

УДК 577.17

DOI: 10.18413/2313-8955-2015-1-3-72-79

*Рудых Н.А.,  
Сиротина С.С.*

**ГЕНЕТИЧЕСКИЕ  
СООТНОШЕНИЯ РУССКИХ  
И УКРАИНСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ  
БЕЛГОРОДСКОЙ ОБЛАСТИ**

**Рудых Наталья Александровна**, кандидат биологических наук,  
доцент кафедры медико-биологических дисциплин Медицинского института,  
НИУ «БелГУ» 308015, г. Белгород, ул. Победы, 85, Россия  
e-mail: rudyh@bsu.edu.ru

**Сиротина Светлана Сергеевна**, кандидат биологических наук,  
старший преподаватель кафедры медико-биологических дисциплин Медицинского  
института,  
НИУ «БелГУ» 308015, г. Белгород, ул. Победы, 85, Россия  
e-mail: sirotina@bsu.edu.ru

---

## Аннотация

В данной статье представлены результаты исследования генетических взаимоотношений между коренным русским и украинским населением Белгородской области по данным о частотах 50 аллелей 8 локусов аутосомных ДНК маркеров. В анализ были включены четыре района Белгородской области: Прохоровский и Красненский районы (коренные русские); Грайворонский и Красногвардейский районы (коренные украинцы). С использованием кластерного анализа, многомерного шкалирования установлено, что наиболее близкими являются Прохоровский и Красненский районы, представленные выборками русских жителей. Красногвардейский и Грайворонский районы (коренное украинское население) достаточно генетически далеки как друг от друга, так и от двух вышерассмотренных популяций с русским населением.

**Ключевые слова:** аутосомный ДНК-полиморфизм, генофонд населения, факторный анализ, кластерный анализ, генетические расстояния.

---

UDC 577.17

DOI: 10.18413/2313-8955-2015-1-3-72-79

*Rudyh N.A.,  
Sirotnina S.S.*

**GENETIC INTERRELATIONS  
OF RUSSIAN AND UKRAINIAN  
POPULATIONS OF BELGOROD  
REGION**

**Rudyh Natal'ya Aleksandrovna**, *PhD, Associate Professor,  
Department of Biomedical Sciences, The Institute of Medicine  
Belgorod State National Research University  
85 Pobeda St., Belgorod, 308025, Russia  
e-mail: rudyh@bsu.edu.ru*

**Sirotnina Svetlana Sergeevna**, *PhD, Associate Professor,  
Department of Biomedical Sciences, The Institute of Medicine  
Belgorod State National Research University  
85 Pobeda St., Belgorod, 308025, Russia  
e-mail: sirotnina@bsu.edu.ru*

---

**А**BSTRAKT

**T**his article presents the results of the study of genetic relationship between the indigenous Russian and Ukrainian population of Belgorod Region according to the allele frequencies of 50 autosomal loci of 8 DNA markers. The analysis covered four districts of Belgorod Region: Prokhorovsky and Krasnensky areas (indigenous Russian); Graivoronsky and Krasnogvardeyskiy areas (indigenous Ukrainians). The cluster analysis and multidimensional scaling has revealed that the closest are Prokhorovsky and Krasnensky Districts represented by samples of Russian inhabitants. Krasnogvardeyskiy and Graivoronsky areas (indigenous Ukrainian population) are genetically quite distant from each other and from the two populations considered above with the Russian population.

**K**eywords: autosomal DNA polymorphisms; gene pool of population; factor analysis; cluster analysis; genetic distance.

---

## Введение

Исследования, связанные с анализом происхождения и эволюционной истории популяций человека, в настоящее время являются наиболее актуальными в популяционной генетике. Данные о структуре генофондов современных популяций могут отражать основные микроэволюционные процессы в историческом прошлом этих популяций [1]. Для решения этих вопросов используются разные маркеры (иммуно-биохимические [6], физиологические, квазигенетические [8], ДНК маркеры [7]). Наиболее широкое применение в популяционно-генетических исследованиях в настоящее время получили ДНК маркеры. Изучение населения Белгородской области является особо актуальным, так как, во-первых, территория современной Белгородской области представляет южные районы исконного ареала русского народа, а сам город Белгород с окружающими его поселениями был основан в XVI в. в составе оборонительной черты у южной границы Руси [2,3,5]. Во-вторых, популяция Белгородской области, территориально расположенная на стыке России и Украины, в XVI-XVII вв. формировалась под значимым влиянием как русского, так и украинского этносов [3,9].

## Материалы и методы

В качестве объектов исследования были выбраны Прохоровский (146 человек), Красненский (152 человека), Грайворонский (42

человека) и Красногвардейский (42 человека) районы Белгородской области. Грайворонский и Красногвардейский районы - являются исторически сложившимися местами поселения и проживания украинцев. Два других района – Прохоровский и Красненский – представляют две русских популяции. Изучалось распределение 50 аллелей 8 аутосомных ДНК маркеров. Среди них два диаллельных локуса и шесть мультиаллельных. Диаллельные маркеры представлены инсерционно-делеционным полиморфизмом генов ACE (ангиотензин-превращающий фермент) и CCR5 (ген хемокинового рецептора). Мультиаллельные маркеры представлены VNTR-полиморфными участками генов eNOS (эндотелиальной синтазы окиси азота), DAT1 (переносчик дофамина), hSERT (серотониновый транспортер), D1S80, VNTR-PAH (фенилаланингидроксилаза) и ApoB (аполипопротеин B). Данные о частотах генов были представлены ранее [7]. Генетические расстояния между популяциями была рассчитаны с помощью программы DJ genetic (версия 0,03 beta), разработанной Ю.А. Серегиним и Е.В. Балановской в ГУ МГНЦ РАМН. При расчете расстояний использовали общепринятый в популяционно-генетических исследованиях метод сравнения популяций по частотам аллелей полиморфных маркеров по М. Nei [10].

Сначала вычисляли генетическое сходство I:

$$I = \frac{(2n-1) \sum_l \sum_u p_{lu1} p_{lu2}}{\sqrt{\sum_l (2n \sum_u p_{lu1}^2 - 1)} \sqrt{\sum_l (2n \sum_u p_{lu2}^2 - 1)}}$$

где  $p_{lu}$  - частоты аллеля  $u$  локуса  $l$ , индексы 1 и 2 относятся к первой и второй популяциям соответственно, введена поправка на непрерывность  $(2n-1)$ . Генетическое расстояние по М. Nei равно:

$$D = -\ln I [10].$$

Полученные матрицы генетических расстояний явились исходным материалом для проведения кластерного анализа и многомерного шкалирования.

Кластеризация осуществлялась посредством иерархической агломеративной процедуры, характеризующейся пошаговым объединением кластеров и постепенным их

укрупнением. Среди различных приемов, применяющихся для построения дендрограмм, нами были выбраны метод минимальной внутригрупповой дисперсии (алгоритм Уорда) и метод средней связи [4]. В работе приведены дендрограммы, соответствующие результатам, полученным и другими методами многомерного анализа: многомерного шкалирования и факторного анализа.

В качестве альтернативного кластерному анализу на основании матриц генетических расстояний был применен метод многомерного шкалирования. Целью данного метода являлось получение графика, который в про-

странстве небольшого числа измерений наглядно демонстрировал бы взаимное расположение изучаемых популяций в соответствии со значениями показателей их близости. В результате был построен график, на котором визуально наблюдаемые расстояния между точками, т.е. изученными популяциями, максимально сходны с реальными расстояниями, полученными по значениям признаков. В методике многомерного шкалирования применяется мера близости между эмпирическими и визуальными расстояниями, показывающая соответствие вторых первым [4]. В качестве оценочных ориентиров в этой связи нами были использованы показатель стресса ( $S_0$ ) и коэффициент отчужденности или алиенации ( $K_0$ ), значения которых будут тем меньше, чем лучше соответствие между визуальными и эмпирическими расстояниями. Успешным признавали шкалирование при финальной величине  $S_0$ , не превышающей критического порога в 0,10 ( $S_0 \leq 0,10$ ). Другим показателем, позволившим наглядно контролировать качество проведенного многомерного шкалирования, была кривая Шепарда. Она представляет собой график корреляционного поля, где на одной оси откладываются значения эмпирических расстояний, на другой – величины визуальных расстояний.

На основе корреляционной матрицы проводили факторный анализ по методу глав-

ных компонент. Для определения количества полученных значимых главных факторов применяли критерий Кайзера, который позволяет включать в рассмотрение главные факторы с собственными числами (дисперсиями) большими 1 и критерий отсеивания Кеттела, согласно которого включение главных компонент в рассмотрение завершается той из них, собственное число которой начинает прямолинейный пологий участок графика всех полученных собственных чисел [4]. Таким образом, число информативных новых переменных, которые подвергались дальнейшему анализу, уменьшалось до двух-трех. Для интерпретации главных факторов использовали собственные векторы, представленные в виде нагрузок - коэффициентов корреляции исходных признаков с главными факторами, таким образом получали матрицу факторного отображения. Для ее наглядного представления данные изображали в графическом виде. Результатом этого являлось расположение изученных популяций в 2-3 мерном пространстве выявленных значимых главных факторов.

### Результаты и обсуждение

На основе матрицы генетических расстояний (таблица 1) был проведен кластерный анализ и построена дендрограмма (рисунок 1).

Таблица 1

**Матрица генетических расстояний между районами  
Белгородской области**

Table 1

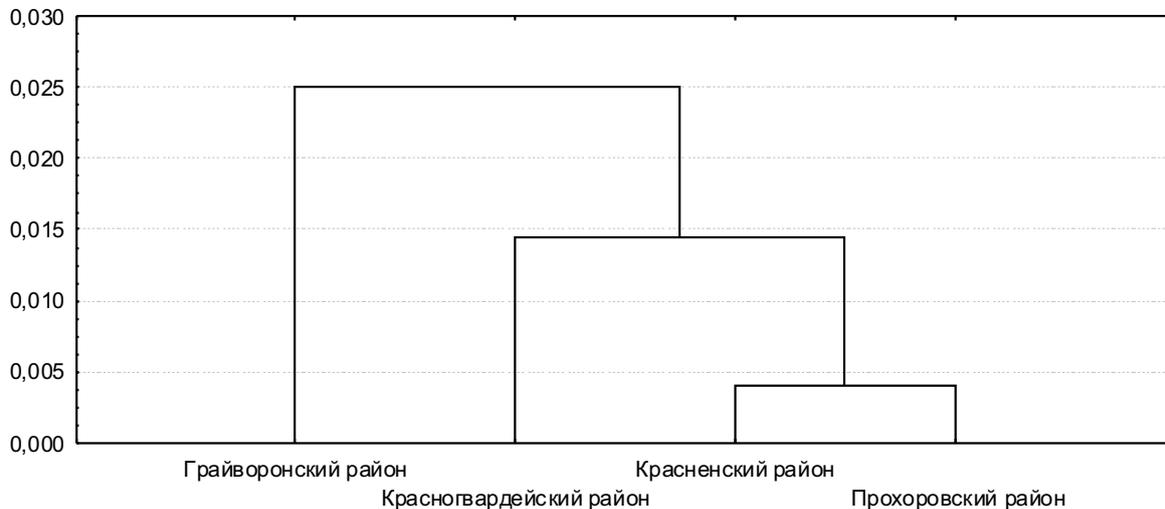
**The matrix of genetic distances between areas of Belgorod Region**

Популяции	Прохоровский район	Красненский район	Грайворонский район	Красногвардейский район
Прохоровский район	0.000	0.004	0.025	0.015
Красненский район	0.004	0.000	0.023	0.014
Грайворонский район	0.025	0.023	0.000	0.027
Красногвардейский район	0.015	0.014	0.027	0.000
Средние генетические расстояния	0.015	0.014	0.025	0.019

Примечание: построена по частотам 50 аллелей 8 аутосомных ДНК локусов.

Анализ дендрограммы, построенной по методу Уорда, показывает, что в первую очередь объединяются популяции Прохоровского и Красненского районов ( $d = 0.004$ ). Это можно объяснить тем, что изученное население

данных районов относится к одному этносу – русским. Украинские популяции Красногвардейского и Грайворонского районов генетически удалены как от вышеуказанного кластера, так и друг от друга.

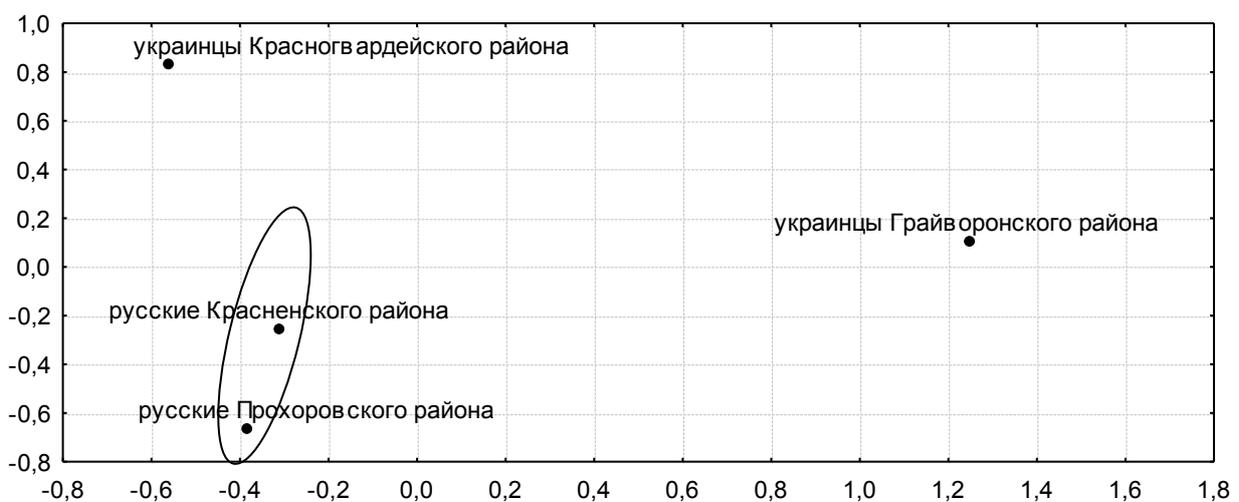


**Рисунок 1. Дендрограмма генетических взаимоотношений районов Белгородской области с коренным русским и украинским населением (построена методом Уорда)**

**Figure 1. The dendrogram of genetic relationships of districts of Belgorod Region with the native Russian and Ukrainian population (built with Ward's method)**

При проведении многомерного шкалирования получен график, представленный на рисунке 2. Коэффициент стресса данного графика равен  $S_0 = 0$ , кривая Шепарда удовлетворительная, что позволяет считать при-

емлемыми результаты многомерного шкалирования. Как и на дендрограмме, на данном графике видно, что наиболее близкими в двухмерном пространстве являются Прохоровский и Красненский районы.



**Рисунок 2. График двухмерного шкалирования, отражающий расположение в пространстве районов Белгородской области с коренным русским и украинским населением**

**Figure 2. The graph of two-dimensional scaling, reflecting the location of districts in the space of Belgorod Region with the native Russian and Ukrainian population**

При проведении факторного анализа по методу главных компонент выделено 2 значимых фактора. Их суммарный вклад в общую дисперсию признака составляет 74.21%, при этом вклад первого фактора равен 41.01%, второго – 33.20%. Графическое изображение расположения изученных популяций в пространстве двух главных факторов показано

на рисунке 3. Также как и при кластерном анализе и многомерном шкалировании, районные популяции Прохоровского и Красненского районов объединяются в один кластер, а Грайворонский и Красногвардейский районы удалены как от вышеуказанного кластера, так и друг от друга.



**Рисунок 3. Расположение в пространстве двух главных факторов районов Белгородской области с коренным русским и украинским населением**

**Figure 3. Location in the space of two main factors of Belgorod Region with the native Russian and Ukrainian population**

Таким образом, в результате анализа генетических соотношений районных популяций Белгородской области с коренным русским и украинским населением установлено, что наиболее близкими являются Прохоровский и Красненский районы, представленные выборками русских жителей. Красногвардейский и Грайворонский районы (коренное украинское население) достаточно генетически далеки как друг от друга, так и

от двух выше рассмотренных популяций с русским населением. Можно предположить, что одним из факторов установленной нами дифференциации рассматриваемых популяций является этническая принадлежность. Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РГНФ № 15-16-31003 «Изучение истории формирования населения Белгородской области».

**ЛИТЕРАТУРА:**

1. Балановская, Е.В. Русский генофонд. Взгляд в прошлое. 2006.М., Луч: 415.
2. Григорьев Г.Н. География Белгородской области. 1996. Белгород, БелГУ: 144.
3. Гончаренко О. Между Крымом и Москвой. Четыре факта из истории Прохоровского района. 2003. Белгород, Комсомольская правда, 45.
4. Дерябин В.Е. Многомерные биометрические методы для антропологов. М.: ВИНИТИ, 2001: 105-265.
5. Итоги всероссийской переписи населения 2002 года по Белгородской области. Национальный состав и владение языками, гражданство. Статистический бюллетень №5. Белгород, 2005: 83с.
6. Лепендина И.Н., Балановская Е.В., Чурносков М.И. 2008. Генофонд населения Белгородской области. Распределение иммунобиохимических маркеров. Генетика.-т . 44, № 4: 543 – 557.
7. Лепендина И.Н., Чурносков М.И, Артаментова Л.А., Ищук М.А., Тегако О.В., Рудых Н.А. 2010. Аутосомный ДНК-полиморфизм населения Центрального Черноземья России Медицинский академический журнал. т 10, №5: 62-63.
8. Сорокина И.Н., Лепендина И.Н., Рудых Н.А., Верзилина А.В., Чурносков М.И. 2010. Фамилии как квазигенетические маркеры при популяционно-генетических исследованиях. Научные ведомости БелГУ. Серия медицина. Фармация. №22(93) (12): 72-79.
9. Шаповалов В.А., Белгородоведение: Учебник для общеобразовательных учреждений. 2002. Белгород, 410 .
10. Nei M. Molecular evolutionary genetics// New York: Columbia Univ. Press. 1987.

**REFERENCES:**

1. Balanovskaya, E. V. Russian Genofond. A Look into the Past. 2006. Moscow, Ray, 415 p.
2. Grigoriev G. N. The Geography of Belgorod Region, ed. by. 1996. Belgorod, BSU. 144 p.
3. Goncharenko O. Between Crimea and Moscow. Four Facts from the History of Prokhorovka District. 2003. Belgorod, Komsomolskaya Pravda, 45 p.
4. Deryabin V.E. Multidimensional Biometric Techniques for Anthropologists. M.: VINITI, 2001.:105-265.
5. The Results of the All-Russia Population Census of 2002 in Belgorod Region. Ethnic Composition and Language Skills, Citizenship. Statistical Bulletin No. 5. Belgorod, 2005, 83.
6. Lependina I. N., Balanovskaya, E. V., Churnosov M. I. The Genofond of Belgorod Region. 2008. Distribution of Immunobiochemistry Marker Genes. Genetics. 44, N. 4: 543-557.
7. Lependina I. N., Churnosov M. And Arta mentova L. A., M. A. Ishchuk, Megaco O. V., Rudykh N. A. Autosomal DNA Polymorphism in Populations of the Central Black Soil Region of Russia. 2010. Medical Academic Journal. t 10, N. 5: 62-63.
8. Sorokina I.N. Lependina I.N., Rudykh N.A., Verzilina A.V., Churnosov M.I. 2010. Surnames as Quasigenetic Markers in Population Genetic Studies. Scientific statements BSU. Series Medicine. Pharmacy. №22 (93) (12): 72-79.
9. Shapovalov V.A. Belgorod Studies: a Textbook for educational institutions. 2002. Belgorod, 410 p.
10. Nei M. Molecular evolutionary genetics// New York: Columbia Univ. Press. 1987.