

Научная статья

УДК 579.64

doi: 10.17223/19988591/69/19

Генетический ландшафт народов Алтая по гаплогруппам Y-хромосомы

Владимир Николаевич Харьков¹, Лариса Витальевна Валихова²,
Фаина Анисимовна Лузина³, Вадим Анатольевич Степанов⁴

^{1, 2, 4} НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ, Томск, Россия

³ НИИ комплексных проблем гигиены и профессиональных заболеваний,
Новокузнецк, Россия

¹ vladimir-kharkov@medgenetics.ru

Аннотация. Алтайцы в основном проживают на территории Республики Горный Алтай. Проведено исследование состава и частот гаплогрупп Y-хромосомы у северных и южных алтайцев. Описано распределение частот гаплогрупп Y-хромосомы у коренного населения Республики Алтай – северных алтайцев (кумандинцев, челканцев, тубаларов) и южных алтайцев (теленгитов и алтай-кижи) для подробной характеристики структуры их генофондов с помощью описания состава гаплогрупп Y-хромосомы и YSTR-гаплотипов, определяемых на основании генотипирования большого количества SNP и 44 YSTR-маркеров ее нерекombинирующей части. Для большинства алтайских народов характерно наличие различных вариантов гаплогруппы R1a1, но для каждой отдельной сублинии показано специфичное распределение по частотам у различных этносов. Варианты этой гаплогруппы связаны с расселением на территорию современной Южной Сибири тюркских племен. Геплотипы по разным гаплогруппам также достаточно сильно различаются в разных этнических выборках. Гаплогруппы Q1b1a1a1g~ (Y3951) и Q1b1a3b1a (Y1693) являются наследием аборигенных племен енисейской языковой семьи. Наличие гаплогруппы N1a2b1b1 (B478) в генофондах северных и южных алтайцев связано с аборигенным самодийским населением, которое проживало на этих территориях до прихода тюрков и монгольских племен. Полученные результаты состава и частот гаплогрупп Y-хромосомы свидетельствуют о смешении различных предковых групп. Гаплогруппы C2a1a2a2a (Y12825), C2a1a3a1c (Y12782), C2b1a1a1a1, N1a1a1a1a3a2 (B219) у алтай-кижи и теленгитов унаследованы от монгольских племен, переселившихся на территорию Алтая за последние сотни лет. Состав и частоты гаплогрупп между всеми исследованными этносами сильно различаются между ними. Это соответствует данным антропологов и этнографов, описывающих достаточно сложное этническое происхождение этих народов.

Ключевые слова: генофонд алтайцев, этногенез, Y-хромосома

Источник финансирования: работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда № 22-64-00060.

Для цитирования: Харьков В.Н., Валихова Л.В., Лузина Ф.А., Степанов В.А. Генетический ландшафт народов Алтая по гаплогруппам Y-хромосомы // Вестник Томского государственного университета. Биология. 2025. № 69. С. 162–169. doi: 10.17223/19988591/69/19

Genetic landscape of the Altai peoples by Y-chromosome haplogroups

Vladimir N. Kharkov¹, Larisa V. Valikhova²,
Faina A. Luzina³, Vadim A. Stepanov⁴

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

³ *Research Institute for Complex Problems of Hygiene and Occupational Diseases,
Novokuznetsk, Russia*

¹ *vladimir-kharkov@medgenetics.ru*

Summary. The Altaians are a Turkic-speaking people who mainly live in the Altai Republic. They are divided into several ethnic groups. The number of northern Altaians is much smaller than the southern ones. Significant differences have been shown between them according to anthropological and linguistic data. The northern Altaians have the most pronounced shift towards the Uralians. They were formed as a result of the interaction of ancient Samoyedic, Ket, Ugric and Turkic tribes. The southern Altaians were formed due to the mixing of Turkic and Mongolian tribes. The material for the study was DNA samples of men belonging to different ethnic groups of the Altaians. The total sample of northern Altaian men was 139 people: Tubalars ($N = 99$), Chelkans ($N = 27$), Kumandins ($N = 13$). The sample of southern Altaians males consisted of 434 people: Telengits ($N = 99$) and Altai-Kizhi ($N = 335$). Using 386 SNP markers, the belonging to Y-chromosome haplogroups was determined. Analysis of STR haplotypes within haplogroups was carried out using 44 YSTRs (DYS19, 385a, 385b, 388, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 426, 434, 435, 437, 438, 439, 442, 444, 445, 448, 449, 456, 458, 460, 461, 481, 504, 505, 518, 525, 531, 533, 537, 552, 570, 576, 635, 643, YCAIIa, YCAIIb, GATA H4.1, Y-GATA-A10, GGAAT1B07). The samples of northern and southern Altaians differ significantly in the composition and frequencies of Y-chromosome haplogroups. Haplogroup R1a1a1b2e1~ (YP1509) is completely dominant among Tubalars. Individual samples of Kumandins and Chelkans belonging to this haplogroup differ in haplotypes from Tubalars. This sublineage does not demonstrate a recent founder effect and a significant increase in the number of descendants of a common male ancestor over the past hundreds of years according to YSTR haplotypes. Some samples of Tubalars, Kumandins and Chelkans belong to the related haplogroup R1a1a1b2a2a3~ (Y42090). Among Tubalars, its frequency is 22%. These two haplogroups (R1a1a1b2e1~ and R1a1a1b2a2a3~) are the heritage of the Turkic peoples. Haplogroup Q1b1a1a1g~ (YP3951) is dominant in the Chelkans (63%) and forms a star-shaped phylogeny with a recent founder effect in the male line. Its two branches in the Chelkans, Kumandins and Tubalars are associated with the descendants of the local population of this region related to the peoples belonging to the Yeniseian language family. The Kumandins have the highest frequency of the R1b1a1a1a (M478) lineage, which was found in only one Altai-Kizhi man. The haplogroup R1a1a1 (YP1518) is dominant in frequency in the Telengits (58%), which is present with a very low frequency in the Altai-Kizhi. The dominance of this haplogroup is associated with the legacy of the ancient Turkic-speaking Tele tribes, who were not included in the Northern Altaians and Altai-Kizhi. The second most frequent (10%) haplogroup is N1a1a1a1a3a2 (B219), which is dominant among the eastern Buryats and is present among the Mongols and Tuvans. They also have haplogroup N1a2b1b1 (B478), which is inherited from the local Samoyed population, with a frequency of 6%. Their population samples from different villages differ in haplogroup frequency. The Altai-Kizhi are dominated by haplogroup R1a1a1b2a2a3b1a1~ (YP1542) (30%). Three more of their

haplogroups are predominant in the descendants of the early population of modern Mongolia - C2a1a2a2a (Y12825), C2a1a3a1c (Y12782), C2b1a1a1a1, N1a1a1a1a3a2 (B219) are present in many villages where the Altai-Kizhi live. Eighteen men from various villages belong to haplogroup Q1b1a3b1a (YP1693), which occupies 13% of the total sample of Tuvans. The southern Altaians have haplogroups D (15 samples) and J2b2b2 (Y18042) (18 samples). Nineteen men belong to the Samoyedic haplogroup N1a2b1b1 (B478), which makes up a small frequency in samples from different regions. Haplogroup J2b2b2 (Y18042) is associated with people from the territory of modern Iran and the Middle East. In this research we revealed that the most frequent sublineages of the Y chromosome among samples of the indigenous population of the Altai Mountains are variants of haplogroup R1a1, which are associated with various Turkic tribes that settled these territories and mixed with the local aboriginal population. They do not demonstrate a recent founder effect and significant demographic growth of these populations. A detailed study of the gene pool of all northern and southern Altaians by Y-chromosome haplogroups was conducted. The maximum multicomponent composition of the gene pool was found in the Altai-Kizhi. The Chelkans showed a founder effect in the male line over the past hundreds of years. Kumandins, Chelkans, Tubalars, Telengits and Altai-Kizhi are characterized by a specific composition and frequencies of haplogroups, the presence of which is associated with different ancestral groups of populations.

The paper contains 2 Figures, 9 References.

Keywords: gene pool of the Altai people, ehnogenesise, Y-chromosome

Fundings: This work was partially supported by grant of the Russian Science Foundation (No. 22-64-00060).

For citation: Kharkov VN, Valikhova LV, Luzina FA, Stepanov VA. Genetic landscape of the Altai peoples by Y-chromosome haplogroups. *Vestnik Tomskogo gosudarstvennogo universiteta. Biologiya = Tomsk State University Journal of Biology*. 2025;69:162-169. doi: 10.17223/19988591/69/19

Введение

Алтайцы – это тюркоязычные народы, которые в основном проживают на территории Республики Горный Алтай. Они разделяются на несколько этнических групп и различные рода по мужской линии. Численность северных алтайцев намного меньше, чем южных. Между ними показаны значительные различия по данным антропологии и лингвистики. Наиболее выраженный сдвиг в сторону уральцев имеют северные алтайцы [1, 2]. По классификации тюркских языков южные алтайцы отнесены к кыпчакской группе, часть диалектов северных алтайцев относится к уйгурской (северовосточной) языковой группе [3, 4]. Северные алтайцы образовались в результате взаимодействия древних самодийских, кетских, угорских и тюркских племен. Южные алтайцы сформировались благодаря смешению тюркских и монгольских племен. В антропологическом отношении южные алтайцы относятся к южносибирскому и центральноазиатскому монголоидным типам, в то время как у северных алтайцев преобладает уральский антропологический тип [2, 5]. Целью работы является подробная характеристика всех народов Горного Алтая по SNP- и YSTR-маркерам Y-хромосомы для определения гаплогрупп и их различий между исследованными популяционными выборками.

Материалы и методы

Материалом для исследования послужили образцы ДНК мужчин, относящихся к разным этническим группам алтайцев. Общая выборка мужчин северных алтайцев составила 139 человек: тубалары ($N = 99$), челканцы ($N = 27$), кумандинцы ($N = 13$). Выборка мужчин южных алтайцев составила 434 человека: теленгиты ($N = 99$) и алтай-кижи ($N = 335$). 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. С помощью 386 SNP-маркеров была определена принадлежность к гаплогруппам. Классификация гаплогрупп дана в соответствии с данными Международного общества генетической генеалогии (сайт www.isogg.org). Анализ STR-гаплотипов внутри гаплогрупп проводили с использованием 44 микросателлитных маркеров нерекombинирующей части Y-хромосомы (YSTR) (DYS19, 385a, 385b, 388, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 426, 434, 435, 437, 438, 439, 442, 444, 445, 448, 449, 456, 458, 460, 461, 481, 504, 505, 518, 525, 531, 533, 537, 552, 570, 576, 635, 643, YCAIIa, YCAIIb, GATA H4.1, Y-GATA-A10, GGAAT1B07). Генотипирование SNP-маркеров проводили с помощью ПЦР и последующего анализа фрагментов ДНК с применением ПДРФ. Генотипирование STR-маркеров проводилось с помощью капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе НАНОФОР 05. Построение медианных сетей гаплотипов Y-хромосомы проводили с использованием программы Network v 10.0.0.0 (Fluxus Technology Ltd.; www.fluxus-engineering.com) по методу медианных сетей Бандельта [6].

Результаты исследования и обсуждение

Выборки северных и южных алтайцев достаточно сильно отличаются по составу и частотам гаплогрупп Y-хромосомы. У тубаларов полностью доминирует гаплогруппа R1a1a1b2e1~ (YP1509). Отдельные образцы кумандинцев и челканцев, относящиеся к этой гаплогруппе, отличаются по гаплотипам от тубаларов. Эта сублиния по YSTR-гаплотипам не демонстрирует недавнего эффекта основателя и значительного роста числа потомков общего мужского предка за последние сотни лет. Часть образцов тубаларов, кумандинцев и челканцев относится к родственной ей гаплогруппе R1a1a1b2a2a3~ (Y42090). У тубаларов она составляет 22%. Эта гаплогруппа обнаружена лишь у двух мужчин алтай-кижи. Два варианта гаплогруппы R1a1 (R1a1a1b2e1~ и R1a1a1b2a2a3~) являются наследием тюркских народов.

Гаплогруппа Q1b1a1a1g~ (YP3951) доминирует у челканцев (63%) и образует звездообразную филогению с недавним эффектом основателя по мужской линии. Звездообразная медианная сеть этой гаплогруппы подтверждает изменение частот гаплогрупп у челканцев за несколько последних сотен лет за счет увеличения числа сыновей из поколения в поколение. Две ветви гаплогруппы Q1b1a1a1g~ у челканцев, кумандинцев и тубаларов свя-

заны с потомками местного населения этого региона, родственными народами, принадлежащим к енисейской языковой семье. У кумандинцев с максимальной частотой представлена линия R1b1a1a1a (M478), которая обнаружена лишь у одного мужчины алтай-кижи.

Максимальной по частоте у теленгитов является гаплогруппа R1a1a1 (Y1518) (58%), которая с очень небольшой частотой представлена у алтай-кижи (рис. 1). Доминирование этой гаплогруппы связано с наследием от древних тюркоязычных телесских племён, которые не вошли в состав северных алтайцев и алтай-кижи. Второй по частоте (10%) у них является гаплогруппа N1a1a1a1a3a2 (B219), которая доминирует у восточных бурят и присутствует у монголов и тувинцев. Доля этой гаплогруппы у теленгитов связана с вхождением в их состав ойратов из группы монгольских народов. С частотой 6% у них присутствует и гаплогруппа N1a2b1b1 (B478), которая унаследована от местного самодийского населения.

У алтай-кижи присутствуют различные гаплогруппы. Их популяционные выборки из разных поселков отличаются по частоте гаплогрупп. У алтай-кижи преобладает гаплогруппа R1a1a1b2a2a3b1a1~ (Y1542) (30%) (рис. 2). Еще три их гаплогруппы преобладающие у потомков раннего населения современной Монголии – C2a1a2a2a (Y12825), C2a1a3a1c (Y12782), C2b1a1a1a1, N1a1a1a1a3a2 (B219), присутствуют во многих поселках, где проживают алтай-кижи. Они с высокой частотой найдены у монголов, калмыков [7], бурят и тувинцев [8]. Их появление на территории Горного Алтая связано с приходом монгольских этнических групп. В Сибири наибольшая частота этих гаплогрупп выявлена у бурят. Эти гаплогруппы являются наследием наиболее позднего вклада монгольских переселенцев с территории современной Тувы и Монголии.

Восемнадцать мужчин из различных посёлков принадлежат к гаплогруппе Q1b1a3b1a (Y1693), которая занимает 13% в общей выборке тувинцев. Её максимальная частота в Туве приходится на восточные выборки тождинцев [9]. У этих южных алтайцев присутствуют гаплогруппы D (15 образцов), и J2b2b2 (Y18042) (18 образцов). Девятнадцать мужчин относятся к самодийской гаплогруппе N1a2b1b1 (B478), которая составляет небольшую частоту в выборках разных районов. Присутствие у северных и южных алтайцев с небольшой частотой гаплогруппы N1a2b1b1 подтверждает вклад в их генофонды коренного самодийского населения, проживавшего на этих территориях до прихода тюрков и монголов. У алтай-кижи присутствует и гаплогруппа J2b2b2 (Y18042) (17 образцов), которая связана с выходцами с территории современного Ирана и Ближнего Востока.

Наиболее частыми субиниями Y-хромосомы среди выборок коренного населения Горного Алтая являются варианты гаплогруппы R1a1, которые связаны с различными тюркскими племенами, заселившими эти территории и смешавшимися с местным аборигенным населением. Подробная структура гаплотипов этой гаплогруппы была установлена путем построения филогенетического древа по методу медианных сетей. Они не демонстрируют недавнего эффекта основателя и значительного демографического роста этих популяций. Проведено подробное изучение генофонда всех северных

и южных алтайцев по гаплогруппам Y-хромосомы. Максимальный многокомпонентный состав генофонда обнаружен у алтай-кижи. У челканцев показан эффект основателя по мужской линии за последние сотни лет. Кумандинцы, челканцы, тубалары, теленгиты и алтай-кижи характеризуются специфическим составом и частотами гаплогрупп, присутствие которых связано с разными предковыми группами популяций.

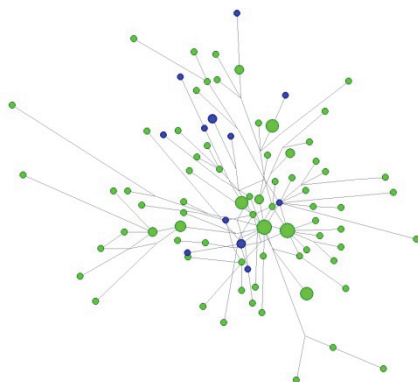


Рис. 1. Медианная сеть гаплогруппы R1a1a1 (YP1518);

зеленые – теленгиты, синие – алтай-кижи

[Fig. 1. Median haplogroup network R1a1a1 (YP1518); green are telengits, blue are altai-kizhi]

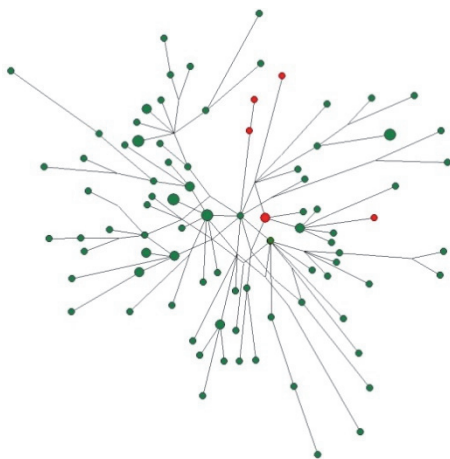


Рис. 2. Медианная сеть гаплогруппы R1a1a1b2a2a3b1a1~ R-YP1542;

зеленые – алтай-кижи, красные – тубалары

[Fig. 2. Median haplogroup network R1a1a1b2a2a3b1a1~ R-YP1542;

green are altai-kizhi, red are tubalars]

Заключение

Все исследованные этносы Горного Алтая сильно различаются по составу и частотам гаплогрупп Y-хромосомы. Полученные результаты свидетельствуют о смешении различных предковых групп, которые населяли эти территории в разные временные периоды, что согласуется с данными антропологии и этнологии. Частоты гаплогрупп и гаплотипов указывают на различие генофондов всех коренных алтайских народов.

Список источников

1. Моисеев В.Г. Антропологический состав тюркоязычных народов Западно-Сибирской равнины по краниологическим данным // Второй Международный конгресс этнографов и антропологов: резюме докладов и сообщений. Ч. 1. Уфа : Восточный ун-т, 1997. С. 57–58.
2. Алексеев В.П., Гохман И.И. Антропология азиатской части СССР. М. : Наука, 1984. 208 с.
3. Долгих Б.О. Родовой и племенной состав народов Сибири в XVII в. М. : Наука, 1960. 105 с.
4. Потапов Л.П. Этнический состав и происхождение алтайцев. Л. : Наука, 1969. 196 с.
5. Кацуба Д.В., Николаев Р.В. Этнография народов Сибири. Кемерово : Изд-во ОблИУУ, 1994. 204 с.
6. Bandelt H.-J., Forster P., Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies // *Molecular Biology and Evolution*. 1999. Vol. 16. PP. 37–48.
7. Balinova N., Post H., Kushniarevich A., Flores R., Karmin M., Sahakyan H., Reidla M., Metspalu E., Litvinov S., Dzhauhermezov M., Akhmetova V., Khusainova R., Endicott P., Khusnutdinova E., Orlova K., Bakaeva E., Khomyakova I., Spitsina N., Zinchenko R., Villem R., Rootsi S. Y-chromosomal analysis of clan structure of Kalmyks, the only European Mongol people, and their relationship to Oirat-Mongols of Inner Asia // *European Journal of Human Genetics*. 2019. Vol. 27, № 9. PP. 1466–1474.
8. Степанов В.А., Колесников Н.А., Валихова Л.В., Зарубин А.А., Хитринская И.Ю., Харьков В.Н. Структура и происхождение генофонда тувинцев по данным аутосомных SNP и гаплогрупп Y-хромосомы // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2023. Т 27, № 1. С. 36–45.
9. Харьков В.Н., Хамина К.В., Медведева О.Ф., Симонова К.В., Хитринская И.Ю., Степанов В.А. Структура генофонда тувинцев по маркерам Y-хромосомы // *Генетика*. 2013. Т 49, № 12. С. 1416–1425.

References

1. Moiseev VG. Antropologicheskij sostav tyurkoyazychnyh narodov Zapadno-Sibirskoj ravniny po kraniologicheskim dannym [Anthropological composition of the Turkic-speaking peoples of the West Siberian Plain according to craniological data]. In: *Vtoroj mezhdunarodnyj kongress etnografov i antropologov: rezyume dokladov i soobshchenij. Ch. 1* [Second International Congress of Ethnographers and Anthropologists: Abstracts of Papers and Communications]. Ufa: Izd-vo Vostochnyj un-t; 1997. pp. 57-58. In Russian
2. Alekseev VP, Gohman II. Antropologiya aziatskoj chasti SSSR [Anthropology of the Asian part of the USSR]. Moscow: Nauka Publ.; 1984. 208 p. In Russian
3. Dolgiy BO. Rodovoj i plemennoj sostav narodov Sibiri v XVII v [The clan and tribal composition of the peoples of Siberia in the 17th century]. Moscow: Nauka Publ.; 1960. 105 p. In Russian
4. Potapov LP. Etnicheskij sostav i proiskhozhdenie altajcev [Ethnic composition and origin of the Altaians]. Leningrad: Nauka, Publ., 1969. 196 p. In Russian
5. Kacyuba DV, Nikolaev RV. Etnografiya narodov Sibiri [Ethnography of the peoples of Siberia]. Kemerovo: Izd-vo OblIUU, Publ., 1994. 204 p. In Russian
6. Bandelt H-J, Forster P, Rohl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*. 1999;16:37-48.
7. Balinova N, Post H, Kushniarevich A, Flores R, Karmin M, Sahakyan H, Reidla M, Metspalu E, Litvinov S, Dzhauhermezov M, Akhmetova V, Khusainova R, Endicott P, Khusnutdinova E, Orlova K, Bakaeva E, Khomyakova I, Spitsina N, Zinchenko R, Villem R, Rootsi S. Y-chromosomal analysis of clan structure of Kalmyks, the only European Mongol people, and their relationship to Oirat-Mongols of Inner Asia. *European Journal of Human Genetics*. 2019;27(9):1466-1474.

8. Stepanov VA, Kolesnikov NA, Valikhova LV, Zarubin AA, Khitrinskaya IYu, Kharkov VN. Structure and origin of Tuvan gene pool according to autosome SNP and Y-chromosome haplogroups. *Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii – Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2023;27(1):36-45. In Russian, English summary.
9. Kharkov VN, Khamina KV, Medvedeva OF, Simonova KV, Khitrinskaya IY, Stepanov VA. Gene Pool Structure of Tuvinians Inferred from Y-Chromosome Marker Data. *Genetika – Russian Journal of Genetics*. 2013;49(12):1236-1244. In Russian, English summary.

Информация об авторах:

Харьков Владимир Николаевич, д-р биол. наук, зав. лабораторией геномной идентификации, в.н.с. лаборатории эволюционной генетики НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ (Томск, Россия).

ORCID: [https:// 0000-0002-1679-2212](https://0000-0002-1679-2212)

E-mail: vladimir-kharkov@medgenetics.ru

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

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

Лузина Фаина Анисимовна, канд. биол. наук, с.н.с. лаборатории молекулярно-генетических и экспериментальных исследований НИИ комплексных проблем гигиены и профессиональных заболеваний (Новокузнецк, Россия).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9299-4652>

E-mail: luzina45@mail.ru

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

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

E-mail: vadim-stepanov@medgenetics.ru

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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 Medical Research Center (Tomsk, Russian Federation).

ORCID: [https:// 0000-0002-1679-2212](https://0000-0002-1679-2212)

E-mail: vladimir-kharkov@medgenetics.ru

Larisa V. Valikhova, graduate student, junior researcher at the Laboratory of Genomic Identification, Research Institute of Medical Genetics Tomsk National Medical Research Center (Tomsk, Russian Federation).

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

E-mail: larisa_ermizova9@mail.ru

Faina A. Luzina, Cand. Sci. (Biol.), senior researcher at the Laboratory of Molecular Genetics and Experimental Research, Research Institute for Complex Problems of Hygiene and Occupational Diseases (Novokuznetsk, Russian Federation).

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9299-4652>

E-mail: luzina45@mail.ru

Vadim A. Stepanov, Academician of the Russian Academy of Sciences, Dr. Sci. (Biol.), Director of the Tomsk National Research Center, Head of the Laboratory of Evolutionary Genetics, Research Institute of Medical Genetics Tomsk National Medical Research 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 28.09.2024;
одобрена после рецензирования 18.11.2024; принята к публикации 03.03.2025.*

*The article was submitted 28.09.2024;
approved after reviewing 18.11.2024; accepted for publication 03.03.2025.*