genetic portrait of the ruling family of Medieval Rus' based on paleogenomic data. *Acta Naturae*. 2023;15(3):50-65. doi 10.32607/actanaturae.23425]
- Казакотцева М.А., Воевода М.И., Бабенко В.Н., Осипова Л.П. Полиморфизм рестрикционных сайтов контрольного региона митохондриальной ДНК в популяциях русских староверов и прошлого славянского населения Севера Сибири. *Генетика*. 1998;34(4):544-550
- [Kazakovtseva M.A., Voevoda M.I., Babenko V.N., Osipova L.P. Restriction-site polymorphism of the mitochondrial DNA control region in populations of Russian Old Believers and migrant Slavic populations in Northern Siberia. *Russ J Genet*. 1998;34(4):439-444]
- Лемза С.В., Соколова О.В. Рестрикционный полиморфизм митохондриальной ДНК среди русского населения Западной Сибири. *Генетика*. 1992;28(5):136-140
- [Lemza S.V., Sokolova O.V. Restriction polymorphism of mitochondrial DNA among the Russian population of Western Siberia. *Genetika = Genetics (Moscow)*. 1992;28(5):136-140 (in Russian)]
- Литвинов А.Н., Мальярчук Б.А., Деренко М.В. Характер молекулярной эволюции митохондриальных геномов русского населения Восточной Европы. *Вестник СВНЦ ДВО РАН*. 2020;2:107-113. doi 10.34078/1814-0998-2020-2-107-113
- [Litvinov A.N., Malyarchuk B.A., Derenko M.V. The nature of the molecular evolution of the mitochondrial genomes of the Russian population of East Europe. *Vestnik Severo-Vostochnogo Nauchnogo Centra DVO RAN = The Bulletin of the North-East Scientific Center FEB RAS*. 2020;2:107-113. doi 10.34078/1814-0998-2020-2-107-113 (in Russian)]
- Мальярчук Б.А., Деренко М.В. Генетическая история коряков и эвенов Магаданской области по данным о полиморфизме Y-хромосомы. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2024;28(1):90-97. doi 10.18699/vjgb-24-11
- [Malyarchuk B.A., Derenko M.V. Genetic history of the Koryaks and Evens of the Magadan region based on Y-chromosome polymorphism data. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selektii = Vavilov J Genet Breed*. 2024;28(1):90-97. doi 10.18699/vjgb-24-11]
- Мальярчук Б.А., Лапинский А.Г., Балмышева Н.П., Буторина О.Т., Соловеченчук Л.Л. ПДРФ митохондриальной ДНК у жителей г. Магадана. *Генетика*. 1994;30(1):112-114
- [Malyarchuk B.A., Lapinsky A.G., Balmysheva N.P., Butorina O.T., Solovenchuk L.L. RFLP of mitochondrial DNA in the population of Magadan city. *Genetika = Genetics (Moscow)*. 1994;30(1):112-114 (in Russian)]
- Сукерник Р.И., Володько Н.В., Мазунин И.О., Ельцов Н.П., Стариковская Е.Б. Генетическая история русских старожилов полярного севера Восточной Сибири по результатам анализа изменчивости мтДНК. *Генетика*. 2010;46(11):1571-1579
- [Sukernik R.I., Volod'ko N.V., Mazunin I.O., Eltsov N.P., Starikovskaya E.B. The genetic history of Russian old settlers of polar north-eastern Siberia. *Russ J Genet*. 2010;46(11):1386-1394. doi 10.1134/S1022795410110153]
- Borisova T.V., Solovyev A.V., Romanov G.P., Teryutin F.M., Pshenikova V.G., Barashkov N.A., Fedorova S.A. Analysis of the mitochondrial gene pool structure of Russian old-settlers of the Arctic coast of Yakutia from village Russkoye Usty'e. *Russ J Genet*. 2024;60(11):1538-1547. doi 10.1134/S1022795424071096
- Derenko M., Denisova G., Litvinov A., Dambueva I., Malyarchuk B. Mitogenomics of the Koryaks and Evens of the northern coast of the Sea of Okhotsk. *J Hum Genet*. 2023;68(10):705-712. doi 10.1038/s10038-023-01173-x

- Excoffier L., Lischer H.E. 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
- Gubina M.A., Babenko V.N., Damba L.D., Ponomareva M.N., Konovalova N.A., Voevoda M.I. Polymorphism of mitochondrial DNA in Old Believers from Siberia. *Russ J Genet.* 2014;50(6):638-652. doi 10.1134/S1022795414060040
- Ingman M., Gyllensten U. A recent genetic link between Sami and the Volga-Ural region of Russia. *Eur J Hum Genet.* 2007;15:115-120. doi 10.1038/sj.ejhg.5201712
- Kushniarevich A., Utevska O., Chuhryaeva M., Agdzhoyan A., Dibirova K., Uktveryte I., Möls M., ... Balanovska E., Metspalu M., Kivisild T., Villems R., Balanovsky O. Genetic heritage of the Balto-Slavic speaking populations: a synthesis of autosomal, mitochondrial and Y-chromosomal data. *PLoS One.* 2015;10(9):e0135820. doi 10.1371/journal.pone.0135820
- Librado P., Rozas J. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics.* 2009;25(11):1451-1452. doi 10.1093/bioinformatics/btp187
- Lunkina A.V., Denisova G.A., Derenko M.V., Malyarchuk B.A. Mitochondrial DNA variation in two Russian populations from Novgorod oblast. *Russ J Genet.* 2004;40(7):795-799. doi 10.1023/B:RUGE.0000036530.09850.70
- Malyarchuk B.A., Derenko M.V. Mitochondrial gene pool of Ukrainians in the context of variability of whole mitogenomes in Slavic peoples. *Russ J Genet.* 2023;59(1):88-96. doi 10.1134/S1022795423010088
- Malyarchuk B., Litvinov A., Derenko M., Skonieczna K., Grzybowski T., Grosheva A., Shneider Y., Rychkov S., Zhukova O. Mitogenomic diversity in Russians and Poles. *Forensic Sci Int Genet.* 2017;30:51-56. doi 10.1016/j.fsigen.2017.06.003
- Morozova I., Evsyukov A., Kon'kov A., Grosheva A., Zhukova O., Rychkov S. Russian ethnic history inferred from mitochondrial DNA diversity. *Am J Phys Anthropol.* 2012;147(3):341-351. doi 10.1002/ajpa.21649
- Soares P., Ermini L., Thomson N., Mormina M., Rito T., Röhl A., Salas A., Oppenheimer S., Macaulay V., Richards M.B. Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *Am J Hum Genet.* 2009;84(6):740-759. doi 10.1016/j.ajhg.2009.05.001
- Solovyev A.V., Borisova T.V., Romanov G.P., Teryutin F.M., Pshenikova V.G., Nikitina S.E., Alekseev A.N., Barashkov N.A., Fedorova S.A. Genetic history of Russian Old-Settlers of the Arctic coast of Yakutia from the settlement of Russkoye Ust'ye inferred from Y chromosome data and genome-wide analysis. *Russ J Genet.* 2023; 59(9):949-955. doi 10.1134/S1022795423090119
- Tambets K., Rootsi S., Kivisild T., Help H., Serk P., Loogväli E.L., Tolk H.V., ... Ferák V., Füredi S., Komel R., Beckman L., Villems R. The western and eastern roots of the Saami – the story of genetic “outliers” told by mitochondrial DNA and Y chromosomes. *Am J Hum Genet.* 2004;74(4):661-682. doi 10.1086/383203

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила в редакцию 15.01.2025. После доработки 24.02.2025. Принята к публикации 25.02.2025.