

Научная статья
УДК 575.17
doi: 10.17223/19988591/69/4

Генетическое разнообразие популяций теленгитов и алтай-кижи по маркерам, используемым в ДНК-идентификации

Ксения Валерьевна Вагайцева¹, Никита Александрович Колесников²,
Максим Дмитриевич Скалин³, Лариса Витальевна Валихова⁴,
Ольга Дмитриевна Рузавина⁵, Дарья Евгеньевна Пестрецова⁶,
Анастасия Николаевна Высочина⁷, Владимир Николаевич Харьков⁸,
Вадим Анатольевич Степанов⁹

^{1, 2, 4, 5, 8, 9} Научно-исследовательский институт медицинской генетики
Томского национального исследовательского медицинского центра
Российской академии наук, Томск, Россия

³ Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей
генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия

^{6, 7} Национальный исследовательский Томский государственный университет,
Томск, Россия

¹ <https://orcid.org/0000-0003-4877-9749>, kсениya.simonova@medgenetics.ru

Аннотация. Потребность в увеличении информативности генетической экспертизы при установлении родства как в случаях экспертизы в гражданских делах, так и при идентификации личности людей, погибших в авиакатастрофах, природных и техногенных пожарах, террористических атаках, ураганах, цунами и прочих крупномасштабных бедствиях привела к активной разработке дополнительных наборов маркеров для ДНК-идентификации. Для корректного использования новых мультиплексов необходимо иметь представление о генетической структуре популяции, из которой происходит анализируемый ДНК-профиль. В данной работе представлены результаты анализа генетического разнообразия двух популяций южных алтайцев по двум системам генетических маркеров, способных увеличить надежность и информативность генетической экспертизы при определении родства в сложных случаях. Первая система основана на микросателлитных маркерах X-хромосомы, вторая включает 23 STR-маркера аутосом. Показано, что уровень ожидаемой гетерозиготности по обеим системам маркеров в популяции теленгитов ниже, чем в популяции алтай-кижи. Полученные результаты показали значимые генетические различия между теленгитами и алтай-кижи ($R_{st} 0,006–0,007$, $p = 0,000–0,002$), которые необходимо учитывать при проведении вероятностных расчетов в генетической экспертизе.

Ключевые слова: теленгиты, алтай-кижи, популяционная генетика, генетическая экспертиза, ДНК-идентификация

Источник финансирования: исследование X-STR выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-74-10058. Часть работы, посвященная анализу аутосомных STR-маркеров, выполнена в рамках Государственного задания Министерства науки и высшего образования № 122112800026-1.

Для цитирования: 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. С. 29–37. doi: 10.17223/19988591/69/4

Original article

doi: 10.17223/19988591/69/4

Genetic diversity of Telengite and Altai-kizhi populations by markers used in forensic genetics

Ksenia V. Vagaitseva¹, Nikita A. Kolesnikov², Maxim D. Scalin³,
Larisa V. Valikhova⁴, Olga D. Rusavina⁵, Daria E. Pestrecova⁶,
Anastasia N. Visochina⁷, Vladimir N. Kharkov⁸, Vadim A. Stepanov⁹

^{1, 2, 4, 5, 8, 9} Research Institute of Medical Genetics Tomsk National Medical Research Center,
Tomsk, Russia

³ Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

^{6, 7} Tomsk State University, Tomsk, Russia

¹ <https://orcid.org/0000-0003-4877-9749>, kseniya.simonova@medgenetics.ru

Summary. The need to improve the accuracy of genetic testing in establishing kinship, both in civil cases and when identifying the remains of people after plane crashes, fires, terrorist attacks and other disasters, has led to the development of new methods. One is to expand the panel of used genetic markers by adding highly informative autosomal STR markers. These markers can help identify more closely related individuals, making it easier to determine kinship between parents and children, siblings and step-brothers. This can be especially useful in difficult cases where traditional methods may not be sufficient. The second is the use of additional markers located on the sex chromosomes. Their features of inheritance simplify the examination of complex cases and provide advantages in the analysis of mixed sample. To correctly use new multiplexes, it is important to have an understanding of the genetic structure of the population from which the DNA profile originates. The level of genetic diversity directly affects the reliability and effectiveness of genetic analysis. In this study, we compared two populations of Southern Altaians using two different systems of genetic markers. These markers can increase the reliability and informative value of genetic examinations in difficult cases of kinship determination. The first set includes 18 STR markers (HPRTB, DXS8378, DXS6797, DXS6804, GATA165B12, DXS9902, DXS6810, DXS8377, DXS101, DXS7133, DXS7424, DXS7423, DXS6789, GATA31E08, DXS10079, DXS10103, and DXS7132), while the second set includes 23 autosomal STR markers (D20S1082, D6S474, D14S1434, D4S2666, D1S1677, D11S4463, D4S2364, D9S1122, D2S1776, D17S974, D10S1435, D3S3053, D5S2500, D1S1627, D3S4529, D2S1360, and D3S1744). The assessment of genotype distributions for Hardy-Weinberg equilibrium was only performed for autosomal markers, as samples from men were analyzed in this study. For the Telengite population, the genotype distributions at the D4S2666 and D10S2325 loci deviated from Hardy-Weinberg expectations. For the Altai-Kizhi population, a larger number of loci showed deviations from Hardy-Weinberg: D6S474, D4S2364, D1S1627, and D10S2325. In all cases, the observed level of heterozygosity was lower than expected. Therefore, it can be assumed that deviations from equilibrium were caused by a high rate of intra-district endogamous marriages among Southern Altaians. The average value of expected heterozygosity in the Telengite population was lower than in the Altai-Kizhi population for both X-STR and ASTR markers. At the same time, the average expected heterozygosity for autosomal STR panel was higher than for X-STR. The Telengite population had the largest total number of

alleles: 178 for autosomal markers and 121 for X-STR markers. These values are relatively low compared to other populations, such as the Russian population with 228 alleles for 20 ASTRs and Belarusians with 250 alleles. The assessment of the genetic distance between samples of southern Altaians using the Rst method revealed significant differences between Telengites and Altai-Kizhis, while a higher genetic similarity was found for autosomal STR markers ($0.006, p = 0.000$) compared to X-STR markers ($0.007, p = 0.002$). Given the significant genetic differences identified between these two ethnic groups in southern Altai, it is important to consider the reference allele frequencies for each population during genetic analysis. Combining Altai-Kizhi and Telengite samples into a single group (southern Altai) could reduce the reliability of genetic testing in the Telengite population.

The article contains 11 References.

Keywords: Telengites, Altai-kizhi, population genetics, forensic genetics

Fundings: The X-STR study was carried out at the expense of a grant from the Russian Science Foundation No. 23-74-10058. The part of the work devoted to the analysis of autosomal STR markers was performed within the framework of the State Assignment of the Ministry of Science and Higher Education No. 122112800026-1.

For citation: Vagaytseva KV, Kolesnikov NA, Skalin MD, Velikhova LV, Ruzavina OD, Pestretsova DE, Vysochina AN, Kharkov VN, Stepanov VA. 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

Введение

Популяционно-генетические исследования населения России, выполненные с использованием различных систем генетических маркеров, выявили высокую внутри- и межпопуляционную генетическую вариабельность. Эффекты демографической истории человечества привели к тому, что коренные народы, находящиеся на наибольшем географическом удалении по путям миграции, пройденным в ходе эволюции человека, уступают по уровню генетического разнообразия популяциям Европы. Такая вариация напрямую влияет на надежность генетической экспертизы в ДНК-идентификации. Вероятность ложноположительного результата генетической экспертизы, основанной на анализе стандартных аутосомных STR-маркеров, при определении родственных отношений в сложных случаях (установление родства между индивидом и одним предполагаемым родителем (дуо), установление родства между предполагаемыми братьями/сестрами, бабушками/дедушками и внуками и т.д.) в популяциях с низким уровнем генетического разнообразия возрастает [1–3].

Увеличение информативности генетической тест-системы, основанной на STR-маркерах, возможно несколькими путями. Один – расширение панели используемых генетических маркеров путем добавления высокоинформативных аутосомных STR-маркеров. Доказано, что дополнительные STR могут повысить эффективность генетического тестирования в определении истинного родства между родителем и ребенком, родными или сводными братьями и сестрами, а также при экспертизе в сложных случаях опре-

деления родственных отношений [4]. Второй – использование дополнительных маркеров, локализованных на половых хромосомах, особенности наследования которых упрощают проведение экспертизы сложных случаев и дают преимущества при анализе смешанных образцов за счет гемизиготности мужчин [5]. Кроме того, на достоверность генетической экспертизы в значительной степени влияют референсные частоты аллелей, используемые в вероятностных расчётах. Для успешного применения генетической тест-системы в практике ДНК-идентификации необходимо иметь представление о генетической структуре популяции по выбранным локусам.

Результаты исследований генетической структуры алтайских популяций, основанные на аутосомных и Y-хромосомных маркерах, демонстрируют, с одной стороны, генетическое родство этих народов, а с другой – сохранение их гетерогенности [6, 7]. У алтайцев был выявлен довольно высокий уровень коэффициента геномного инбридинга [8], что свидетельствует о низком генетическом разнообразии среди коренного населения Алтая. В популяции теленгитов отмечается самый низкий уровень гетерозиготности среди малых народов Сибири [9]. Это подчеркивает актуальность проведения анализа генетической структуры популяций по предлагаемым для генетической экспертизы локусам перед внедрением дополнительных инструментов в практику. Цель данного исследования заключается в определении уровня генетического разнообразия и оценке степени генетической дифференциации двух популяций южных алтайцев с использованием двух систем генетических маркеров, разработанных для повышения надежности генетической экспертизы на территории Российской Федерации.

Материалы и методы

Материалом исследования послужили выборки мужчин южных алтайцев (77 – теленгиты, 107 – алтай-кижи). Забор венозной крови у доноров проводили с соблюдением процедуры письменного информированного согласия на проведение исследования. На каждого донора составлялась анкета с его родословной, указанием этнической принадлежности и мест рождения предков. Метисы в выборки не входили. Генотипирование образцов по аутосомным STR-маркерам проводили методом мультиплексной полимеразной цепной реакции с последующим анализом продуктов амплификации на автоматическом генетическом анализаторе НАНОФОР-05 (Синтол, Россия). В работе использовались два мультиплексных набора маркеров: включающий 18 X-STR (HPRTB, DXS8378, DXS6797, DXS6804, GATA165B12, DXS9902, DXS6810, DXS8377, DXS101, DXS7133, DXS7424, DXS7423, DXS6789, GATA31E08, DXS10079, DXS10103, DXS7132, DXS9895) и разрабатываемый в лаборатории геномной идентификации совместно с компанией ООО «Гордиз» (Россия) мультиплексный набор аутосомных STR, включающий 23 маркера (D20S1082, D6S474, D14S1434, D4S2666, D1S1677, D11S4463, D4S2364, D9S1122, D2S1776, D17S974, D10S1435, D3S3053, D5S2500, D1S1627, D3S4529, D2S1360, D3S1744, D17S1301,

D8S1132, Penta D, D10S2325, D7S1517, Penta E). Для генотипирования использовали реакционный микс и активатор производства компании «Гордиз» (Россия). Реакционная смесь (10 мкл) включала: 2 мкл активатора, 2 мкл реакционного микса, 0,16 мкл смеси праймеров, 1 мкл ДНК, 4,84 мкл ddH₂O. Генотипирование STR-маркеров проводилось с помощью капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе НАНОФОР 05 (Синтол, Россия). Частоты аллелей рассчитывали стандартным способом с помощью программного пакета MS Excel. Оценку значения ожидаемой гетерозиготности, анализ генетической дистанции по Рейнгольду (R_{st}) и оценку соответствия распределений генотипов равновесию Харди–Вайнберга проводили с использованием программного средства Arlequin v. 3.5 [10]. Экспериментальные исследования проведены на базе Центра коллективного пользования научно-исследовательским оборудованием «Медицинская геномика» (НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ).

Результаты исследования и обсуждение

В контексте исследования генетического разнообразия и его закономерностей важным аспектом является анализ соответствия распределения генотипов равновесию Харди–Вайнберга, что позволяет выявить нарушения, обусловленные генетическими и социальными факторами, существующими в исследуемых популяциях. Оценку соответствия распределения генотипов равновесию Харди–Вайнберга проводили только для аутосомных STR, поскольку в данной работе анализировались выборки мужчин. Распределения генотипов локусов D4S2666 ($0,000 \pm 0,000$), D10S2325 ($0,000 \pm 0,000$) отклоняются от равновесия Харди–Вайнберга в популяции теленгитов. В популяции алтай-кижи отклонения зафиксированы для большего числа локусов: D6S474 ($0,001 \pm 0,000$), D4S2364 ($0,000 \pm 0,000$), D1S1627 ($0,000 \pm 0,000$), D10S2325 ($0,000 \pm 0,000$). Во всех случаях значения наблюдаемого уровня гетерозиготности ниже ожидаемого, в связи с этим можно предполагать, что отклонения от равновесия вызваны высоким индексом внутрирайонных эндогамных браков южных алтайцев.

Среднее значение ожидаемой гетерозиготности в популяции теленгитов (H_e X-STR = $0,723 \pm 0,076$, H_e ASTR = $0,750 \pm 0,081$) по обеим системам маркеров ниже, чем в популяции алтай-кижи (H_e X-STR = $0,726 \pm 0,098$, H_e ASTR = $0,753 \pm 0,075$). В то же время уровень средней ожидаемой гетерозиготности по панели аутосомных STR выше, чем для X-STR.

Наибольшее суммарное число аллелей было зафиксировано в популяции теленгитов: 178 аллелей аутосомных маркеров и 121 аллель X-STR-маркеров. Полученные значения сравнительно невысоки, к примеру, в популяции русских суммарное число аллелей 20 стандартных aSTR составляет 228, а у белорусов – 250 [11].

Оценка генетического расстояния между выборками южных алтайцев методом R_{st} показала наличие значимых различий между выборками теленгитов и алтай-кижи, при этом получено большее генетическое сходство по

аутосомным STR (0,006, $p = 0,000$), чем по X-STR-маркерам (0,007, $p = 0,002$).

Заключение

В ходе исследования были выявлены значимые генетические различия между двумя этносами южных алтайцев (по набору аутосомных STR 0,006, $p = 0,000$, по набору X-STR 0,007, $p = 0,002$). Полученные результаты подчеркивают необходимость при вероятностных расчетах в ДНК-идентификации ориентироваться на референсные частоты аллелей, выявленные для каждой популяции. Объединение алтай-кижи и теленгитов в одну выборку (южные алтайцы) повлечет снижение надежности генетической экспертизы в популяции теленгитов. Ориентируясь на низкий уровень генетического разнообразия аутосомных маркеров в популяциях алтайцев, можно рекомендовать совмещать оба типа генетических маркеров (аутосомные STR и X-STR) при проведении генетической экспертизы на родство, особенно в сложных случаях.

Список источников

1. Вагайцева К.В., Лопаткина М.Е., Колесников Н.А., Харьков В.Н., Степанов В.А. Информативность стандартных аутосомных STR в популяциях коренных народов России для определения родства первой степени // *Генетика*. 2024. Vol. 60, № 5. PP. 95–101. doi: 10.31857/S0016675824050078
2. Rohlf S.V., Fullerton S.M., Weir B.S. Familial identification: population structure and relationship distinguishability // *PLoS Genetics*. 2012. Vol. 8, № 2. e1002469. doi: 10.1371/journal.pgen.1002469
3. Zvenigorosky V., Sabbagh A., Gonzalez A., Fausser J.L., Palstra F., Romanov G., Solov'yev 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. Vol. 134, № 6. PP. 1981–1990. doi: 10.1007/s00414-020-02298-w
4. O'Connor K.L., Butts E., Hill C.R., Butler J., Vallone P. Evaluating the effect of additional forensic loci on likelihood ratio values for complex kinship analysis // *The 21st International Symposium on Human Identification*. 2010. PP. 1–27.
5. Butler J.M., Hill C.R., Decker A.E., Kline M.C., Reid T.M., Vallone P.M. New Autosomal and Y-Chromosome STR Loci: Characterization and Potential Uses // *Proceedings of the 18th International Symposium on Human Identification*. 2007. PP. 1–42.
6. Харьков В.Н., Степанов В.А., Медведева О.Ф., Спиридонова М.Г., Воевода М.И., Тадинова В.Н., Пузырев В.П. Различия в структуре генофондов северных и южных алтайцев по гаплогруппам Y-хромосомы // *Генетика*. 2007. Т. 43, № 5. С. 675–687.
7. Балаганская О.А., Балановская Е.В., Лавряшина М.Б., Исакова Ж.Т., Сабитов Ж.М., Фролова С.А., Захарова Т.А. Полиморфизм Y хромосомы у тюркоязычного населения Алтае-Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов Западной и Восточной Евразии // *Медицинская генетика*. 2011. Т. 3, № 105. С. 12–22.
8. Колесников Н.А., Харьков В.Н., Зарубин А.А., Раджабов М.О., Воевода М.И., Губина М.А., Степанов В.А. Особенности геномного распределения регионов высокой гомозиготности у коренного населения Северной Евразии на индивидуальном и популяционном уровнях на основе анализа SNP высокой плотности // *Генетика*. 2021. Т. 57, № 11. С. 1261–1275. doi: 10.31857/S0016675821110059
9. Лавряшина М.Б., Ульянова М.В., Балаганская О.А., Балаганский А.Г., Балановская Е.В. Генетический портрет десяти малых народов Южной Сибири. Сообщение II. Гетерозиготность и подразделенность генофонда по данным об аутосомных ДНК-маркерах // *Медицинская генетика*. 2010. Т. 9, № 99. С. 16–23.

10. Excoffier L., Lischer H.E. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows // *Molecular Ecology Resources*. 2010. № 10. PP. 564–567. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x
11. Харьков В.Н., Котова С.А., Колесников Н.А., Спивак Е.А., Вагайцева К.В., Забавская Т.В., Рыбакова В.И., Парфенова А.С., Верчук А.Н., Янковский Н.К., Степанов В.А. Генетическое разнообразие 21 аутосомного STR-маркера системы CODIS в популяциях Восточной Европы // *Генетика*. 2021. Т. 57, № 12. С. 1396–1402. doi: 10.31857/S0016675821120055

References

1. Vagaitseva KV, Lopatkina ME, Kolesnikov NA, Kharkov VN, Stepanov VA. Identification information value of standard autosomal STR in populations of indigenous peoples of Russia in determination of first degree relationship. *Russian Journal of Genetics*. 2024;60(5):676-681.
2. Rohlf RV, Fullerton SM, Weir BS. Familial identification: population structure and relationship distinguishability. *PLoS Genetics*. 2012;8(2):e1002469. doi: 10.1371/journal.pgen.1002469
3. Zvenigorosky V, Sabbagh A, Gonzalez A, Fausser JL, 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
4. O'Connor KL, Butts E, Hill CR, Butler J, Vallone P. Evaluating the effect of additional forensic loci on likelihood ratio values for complex kinship analysis. In: *The 21st International Symposium on Human Identification*. 2010. p. 1-27
5. Butler JM, Hill CR, Decker AE, Kline MC, Reid TM, Vallone PM. New Autosomal and Y-Chromosome STR Loci: Characterization and Potential Uses. In: *Proceedings of the 18th International Symposium on Human Identification*. 2007. p. 1-45
6. Kharkov VN, Stepanov VA, Medvedeva OF, Spiridonova MG, Voevoda MI, Tadinova VN, Puzyrev VP. Gene pool differences between northern and southern altaians inferred from the data on Y-chromosomal haplogroups. *Russian Journal of Genetics*. 2007;43(5):551-562. doi: 10.1134/S1022795407050110
7. Balaganskaya OA, Balanovskaya EV, Lavryashina MB, Isakova ZhT, Sabitov ZhM, Frolova SA, Zakharova TA. Y-chromosomal polymorphism in turkic-speaking populations from altai-sayan, tien-shan and pamir mountains in context of the interaction between western and Eastern Eurasian gene pools. *Medical genetics*. 2011;3(105):12-22. In Russian, English summary
8. Kolesnikov NA, Kharkov VN, Zarubin AA, Stepanov VA, Radzhabov MO, Voevoda MI, Gubina MA, Khusnutdinova EK, Litvinov SS, Ekomasova NV, Shtygasheva OV, Maksimova NR, Sukhomyasova AL. Features of the genomic distribution of runs of homozygosity in the indigenous population of northern Eurasia at the individual and population levels based on high density SNP analysis. *Russian Journal of Genetics*. 2021;57(11):1261-1275. doi: 10.1134/S1022795421110053
9. Lavryashina MB, Ul'yanova MV, Balaganskaya OA, Balaganskiy AG, Balanovskaya EV. Genetic portrait of ten small ethnic groups from southern Siberia. The message II. Heterozygosities and subdivided a gene pool of autosomal DNA markers. *Medical genetics*. 2010; 9(99):16-23. In Russian, English summary
10. Excoffier L, Lischer HE. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 2010;10:564-567. doi: 10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x.
11. Kharkov VN, Kolesnikov NA, Vagaitseva KV, Stepanov VA, Kotova SA, Spivak EA, Zabavskaya TV, Rybakova VI, Parfenova AS, Verchuk AN, Yankovsky NK. Genetic diversity of 21 autosomic STR markers of the CODIS system in populations of Eastern

Europe. *Russian Journal of Genetics*. 2021;57(12):1396-1402. doi: 10.1134/S102279542112005X

Информация об авторах:

Вагайцева Ксения Валерьевна, канд. биол. наук, н.с. лаборатории геномной идентификации НИИ медицинской генетики ТНИМЦ (Томск, Россия).

ORCID: 0000-0003-4877-9749

E-mail: kseniya.simonova @medgenetics.ru

Колесников Никита Александрович, канд. биол. наук, н.с. лаборатории геномной идентификации НИИ медицинской генетики ТНИМЦ (Томск, Россия).

ORCID: 0000-0001-8855-577X

E-mail: nikita.kolesnikov@medgenetics.ru

Скалин Максим Дмитриевич, аспирант ИОГЕН им. Н. И. Вавилова РАН (Москва, Россия).

E-mail: maxskalin@gmail.com

Валихова Лариса Витальевна, аспирант Томского НИМЦ, м.н.с. лаборатории геномной идентификации (Томск, Россия).

ORCID: 0000-0002-9440-1678

E-mail: Larisa_Ermizova9@mail.ru

Рузавина Ольга Дмитриевна, м.н.с. лаборатории геномной идентификации НИИ медицинской генетики ТНИМЦ (Томск, Россия).

ORCID: 0009-0002-3962-8404

E-mail: ruzavella@mail.ru

Пестрецова Дарья Евгеньевна, магистрант Томского государственного университета (Томск, Россия).

Высочина Анастасия Николаевна, студентка Томского государственного университета (Томск, Россия).

Харьков Владимир Николаевич, д-р биол. наук, заведующий лабораторией геномной идентификации, ведущий научный сотрудник лаборатории эволюционной генетики НИИ медицинской генетики ТНИМЦ (Томск, Россия).

ORCID: 0000-0002-1679-2212

E-mail: vladimir-kharkov@medgenetics.ru

Степанов Вадим Анатольевич, академик РАН, д-р биол. наук, директор Томского НИМЦ, руководитель лаборатории эволюционной генетики НИИ медицинской генетики ТНИМЦ (Томск, Россия).

ORCID: 0000-0002-5166-331X

E-mail: vadim-stepanov@medgenetics.ru

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Information about the authors:

Ksenia V. Vagaitseva, Cand. Sci. (Biol.), Researcher at the Laboratory of Genomic Identification, Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Research Medical Center (Tomsk, Russian Federation).

ORCID: 0000-0003-4877-9749

E-mail: kseniya.simonova @medgenetics.ru

Nifita A. Kolesnikov, Cand. Sci. (Biol.), Researcher at the Laboratory of Genomic Identification, Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Research Medical Center (Tomsk, Russian Federation).

ORCID: 0000-0001-8855-577X

E-mail: nikita.kolesnikov@medgenetics.ru

Maxim D. Scalin, postgraduate student of the Institute of Genetics named after N.I. Vavilov of the Russian Academy of Sciences (Moscow, Russian Federation).

E-mail: maxskalin@gmail.com

Larisa V. Valikhova, postgraduate student of Tomsk National Research Medical Center, junior researcher of the laboratory of genomic identification (Tomsk, Russian Federation).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9440-1678>

E-mail: Larisa_Ermizova9@mail.ru

Olga D. Rusavina, Junior Researcher, Laboratory of Genomic Identification, Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Research Medical Center (Tomsk, Russian Federation).

ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-3962-8404>

E-mail: ruzavella@mail.ru

Daria E. Pestrecova, Master's student of the National Research Tomsk State University (Tomsk, Russian Federation).

Anastasia N. Visochina, student of the National Research Tomsk State University (Tomsk, Russian Federation).

Vladimir N. Kharkov, Dr. Sci. (Biol.), Head of the Laboratory of Genomic Identification, Leading Researcher of the Laboratory of Evolutionary Genetics, Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Research Medical Center (Tomsk, Russian Federation).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1679-2212>

E-mail: vladimir-kharkov@medgenetics.ru

Vadim A. Stepanov, Academician, Russian Academy of Sciences, Dr. Sci. (Biol.), Director of Tomsk National Research Medical Center, Head of the Laboratory of Evolutionary Genetics, Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Research Medical Center (Tomsk, Russian Federation).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5166-331X>

E-mail: vadim-stepanov@medgenetics.ru

The Authors declare no conflict of interest.

*Статья поступила в редакцию 31.07.2024;
одобрена после рецензирования 11.11.2024; принята к публикации 03.03.2025.*

*The article was submitted 31.07.2024;
approved after reviewing 11.11.2024; accepted for publication 03.03.2025.*