

БИОЛОГИЧЕСКАЯ АНТРОПОЛОГИЯ / BIOLOGICAL ANTHROPOLOGY

Научная статья / Research Article

<https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-1-5>

УДК/UDC 572.575; 572.9

Полиморфизм гена *FTO* rs9939609 в популяциях коренного населения Севера Западной Сибири

А.А. Васильева¹ ✉ А.И. Козлов^{1,2}, Г.Г. Вершубская¹, М.Б. Лавряшина³

¹ Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Москва, Российская Федерация

² Медико-генетический научный центр имени академика Н.П. Бочкова, Москва, Российская Федерация

³ Кемеровский государственный медицинский университет, Кемерово, Российская Федерация

✉ vasileva@mail.bio.msu.ru

РЕЗЮМЕ

Введение. Пополнение и уточнение геногеографической картины гена *FTO* (rs9939609) является актуальной задачей, поскольку носительство аллеля *A*FTO* ассоциировано с повышенным риском развития ожирения, сахарного диабета 2 типа, ишемической болезни сердца. Важно также накопление данных о частотах аллелей *FTO* в группах населения с различными вариантами традиционного природопользования и питания.

Цель исследования: дать характеристику распределения частот аллеля *A*FTO* (rs9939609) в популяциях коренного населения Севера Западной Сибири.

Материалы и методы. В общую выборку (N=171) вошли северные ханты (n=90), сосьвинские манси (n=31), ямальские ненцы (n=50). Проведено генотипирование выделенной из образцов крови геномной ДНК по полиморфному локусу гена *FTO* rs9939609.

Результаты демонстрируют близость западносибирских выборок по частотам аллелей и генотипов. Средняя частота носительства аллеля **A* в популяциях Севера Западной Сибири составляет 0,377. Значимых различий между этническими выборками (ханты, манси, ненцы) по частотам аллеля **A* и генотипа *AA*FTO* не выявлено ($p>0,05$).

Обсуждение. Для обследованных групп характерно невысокое носительство «рисковых» вариантов полиморфизма *FTO* rs9939609. Выборки хантов, манси и ямальских ненцев не различаются по частотам аллеля *A** и генотипа *AA*FTO* и близки к описанным в группах тазовских ненцев (Батурин с соавт., 2017), калмыков и монголов, хотя значимо ($p<0,05$) ниже, чем у алтайцев и русских (Бондарева с соавт., 2018).

Заключение. Поскольку распределение аллеля *A*FTO* в наших выборках отвечает равновесию Харди-Вайнберга, а ранговые корреляции Спирмена между популяционными частотами генотипов *FTO* с географической широтой и климатическими характеристиками области проживания 16 популяций Евразии не достигают принятого уровня значимости ($p>0,2$), можно предположить, что в современных популяциях полиморфизм *FTO* rs9939609 не вовлечён в процессы адаптации к условиям высокоширотных регионов.

Решение вопроса о специфике распределения аллелей и генотипов *FTO* rs9939609 в популяциях, представляющих различные расовые группы и адаптивные типы, требует расширения географического охвата и привлечения более обширного материала.

Ключевые слова: генетическая изменчивость; популяции человека; регуляция метаболизма; ханты; манси; ненцы

Благодарности. Исследование выполнено в рамках государственного задания МГУ имени М.В.Ломоносова (для А.А. Васильевой, А.И. Козлова, Г.Г. Вершубской) и государственного задания для ФГБНУ «МГНЦ».

Для цитирования: Васильева А.А., Козлов А.И., Вершубская Г.Г., Лавряшина М.Б. Полиморфизм гена *FTO* rs9939609 в популяциях коренного населения Севера Западной Сибири // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. 2026. № 1. С. 62–70. <https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-1-5>

***FTO* gene polymorphism (rs9939609) in the indigenous populations of the North of Western Siberia**

Aleksandra A. Vasileva¹ ✉, Andrey I. Kozlov^{1,2}, Galina G. Vershubskaya¹, Maria B. Lavryashina³

¹ Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russian Federation

² Bochkov Research Centre for Medical Genetics, Moscow, Russian Federation

³ Kemerovo State Medical University, Kemerovo, Russian Federation

✉ vasileva@mail.bio.msu.ru

ABSTRACT

Introduction. Expanding and refining the gene-geographic pattern of *FTO* (rs9939609) is a urgent task, as *A*FTO* allele is associated with an increased risk of obesity, type 2 diabetes and coronary heart disease. Accumulating data on *FTO* allele frequencies in population groups with different traditional nature management and dietary patterns is also important.

Study objective: to characterize the frequency distribution of *A*FTO* (rs9939609) allele in indigenous populations of northern Western Siberia.

Materials and methods. The total sample (N=171) included Northern Khanty (N=90), Sosva Mansi (N=31), and Yamal Nenets (N=50). Genotyping of genomic DNA isolated from blood samples was performed for *FTO* rs9939609.

The results demonstrate similar allele and genotype frequencies across the West Siberian samples. The average frequency of **A* allele in northern Western Siberian populations is 0.377. The frequencies of **A* allele and *AA*FTO* genotype were not significantly different between individuals from different ethnic samples (Khanty, Mansi, and Nenets), $p>0.05$.

Discussion. The studied groups are characterized by a low carriage rate of risk variants of the *FTO* rs9939609 polymorphism. Khanty, Mansi, and Yamal Nenets samples do not differ in the frequencies of *A** allele and *AA*FTO* genotype and are close to those described in the Taz Nenets (Baturin et al., 2017), Kalmyks, and Mongols, although they are significantly ($p<0.05$) lower than in the Altaians and Russians (Bondareva et al., 2018).

Conclusion. The distribution of *A*FTO* allele in our samples corresponds to the Hardy-Weinberg equilibrium, while the Spearman's rank correlations between the population frequencies of *FTO* genotypes with the geographic latitude and climatic characteristics of the 16 Eurasian regions do not reach the significance level ($p>0.2$). It can be assumed that *FTO* rs9939609 is not involved in the high-latitude adaptation in modern populations.

The specific distribution of alleles and genotypes of *FTO* rs9939609 in populations of different racial groups and adaptive types requires expanding the geographic coverage and involving extensive material.

Keywords: genetic variability; human populations; metabolic regulation; Khanty; Mansi; Nenets

Acknowledgements. The study was conducted under the state assignment of Lomonosov Moscow State University (Vasileva A.A., Kozlov A.I., Vershubskaya G.G.) and the State assignment of Research Center for Medical Genetics.

For citation: Vasileva A.A., Kozlov A.I., Vershubskaya G.G., Lavryashina M.B. *FTO* gene polymorphism (rs9939609) in the indigenous populations of the North of Western Siberia. *Lomonosov Journal of Anthropology*. 2026 (1), pp. 62-70. <https://doi.org/10.55959/MSU2074-8132-26-1-5>

Введение

Локализованный на хромосоме 16q12.2 ген *FTO* кодирует белок *FTO* (fat mass and obesity associated), влияющий на интенсивность метаболизма у позвоночных животных. Ген был обнаружен в 1999 году (Peters et al., 1999). Исследования на лабораторных животных показали, что экспрессия *FTO* происходит в основном в клетках гипоталамуса и регулируется процессами, ответственными за чувства насыщения и голода (Fischer et al., 2009; Church et al., 2010).

К настоящему времени выявлено около 60 различающихся по фенотипическим проявлениям полиморфных вариантов гена *FTO* (Kucher, 2020). Медико-генетические данные подтвердили ассоциацию носительства ряда аллелей *FTO* с патологическими состояниями и заболеваниями человека. Мы рассмотрим только *FTO* rs9939609, для аллеля *A** которого выявлена ассоциация с повышенным риском развития ожирения, сахарного диабета 2 типа и ишемической болезни сердца (Frayling et al., 2007; Hinney et al., 2007).

Согласно результатам мета-анализов, пространственное распределение аллельных вариантов *FTO* связано с историей популяций. Носительство отдельных аллелей приурочено к близким по происхождению этническим группам, причём ассоциированные с данным полиморфизмом метаболические нарушения проявляются в антропологически родственных группах, но не в других крупных популяционных общностях (Tan et al., 2014; Hardy et al., 2020).

Средняя частота носительства *A*FTO* rs9939609 в популяциях европейского происхождения оценивается в $q=0,41$ со снижением в группах Восточной Азии до $q=0,17$ (Kucher, 2020). При этом, судя по немногочисленным имеющимся данным, на пространстве Северной Евразии (территории Российской Федерации и сопредельных государств) частоты аллеля не проявляют стройной клинальной изменчивости, даже с поправкой на историю миграций. В частности, если носительство *A*FTO* в выборке этнических русских действительно оказывается высоким ($q=0,584$) и низким в монголоидных группах (у монголов, калмыков и ненцев соответственно $q=0,304$, $0,367$ и $0,299$) (Бондарева с соавт., 2018; Батурич с соавт., 2017), то в выборке также представляющих монголоидную большую расу алтайцев доля носителей аллеля *A** очень высока: $q=0,664$ (Бондарева с соавт., 2018).

Учитывая, что распределение частот аллеля *A*FTO* (rs9939609) в евразийских популяциях изучено недостаточно, пополнение и уточнение геногеографической картины гена *FTO* следует считать актуальной задачей.

Не менее важно накопление данных о частотах аллелей *FTO* (rs9939609) в группах населения с различными вариантами традиционного природопользования и питания.

Удачным объектом исследования в этом плане представляются популяции коренного населения Севера Западной Сибири – ненцев, хантов и манси.

Относящиеся к самодийской ветви уральской языковой семьи ненцы – коренное население высокоширотных регионов, адаптированное к обитанию в арктической зоне. Со второй половины I тысячелетия н.э., когда ненцы сложились как этническая группа, они освоили огромные пространства Западной Сибири и Европейской Арктики (Хомич, 1976). Подавляющее большинство современных ненцев (более 42 тыс. из общего числа 49 646, зарегистрированных переписью 2021 г.) относится к группе тундровых ненцев, живущих и кочующих на пространствах от устья Енисея до Белого моря. Несмотря на локальные культурные и языковые различия субэтнических общностей тундровых ненцев, основой традиционного питания всех этих групп является продукция оленеводства и рыболовства с умеренным вкладом охотничьей добычи (Козлов с соавт., 2022; Krupnik, 1993).

Представители угорской ветви уральских языков ханты и манси (обские угры) – обитатели таёжной и таёжно-тундровой зон Западной Сибири. По мнению ряда исследователей, их генофонд, несмотря на позднейший приток генов из азиатских и европейских популяций, сохранил следы верхнепалеолитического населения Евразии (Pimenoff et al., 2008; Derenko et al., 2014). Для хантов и манси, как и для ненцев, характерны высокая адаптированность к низким среднегодовым температурам, значительным уровням повседневных физических нагрузок и присущий арктическому/субарктическому адаптивному типу комплекс соматических черт со сравнительно невысоким содержанием жировой ткани (Kozlov et al., 2007).

Традиционное жизнеобеспечение обских угров основывалось на сочетании рыболовства в реках и внутренних водоёмах с охотой при значи-

Таблица 1. Частоты аллелей и генотипов *FTO* в выборках коренного населения Севера Западной Сибири (N=171)
Table 1. Frequencies of *FTO* alleles and genotypes in samples of the indigenous population of the North of Western Siberia (N=171)

Этническая группа Population group	N	Частоты аллелей Frequencies alleles		Частоты генотипов Frequencies genotypes			Соответствие равновесию Харди-Вайнберга Corresponds to the Hardy-Weinberg equilibrium
		A	T	AA	AT	TT	
Ханты северные Northern Khanty	90	0,378	0,622	0,111	0,533	0,356	$\chi^2=1,627$; $p=0,202$
Манси сосьвинские Sosva Mansi	31	0,419	0,581	0,129	0,581	0,290	$\chi^2=1,146$; $p=0,284$
Ненцы ямальские Yamal Nenets	50	0,350	0,650	0,140	0,420	0,440	$\chi^2=0,296$; $p=0,587$

тельно меньшем, по сравнению с ненцами, вкладе оленеводства (Головнев, 1993). Но и при промысловом хозяйстве хантов и манси, и при крупнотабунном оленеводстве ненцев тип питания коренных северян Западной Сибири в целом сохранял черты «арктического белково-липидного» варианта (Kozlov et al., 2007).

Учитывая изложенное, мы полагаем, что исследование полиморфизмов гена *FTO* в группах ненцев и обских угров может дать ценный материал для формирования представлений о пространственной и этноантропологической картине распространенности генов-регуляторов метаболизма на территории Евразии.

Цель исследования: дать характеристику распределения частот аллеля *A*FTO* (rs9939609) в популяциях коренного населения Севера Западной Сибири: ненцев, хантов и манси.

Материалы и методы

В основу работы положены данные обследований 171 представителя коренного населения Севера Западной Сибири. На территории Березовского р-на Ханты-Мансийского АО обследованы северные ханты (n=90) и сосьвинские манси (n=31), ямальские ненцы (n=50) – в Ямало-Ненецком АО. Этническая принадлежность устанавливалась по самоопределению, в большинстве случаев с опросом о национальности предков до второго поколения (бабушки, деда).

Дизайн исследования одобрен Этическими комиссиями Медико-генетического научного центра (г. Москва) и Кемеровского государственного медицинского университета (КемГМУ). Сбор образцов проводился с учётом требований Хель-

синкской декларации, с получением от участников информированного согласия на участие.

Выборки сосьвинских манси, северных хантов и ямальских ненцев представлены материалами, собранными в рамках совместных исследований НИИ и Музея антропологии МГУ и Кемеровского государственного медицинского университета (КемГМУ). ДНК из биологических материалов (образцов крови, полученных в ходе профилактических медицинских осмотров) выделяли методом фенол-хлороформной экстракции. Концентрацию ДНК промеряли на спектрофотометре NanoDrop 2000C. Генотипирование образцов по полиморфному локусу гена *FTO* (T/A, rs9939609) проводили на базе ООО Лаборатория «Литех» (г.Москва).

В качестве референтных групп избраны выборки русских Центральной России и монголов (Бондарева с соавт., 2018). Образцы, полученные при обследовании этих групп, были исследованы в той же лаборатории, что исключает вероятность методических расхождений в генетическом анализе.

Расчет и последующая обработка результатов осуществлялись при помощи программы Statistica 12.0 (StatSoft, США). Анализ частот аллелей и генотипов в наших выборках и межгрупповые сравнения проводили методом χ^2 с поправкой Холма-Бонферрони для множественных сравнений.

Результаты

Частоты аллелей и генотипов *FTO* rs9939609 у коренного населения Севера Западной Сибири представлены в таблице 1. Концентрация аллелей и генотипов в моноэтнических

группах соответствует равновесию Харди-Вайнберга.

В целом, полученные данные демонстрируют близость всех западносибирских выборок по частотам аллелей и генотипов *FTO* rs9939609. Средняя частота носительства аллеля *A в популяциях Севера Западной Сибири составляет $q=0,377$. Значимых различий между этническими выборками (ханты, манси, ненцы) по частотам аллеля *A и генотипа AA**FTO* не выявлено ($p>0,05$).

Обсуждение

Рассмотрим полученные данные в массиве доступных сведений о распространенности вариантов *FTO* rs9939609 в популяциях Евразии (табл. 2).

Носительство «рисковых» аллеля и генотипа в нашей выборке ненцев значимо ($p<0,001$) ниже, чем у обследованных русских (Батурина с соавт., 2017; Бондарева с соавт., 2018). При этом как частоты аллеля A**FTO* rs9939609 у обследованных нами ямальских ненцев ($q=0,350$; табл. 1) и тазовских ненцев ($q=0,299$; (Батурина с соавт., 2017)), так и частоты генотипа *AA в этих выборках (табл. 2) значимо не различаются ($p>0,05$ во всех случаях). Это позволяет распространить данные о частоте аллелей *FTO* rs9939609 по крайней мере на указанные субэтнические группы, что важно, учитывая широкое географическое расселение ненецких популяций и значительную численность народа в целом (49646 человек, согласно переписи 2021 года).

Частоты аллеля A**FTO* rs9939609 в выборках северных хантов и сосьвинских манси (табл. 1) близки к описанным у ненцев ($q=0,350$ в нашей выборке и $q=0,299$ по данным А.К. Батурина с соавт., калмыков ($q=0,367$) и монголов ($q=0,304$), хотя значимо ниже, чем у алтайцев ($q=0,664$; $p<0,05$) (Батурина с соавт., 2017; Бондарева с соавт., 2018).

Родственных антропологически и близких по частотам аллеля A* и генотипа AA**FTO* rs9939609 ($p>0,05$ во всех случаях) хантов и манси (табл.1) корректно рассматривать как единую группу обских угров. Это позволяет увеличить численность выборки и повысить точность сравнений с другими российскими популяциями, в частности, русскими Москвы и Саранска, а также монголоидными группами – калмыками, алтайцами и монголами (Бондарева с соавт., 2018). Объединённая выборка обских угров отличается сниженным носительством «рис-

кового» аллеля как от русских центрального региона Европейской части РФ ($\chi^2=29,686$, $p<0,001$), так и от алтайцев ($\chi^2=45,402$, $p<0,001$). При этом по частотам генотипа AA**FTO* обские угры с высокой значимостью ($p<0,001$) отличаются от всех перечисленных групп.

На основании имеющихся на настоящий момент данных складывается впечатление, что носительство «рискового» аллеля A**FTO* rs9939609 у коренного населения Арктики (ненцы) и Субарктики (ханты, манси) ниже, чем в группах населения других климатических зон.

При этом, однако, мы не находим подтверждений того, что в современных популяциях полиморфизм *FTO* rs9939609 вовлечён в процессы адаптации к условиям высокоширотных регионов. При вычислении ранговых корреляций Спирмена между значениями популяционных частот генотипов AA*, AT*, TT**FTO* с одной стороны, и географической широтой локализации выборки, среднегодовой температурой области проживания группы и средней температурой самого холодного месяца года, с другой (табл. 2), статистически значимые связи не выявлены ($p>0,2$ во всех случаях).

Это подтверждается и равновесием Харди-Вайнберга по полиморфизму *FTO* rs9939609 в наших выборках (табл. 1). Проведённый нами анализ распределения аллелей и генотипов в выборке обследованных А.К. Батуриным с соавторами азовских ненцев ($\chi^2=1,117$; $p=0,291$) также указывает на равновесное распределение аллелей и генотипов, которое устанавливается при отсутствии давления отбора и притока генов из других популяций (Батурина с соавт., 2017).

Учитывая, что невысокое содержание жировой ткани – характерная и, по-видимому, давно сложившаяся морфологическая черта высокоширотных популяций (Kozlov et al., 2007), можно предположить, что рассматриваемый нами вариант rs9939609 мог служить мишенью для естественного отбора лишь на ранних этапах адаптации древних людей к обитанию в Арктике и Субарктике; аналогичные идеи выдвинуты Б.А. Малярчуком и А.Н. Литвиновым относительно полиморфизма *FTO* rs1421085 (Malyarchuk, Litvinov, 2025).

Наши наблюдения, разумеется, не закрывают антропоэкологического направления в исследованиях *FTO* rs9939609: расширение популяционных данных и привлечение более обширного материала может открыть новые перспективы.

Таблица 2. Географическая локализация, температурный режим и частоты генотипов *FTO* rs9939609 в некоторых популяциях Евразии
Table 2. Geographic localization, temperature regime and genotype frequencies of *FTO* rs9939609 in some Eurasian populations

Этническая группа, локализация выборки Ethnic group, sample location	Геогр. широта °N Geographic latitude °N	Температура, С° Temperature, С°		Частоты генотипов Genotype frequency			Источник данных Source
		Средняя годовая Average annual	Самый холодный месяц The coldest month	AA	AT	TT	
Ненцы тазовские (Тазовский) Nenets of Taz (Tazovsky)	67°28'	-6,1	-24,3	0,194	0,276	0,283	Батурин с соавт., 2017 Baturin et al., 2017
Ненцы ямальские (Яр-Сале) Yamal Nenets (Yar-Sale)	66°51'	-4,2	-20,7	0,140	0,420	0,440	Собств. данные Our data
Ханты северные (Теги) Northern Khanty (Tegi)	64°19'	-3,4	-21,5	0,111	0,533	0,356	Собственные данные Our data
Финны (Оулу) Finns (Oulu)	65°00'	+2,0	-11,1	0,155	0,466	0,378	Kaakinen et al., 2010
Русские (Архангельск) Russians (Arkhangelsk)	64°33'	+1,9	-11,6	0,198	0,494	0,308	Бондарева с соавт., 2018 Bondareva et al., 2018
Манси сосвинские (Ванзетур) Mansi of Sosva (Vanzetur)	63°62'	-1,8	-21,4	0,129	0,581	0,290	Собственные данные Our data
Русские (центральный регион) Russians (central region)	55°45'	+6,3	-6,2	0,332	0,504	0,164	Бондарева с соавт., 2018 Bondareva et al., 2018
Русские (Саранск) Russians (Saransk)	54°11'	+4,1	-11,6	0,236	0,511	0,236	Бондарева с соавт., 2018 Bondareva et al., 2018
Англичане (Чарнвуд) English (Charnwood)	52°45'	+14,0	+3,0	0,180	0,450	0,370	West et al., 2018
Алтайцы (Горно-Алтайск) Altaians (Gorno-Altaysk)	51°58'	+2,8	-13,7	0,628	0,365	0,037	Бондарева с соавт., 2018 Bondareva et al., 2018
Калмыки (Элиста) Kalmyks (Elista)	46°19'	+9,8	-4,1	0,241	0,253	0,506	Бондарева с соавт., 2018 Bondareva et al., 2018
Монголы (Улан-Батор) Mongols (Ulaanbaatar)	47°55'	-0,4	-21,6	0,105	0,398	0,497	Бондарева с соавт., 2018 Bondareva et al., 2018
Румыны (Бухарест) Romanians (Bucharest)	44°24'	+10,8	-1,3	0,340	0,377	0,283	Ursu et al., 2015
Турки (Йозгат) Turks (Yozgat)	39°49'	+9,7	-1,9	0,100	0,440	0,460	Inandiklioğlu, Yaşar, 2021
Корейцы (Тэгу) Koreans (Daegu)	35°52'	+13,8	+0,6	0,020	0,220	0,770	Park, Choi, 2023
Кувейтцы (Эль-Кувейт) Kuwaitis (Kuwait City)	29°22'	+26,4	+12,8	0,230	0,480	0,290	Al-Serri et al., 2018

Заключение

Для обследованного коренного населения Севера Западной Сибири характерно невысокое носительство «рисковых» в отношении развития ожирения, сахарного диабета 2 типа и ишемической болезни сердца вариантов полиморфизма *FTO* rs9939609.

Выборки северных хантов, сосвинских манси и ямальских ненцев не различаются по частотам аллеля *A** и генотипа *AA*FTO* rs9939609 и близки к описанным в группах тазовских ненцев (Батурин с соавт., 2017), калмыков и монголов. Частоты аллеля *A* и генотипа *AA* исследованных нами народов значимо ниже ($p < 0,05$), чем у алтайцев и русских (Бондарева с соавт., 2018).

Поскольку распределение аллеля *A*FTO* rs9939609 в наших выборках отвечает равновесию Харди-Вайнберга, а ранговые корреляции Спирмена между популяционными частотами генотипов *FTO* rs9939609 с географической широтой и климатическими характеристиками области проживания 16 популяций Евразии не достигают принятого уровня значимости ($p > 0,2$), можно предположить, что в современных популяциях полиморфизм *FTO* rs9939609 не вовлечён в процессы адаптации к условиям высокоширотных регионов.

Решение вопроса о специфике распределения аллелей и генотипов *FTO* rs9939609 в популяциях, представляющих различные расовые группы и адаптивные типы, требует расширения географического охвата и привлечения более обширного материала.

Список литературы

Батурин А.К., Сорокина Е.Ю., Погожева А.В., Кешабянц Э.Э., Кобелькова И.В. с соавт. Изучение ассоциации полиморфизмов rs993609 гена *FTO* и rs659366 гена *UCP2* с ожирением у населения Арктической зоны Российской Федерации // Вопросы питания. 2017. Т. 86. № 3. С. 32-39.

Бондарева Э.А., Махалин А.В., Попова Е.В., Отгон Г., Задорожная Л.В. с соавт. Предрасположенность к ожирению среди различных этнических групп на территории России и Монголии, обусловленная полиморфизмом гена *FTO*. Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2018. № 4. С. 43-48. <https://doi.org/10.32521/2074-8132.2018.4.043-048>

Головнев А.В. Историческая типология хозяйства народов Северо-Западной Сибири. Новосибирск: НГУ. 1993. 204 с. ISBN: 5-7615-0121-X.

Козлов А.И., Лавряшина М.Б., Вершубская Г.Г., Балановская Е.В. Своеобразие субэтнических групп ненцев по генетическим детерминантам метаболизма са-

харозы, трегалозы и лактозы // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2022, № 3. С. 63-71. <https://doi.org/10.32521/2074-8132.2022.3.063-071>

Хомич Л.В. Проблемы этногенеза и этнической истории ненцев. Л.: Наука. 1976. 189 с.

Al-Serri A., Al-Bustan S.A., Kamkar M., Thomas D., Alsmadi O. et al. Association of *FTO* rs9939609 with obesity in the Kuwaiti population: a public health concern? *Med. Princ. Pract.*, 2018, 27 (2), pp. 145-151. <https://doi.org/10.1159/000486767>

Church C., Moir L., McMurray F., Girard C., Banks G.T. et al. Overexpression of *Fto* leads to increased food intake and results in obesity. *Nat. Genet.*, 2010, 42 (12), pp. 1086-1092. <https://doi.org/10.1038/ng.713>

Derenko M., Malyarchuk B., Denisova G., Perkova M., Litvinov A. et al. Western Eurasian ancestry in modern Siberians based on mitogenomic data. *BMC Evol. Biol.*, 2014, 14, p. 217. <https://doi.org/10.1186/s12862-014-0217-9>

Fischer J., Koch L., Emmerling C., Vierkotten J., Peters T. et al. Inactivation of the *Fto* gene protects from obesity. *Nature*, 2009, 458, pp. 894-898. <https://doi.org/10.1038/nature07848>

Frayling T.M., Timpson N.J., Weedon M.N., Zeggini E., Freathy R.M. et al. A common variant in the *FTO* gene is associated with body mass index and predisposes to childhood and adult obesity. *Science*, 2007, 316 (5826), pp. 889-894. <https://doi.org/10.1126/science.1141634>

Hardy D.S., Garvin J.T., Mersha T.B., Racette S.B. Ancestry specific associations of *FTO* gene variant and metabolic syndrome: A longitudinal ARIC study. *Medicine (Baltimore)*, 2020, 99 (6), pp. e18820. <https://doi.org/10.1097/MD.00000000000018820>

Hinney A., Nguyen T.T., Scherag A., Friedel S., Brüchner G. et al. Genome wide association (GWA) study for early onset extreme obesity supports the role of fat mass and obesity associated gene (*FTO*) variants. *PLoS One*, 2007, 2 (12), p. e1361. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001361>

Inandiklioğlu N., Yaşar A. Association between rs1421085 and rs9939609 polymorphisms of fat mass and obesity-associated gene with high-density lipoprotein cholesterol and triglyceride in obese Turkish children and adolescents. *J. Pediatr. Genet.*, 2021, 10 (1), pp. 9-15. <https://doi.org/10.1055/s-0040-1713154>

Kaakinen M., Läärä E., Pouta A., Hartikainen A.L., Laitinen J. et al. Life-course analysis of a fat mass and obesity-associated (*FTO*) gene variant and body mass index in the Northern Finland Birth Cohort 1966 using structural equation modeling. *Am. J. Epidemiol.*, 2010, 172 (6), pp. 653-665. <https://doi.org/10.1093/aje/kwq178>

Kozlov A., Vershubsky G., Kozlova M. Indigenous Peoples of Northern Russia: Anthropology and Health. *Int. J. Circumpolar Health*, 2007, 66 (sup1), pp. 1-184. <https://doi.org/10.1080/22423982.2007.11864603>

Krupnik I. *Arctic adaptations: native whalers and reindeer herders of Northern Eurasia*. Hanover, University Press of New England, 1993. 355 pp.

Kucher A.N. The *FTO* Gene and Diseases: The Role of Genetic Polymorphism, Epigenetic Modifications, and Environmental Factors. *Russ. J. Genet.*, 2020, 56, pp. 1025–1043. <https://doi.org/10.1134/S1022795420090136>

Malyarchuk B.A., Litvinov A.N. Polymorphism of the rs1421085 Locus of the *FTO* Gene in Human Populations: Genogeographic Aspect. *Russ. J. Genet.*, 2025, 61, pp. 453-459. <https://doi.org/10.1134/S1022795424701850>

Park H.G., Choi J.H. Genetic variant rs9939609 in FTO is associated with body composition and obesity risk in Korean females. *BMJ Open Diabet. Res. Care*, 2023, 11 (6), p. e003649. <https://doi.org/10.1136/bmjdr-2023-003649>

Peters T., Ausmeier K., Rütter U. Cloning of Fatso (Fto), a novel gene deleted by the Fused toes (Ft) mouse mutation. *Mamm. Genome*, 1999, 10 (10), p. 983–986. <https://doi.org/10.1007/s003359901144>

Pimenoff V.N., Comas D., Palo J.U., Vershubsky G., Kozlov A. et al. Northwest Siberian Khanty and Mansi populations in the junction of West and East Eurasian gene pools as revealed by uniparental markers. *Eur. J. Hum. Genet.*, 2008, 16 (10), pp. 1254–1264. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2008.101>

Tan L.-J., Zhu H., He H., Wu K.-H., Li J. et al. Replication of 6 obesity genes in a meta-analysis of genome-wide association studies from diverse ancestries. *PLoS ONE*, 2014, 9 (5), p. e96149. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0096149>

Ursu R.I., Badiu C., Cucu N., Ursu G.F., Craciunescu I. et al. The study of the rs9939609 FTO gene polymorphism in association with obesity and the management of obesity in a Romanian cohort. *J. Med. Life*, 2015, 8 (2), pp. 232–238.

West N.R., Dorling J., Thackray A.E., Hanson N.C., Decombel S.E. et al. Effect of obesity-linked FTO rs9939609 variant on physical activity and dietary patterns in physically active men and women. *J. Obes.*, 2018, 2018, p. 7560707. <https://doi.org/10.1155/2018/7560707>

References

Al-Serri A., Al-Bustan S.A., Kamkar M., Thomas D., Alsmadi O. et al. Association of FTO rs9939609 with obesity in the Kuwaiti population: a public health concern? *Med. Princ. Pract.*, 2018, 27 (2), pp. 145–151. <https://doi.org/10.1159/000486767>

Baturin A.K., Sorokina E.Yu., Pogozheva A.V., Keshabyants E.E., Kobelkova I.V. et al. The association of rs993609 polymorphisms of gene *FTO* and rs659366 polymorphisms of gene *UCP2* with obesity among Arctic Russian population. *Problems of Nutrition*, 2017, 86 (3), pp. 32–39. (In Russ.).

Bondareva E.A., Makhalin A.V., Popova E.V., Otgon G., Zadorozhnaya L.V., et al. Obesity predisposition associated with *FTO* gene polymorphism among different ethnic groups of Russia and Mongolia. *Vestnik Moscovskogo Universiteta. Seria XXIII. Antropologia*, 2018, 4, pp. 43–48. (In Russ.). <https://doi.org/10.32521/2074-8132.2018.4.043-048>

Church C., Moir L., McMurray F., Girard C., Banks G.T. et al. Overexpression of *Fto* leads to increased food intake and results in obesity. *Nat. Genet.*, 2010, 42 (12), pp. 1086–1092. <https://doi.org/10.1038/ng.713>

Derenko M., Malyarchuk B., Denisova G., Perkova M., Litvinov A. et al. Western Eurasian ancestry in modern Siberians based on mitogenomic data. *BMC Evol. Biol.*, 2014, 14, p. 217. <https://doi.org/10.1186/s12862-014-0217-9>

Fischer J., Koch L., Emmerling C., Vierkotten J., Peters T. et al. Inactivation of the *Fto* gene protects from obesity. *Nature*, 2009, 458, pp. 894–898. <https://doi.org/10.1038/nature07848>

Frayling T.M., Timpson N.J., Weedon M.N., Zeggini E., Freathy R.M. et al. A common variant in the *FTO* gene is associated with body mass index and predisposes to

childhood and adult obesity. *Science*, 2007, 316 (5826), pp. 889–894. <https://doi.org/10.1126/science.1141634>

Golovnev A.V. *Historical typology of the economy of the peoples of Northwestern Siberia*. Novosibirsk, NSU Publ., 1993. 204 p. (In Russ.). ISBN: 5-7615-0121-X.

Hardy D.S., Garvin J.T., Mersha T.B., Racette S.B. Ancestry specific associations of *FTO* gene variant and metabolic syndrome: A longitudinal ARIC study. *Medicine (Baltimore)*, 2020, 99 (6), pp. e18820. <https://doi.org/10.1097/MD.00000000000018820>

Hinney A., Nguyen T.T., Scherag A., Friedel S., Brunner G. et al. Genome wide association (GWA) study for early onset extreme obesity supports the role of fat mass and obesity associated gene (*FTO*) variants. *PLoS One*, 2007, 2 (12), p. e1361. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0001361>

Inandikioğlu N., Yaşar A. Association between rs1421085 and rs9939609 polymorphisms of fat mass and obesity-associated gene with high-density lipoprotein cholesterol and triglyceride in obese Turkish children and adolescents. *J. Pediatr. Genet.*, 2021, 10 (1), pp. 9–15. <https://doi.org/10.1055/s-0040-1713154>

Kaakinen M., Läärä E., Pouta A., Hartikainen A.L., Laitinen J. et al. Life-course analysis of a fat mass and obesity-associated (*FTO*) gene variant and body mass index in the Northern Finland Birth Cohort 1966 using structural equation modeling. *Am. J. Epidemiol.*, 2010, 172 (6), pp. 653–665. <https://doi.org/10.1093/aje/kwq178>

Khomich L.V. *Problems of Ethnogenesis and Ethnic History of the Nenets*. Leningrad, Nauka Publ., 1976. 189 p. (In Russ.).

Kozlov A., Vershubsky G., Kozlova M. Indigenous Peoples of Northern Russia: Anthropology and Health. *Int. J. Circumpolar Health*, 2007, 66 (sup1), pp. 1–184. <https://doi.org/10.1080/22423982.2007.11864603>

Kozlov A.I., Lavryashina M.B., Vershubskaya G.G., Balanovska E.V. The peculiarity of sub-ethnic groups of Nenets in genetic determinants of the metabolism of sucrose, trehalose and lactose. *Vestnik Moscovskogo Universiteta. Seria XXIII. Antropologia*, 2022, 3, pp. 63–71. (In Russ.). <https://doi.org/10.32521/2074-8132.2022.3.063-071>

Krupnik I. *Arctic adaptations: native whalers and reindeer herders of Northern Eurasia*. Hanover, University Press of New England, 1993. 355 pp.

Kucher A.N. The *FTO* Gene and Diseases: The Role of Genetic Polymorphism, Epigenetic Modifications, and Environmental Factors. *Russ. J. Genet.*, 2020, 56, pp. 1025–1043. <https://doi.org/10.1134/S1022795420090136>

Malyarchuk B.A., Litvinov A.N. Polymorphism of the rs1421085 Locus of the *FTO* Gene in Human Populations: Genogeographic Aspect. *Russ. J. Genet.*, 2025, 61, pp. 453–459. <https://doi.org/10.1134/S1022795424701850>

Park H.G., Choi J.H. Genetic variant rs9939609 in FTO is associated with body composition and obesity risk in Korean females. *BMJ Open Diabet. Res. Care*, 2023, 11 (6), p. e003649. <https://doi.org/10.1136/bmjdr-2023-003649>

Peters T., Ausmeier K., Rütter U. Cloning of Fatso (Fto), a novel gene deleted by the Fused toes (Ft) mouse mutation. *Mamm. Genome*, 1999, 10 (10), p. 983–986. <https://doi.org/10.1007/s003359901144>

Pimenoff V.N., Comas D., Palo J.U., Vershubsky G., Kozlov A. et al. Northwest Siberian Khanty and Mansi populations in the junction of West and East Eurasian gene pools as revealed by uniparental markers. *Eur. J.*

Hum. Genet., 2008, 16 (10), pp. 1254-1264.
<https://doi.org/10.1038/ejhg.2008.101>

Tan L.-J., Zhu H., He H., Wu K.-H., Li J. et al. Replication of 6 obesity genes in a meta-analysis of genome-wide association studies from diverse ancestries. *PLoS ONE*, 2014, 9 (5), p. e96149.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0096149>

Ursu R.I., Badiu C., Cucu N., Ursu G.F., Craciunescu I. et al. The study of the rs9939609 FTO gene polymorphism in association with obesity and the management of obesity in a Romanian cohort. *J. Med. Life*, 2015, 8 (2), pp. 232-238.

West N.R., Dorling J., Thackray A.E., Hanson N.C., De-combel S.E. et al. Effect of obesity-linked FTO rs9939609 variant on physical activity and dietary patterns in physically active men and women. *J. Obes.*, 2018, 2018, p. 7560707.
<https://doi.org/10.1155/2018/7560707>

Информация об авторах/ Information about the authors

Васильева Александра Александровна, к.б.н.,
НИИ и Музей антропологии, Московский
государственный университет имени М.В.Ломоносова,
г. Москва, Российская Федерация;
vasileva@mail.bio.msu.ru,
<https://orcid.org/0000-0002-8025-8444>

Козлов Андрей Игоревич, д.б.н. НИИ и Музей антропологии,
Московский государственный университет
имени М.В.Ломоносова; Медико-генетический научный
центр имени академика Н.П. Бочкова, г. Москва,
Российская Федерация;
dr.kozlov@gmail.com,
<https://orcid.org/0000-0002-6710-4862>

Вершубская Галина Григорьевна,
НИИ и Музей антропологии, Московский
государственный университет имени М.В.Ломоносова,
г. Москва, Российская Федерация;

ggver@ya.ru,
<https://orcid.org/0000-0003-2452-1532>

Лавряшина Мария Борисовна, д.б.н., проф., Кемеровский
государственный медицинский университет,
Кемерово, Российская Федерация;
lmb2001@mail.ru,
<https://orcid.org/0000-0003-1593-0676>

Vasileva Aleksandra A., Ph. D., Anuchin Research Institute and
Museum of Anthropology, Lomonosov Moscow State University,
Moscow, Russian Federation;
vasileva@mail.bio.msu.ru,
<https://orcid.org/0000-0002-8025-8444>

Kozlov Andrey I., Dr. Sci., Anuchin Research Institute and
Museum of Anthropology, Lomonosov Moscow State
University, Moscow, Russian Federation; Bochkov Research
Centre for Medical Genetics, Moscow, Russian Federation;
dr.kozlov@gmail.com,
<https://orcid.org/0000-0002-6710-4862>

Vershubskaia Galina G., Anuchin Research Institute
and Museum of Anthropology, Lomonosov Moscow State
University, Moscow, Russian Federation;
ggver@ya.ru,
<https://orcid.org/0000-0003-2452-1532>

Lavryashina Maria B., D. Sci., prof., Kemerovo State Medical
University, Kemerovo, Russian Federation;
lmb2001@mail.ru,
<https://orcid.org/0000-0003-1593-0676>

Поступила в редакцию 10.11.2025.
Получена после доработки 02.12.2025.
Принята к публикации 02.12.2025.

Received 10.11.2025.
Revised 02.12.2025.
Accepted 02.12.2025.