

Бондарева Э.А.¹⁾, Махалин А.В.²⁾, Попова Е.В.³⁾, Отгон Г.⁴⁾, Задорожная Л.В.¹⁾,
Хомякова И.А.¹⁾, Година Е.З.^{1,2)}

¹⁾ МГУ имени М.В.Ломоносова, НИИ и Музей антропологии, 125009, ул. Моховая, д. 11, Москва, Россия;

²⁾ Российский государственный университет физической культуры, спорта, молодежи и туризма (ГЦОЛИФК), кафедра анатомии и биологической антропологии, 105122, Сиреневый бульвар, д.4, Москва, Россия;

³⁾ Горно-Алтайский государственный университет, кафедра физического воспитания и спорта, физиологии и безопасности жизнедеятельности, 649000, ул. Ленкина, д.1, Горно-Алтайск, Россия;

⁴⁾ Монгольский национальный университет медицинских наук, Школа фармакологии и биомедицины, 14210, ул. С.Зориг-3. Почта-48/111, Улан-Батор, Монголия

ПРЕДРАСПОЛОЖЕННОСТЬ К ОЖИРЕНИЮ СРЕДИ РАЗЛИЧНЫХ ЭТНИЧЕСКИХ ГРУПП НА ТЕРРИТОРИИ РОССИИ И МОНГОЛИИ, ОБУСЛОВЛЕННАЯ ПОЛИМОРФИЗМОМ ГЕНА *FTO*

Целью исследования является изучение распределения частот генотипов и аллелей *T/A* – полиморфизма гена *FTO* в четырех моноэтнических выборках (калмыки, русские и алтайцы), проживающих на территории России, и у этнических монголов, проживающих в г. Улан-Батор.

Материалы и методы. В рамках проведенного исследования было обследовано 913 человек. Из них 189 алтайцы (70 женщин и 119 мужчин), 83 калмыки (33 женщины и 50 мужчин), 171 монголы (130 женщин и 141 мужчина), проживающие в г. Улан-Батор, и 479 русские (246 женщин и 233 мужчины). Были собраны образцы эпителия слизистой оболочки рта, из которых выделена геномная ДНК и проведено генотипирование образцов по полиморфному локусу гена *FTO* (*T/A*, rs9939609).

Результаты. Были выявлены статистически неслучайные различия между исследованными моноэтническими выборками ($\chi^2 = 164,3$ df = 6, $p \leq 0,0001$). Все обследованные группы, кроме этнических монголов, демонстрируют относительно близкие частоты встречаемости *FTO*AA* (36,5% у алтайцев, 24,1% у калмыков, 33,2% у русских) и 10,5% у монголов, тогда как доля генотипа *TT* значительно отличается – 3,7% у алтайцев, 16,4% у русских, 50,6% у калмыков и 49,7% у монголов. Различий между подгруппами мужчин и женщин обнаружено не было. Также обнаружены достоверные различия в частотах встречаемости генотипов между тремя группами этнических русских, проживающих в гг. Москве, Архангельске и Саранске ($\chi^2 = 19,5?$ $p = 0,0006$).

Заключение. Обследованные популяции в неодинаковой степени подвержены генетически обусловленному риску ожирения. Также в пределах одной этнической группы частоты гена *FTO* значительно рознятся в зависимости от региона проживания. Для прогноза популяционных рисков необходимо учитывать не только этническую принадлежность, но и дополнительные факторы.

Ключевые слова: *FTO*, ожирение, полиморфизм, этнические группы; алтайцы; калмыки; монголы; русские

Введение

Ожирение наряду со злоупотреблением алкоголем и табакокурением является ключевой причиной роста числа хронических неинфекционных заболеваний во всем мире. Каждый третий взрослый житель земного шара страдает ожирением или имеет значительный избыточный вес [Ng et al., 2014]. В российской популяции каждый пятый мужчина и

каждая третья женщина страдают ожирением [Соболева с соавт., 2014]. Данные мониторинга ВОЗ свидетельствуют, что население стран Восточной Азии в наименьшей степени страдает ожирением, а лидерами по числу ожиревших являются Великобритания и США. В определенной мере данные различия обусловлены этногенетическими особенностями популяций человека, возникшими в результате дрейфа генов или естественного отбора

Таблица 1. Частоты встречаемости генотипов *FTO* в обследованных группах
Table 1. *FTO* genotype frequencies in studied groups

Генотипы	Алтайцы, n=189		Калмыки, n=83		Монголы, n=171		Русские, n=470	
	N _o	N _e	N _o	N _e	N _o	N _e	N _o	N _e
<i>FTO*TT</i>	7	21,3	42	33,2	85	82,8	77	81,3
<i>FTO*TA</i>	113	84,3	21	38,6	68	72,4	237	228,4
<i>FTO*AA</i>	69	83,3	20	11,2	18	15,8	156	160,3
Соответствие равновесию Харди-Вайнберга	$\chi^2_{\text{HW}} = 21,8$ P = 0,0001		$\chi^2_{\text{HW}} = 17,7$ P = 0,0001		$\chi^2_{\text{HW}} = 0,68$ P = 0,43		$\chi^2_{\text{HW}} = 0,67$ P = 0,41	

[Field et al., 2016]. Полногеномные исследования, проведенные за последнее время, позволили обнаружить сотни локусов генома человека, ассоциированных с индексом массы тела (ИМТ), ожирением и метаболическим синдромом. Фактически насыщенность генофонда популяции аллелями риска ожирения совпадает с долей населения в данной популяции, страдающего ожирением и избыточным весом [Mao et al., 2017]. Однонуклеотидные замены, ассоциированные с повышенной склонностью к набору жира и, как следствие, с риском ожирения и коморбидных ему заболеваний, локализованы в первом интроне гена, ассоциированного с жировой массой и ожирением (*FTO* – fat mass and obesity associated). Из них 14 демонстрируют крайне высокий уровень сцепления в популяциях Европы, и умеренно высокий для населения Америки, Восточной и Южной Азии. Аллели риска *FTO*, локализованные в первом интроне гена, неравномерно распределены в популяциях современного человека, так наиболее насыщенными данными аллелями оказались популяции Европы и Северной Америки, тогда как популяции Восточной Азии обеднены данными аллелями [Mao et al., 2017]. Замены в первом интроне *FTO* демонстрируют сильное влияние на значение ИМТ, что подтверждает ключевую роль данного гена в регуляции веса [Speliotes et al., 2010; Locke et al., 2015]. Целью исследования является изучение распределения частот генотипов и аллелей T/A – полиморфизма гена *FTO* в трех моноэтнических выборках (калмыки, русские и алтайцы), проживающих на территории России.

Материалы и методы

Всего было обследовано 913 человек. Из них 189 алтайцы (70 женщин и 119 мужчин) были обследованы в 2017–2018 гг. в г. Горно-Алтайск, а

Таблица 2. Частоты встречаемости аллелей в обследованных группах
Table 2. *FTO* alleles' frequencies in studied groups

Аллель	Алтайцы	Калмыки	Русские	Монголы
<i>FTO*T</i>	33,6%	63,3%	41,6%	69,6%
<i>FTO*A</i>	66,4%	36,7%	58,4%	30,4%

также в г. Горно-Алтайском, в Усть-Канском, Усть-Коксинском, Чойском, Турочакском районах Республики. 83 калмыки (33 женщины и 50 мужчин) были обследованы в 2013г. в г. Элисте. 171 монгол (130 женщин и 141 мужчина) были обследованы в 2012 и 2018 г. в г. Улан-Батор. 479 русские (246 женщин и 233 мужчины) были обследованы в 2017–2018 гг. в г. Москве. В качестве источника геномной ДНК был использован образец буккального эпителия. Сбор образцов проводили при помощи одноразовых стерильных зонд-тампонов (Aptaca, Италия). Выделение геномной ДНК и генотипирование образцов по полиморфному локусу гена *FTO* (T/A, rs9939609) проводили на базе ООО Лаборатория «Литех» (г. Москва). Также для каждого испытуемого были собраны анкетные данные, содержащие, в том числе, информацию об этническом происхождении родителей добровольцев и месте их рождения и проживания. Для анализа частот встречаемости генотипов и аллелей был использован критерий хи-квадрат (χ^2). Статистическая обработка данных была проведена в программе Statistica 12.0 (StatSoft, США). Все испытуемые были осведомлены о целях исследования и дали свои информированные согласия. Дизайн исследования был одобрен локальным этическим комитетом Биологического факультета МГУ имени М.В.Ломоносова (№ 79-д от 24.03.2017 г. и № 91-о от 24.05.2018 г.).

Таблица 3. Частоты встречаемости генотипов *FTO* в группах русских, проживающих в различных регионах РФ

Table 3. *FTO* genotype frequencies in groups of Russians from different Russia regions

Генотипы	Русские, г. Архангельск	Русские, г. Саранск	Русские, г. Москва	Достоверность различий
<i>FTO*TT</i>	30,8%	23,6%	16,4%	$\chi^2 = 19,5$ P = 0,0006
<i>FTO*TA</i>	49,4%	51,1%	50,4%	
<i>FTO*AA</i>	19,8%	23,6%	33,2%	

Результаты

Частоты встречаемости генотипов и аллелей гена *FTO* в обследованных моноэтнических выборках представлены в таблицах 1–3.

Обсуждение

Паттерны распределения аллелей риска развития ожирения специфичны для различных популяционных групп [Mao et al., 2017]. Население России включает множество популяций, каждая из которых имеет свой специфичный генофонд [Solov'eva et al., 2010]. Правомерно ожидать, что распределение генотипов и аллелей T/A-полиморфизма *FTO* будет ощутимо отличаться в разных популяциях РФ, детерминируя различный уровень предрасположенности к ожирению для каждой из них. Данные о частоте встречаемости A-аллеля, ассоциированного с высоким риском ожирения в гомозиготном сочетании для данной группы могут быть использованы на местном уровне организациями здравоохранения и образования. Высокие значения индекса массы тела (ИМТ) влекут за собой развитие кардиометаболических заболеваний, заболеваний опорно-двигательного аппарата и повышают риски возникновения злокачественных образований в органах ЖКТ. Результаты, полученные при изучении частот встречаемости генотипов и аллелей исследованного гена (табл. 1), выявили значительные различия между исследованными моноэтническими выборками ($\chi^2 = 164,3$, $df = 6$, $p < 0,0001$). Все три обследованные группы, проживающие на территории РФ, демонстрируют относительно близкие частоты встречаемости *FTO*AA* (36,5% у алтайцев, 24,1% у калмыков и 33,2% у русских), тогда как доля генотипа TT значительно отличается: 3,7 – у алтайцев, 16,4 – у русских и 50,6 – у калмыков, что отражается в рас-

пределении частот аллелей (табл. 2). Наиболее высокий риск развития ожирения, обусловленный наличием A-аллеля *FTO*, характерен для группы этнических алтайцев, наименее предрасположенными оказались калмыки, а русские занимают промежуточное положение. Интересно, что для обследованных алтайцев и калмыков наблюдается противоположный характер соотношения аллелей ($\chi^2 = 41,1$, $p < 0,0001$), несмотря на то, что обе группы являются монголоидными. В то же время группы калмыков и монголов очень похожи по характеру распределения аллелей *FTO* ($\chi^2 = 1,54$, $p = 0,21$), что, вероятно, является отражением глубоких связей данных популяций. Увеличение частоты A-аллеля у калмыков по сравнению с монголами может быть связано с процессами метисации с русским населением. По оценке международного научного сообщества глобальная частота минорного A-аллеля *FTO* составляет от 34,01% в проекте 1000 геномов (1000 Genomes) до 40,27% в проекте ТОПМЕД (TOPMED).

Ни для одной из обследованных групп не было найдено различий в распределении частот встречаемости генотипов между мужчинами и женщинами, что ожидаемо, так как *FTO* расположен в аутосомах. Среди всех обследованных моноэтнических групп монголы оказались в наименьшей степени склонны к ожирению, детерминированному *FTO*, что хорошо согласуется с данными полученными в масштабном исследовании Мао с коллегами, показавшими, что генофонды популяции Восточной Азии (Китай, Монголия, Корея и Япония) обеднены аллелями риска ожирения и насыщены протекционными аллелями [Mao et al., 2017]. Русские, обследованные в рамках данной работы, проживают постоянно или на протяжении длительного времени в Москве, что, в известной степени, ограничивает репрезентативность данной группы [Bliznetz et al., 2017]. Ранее, в рамках изучения ассоциаций T/A-полиморфизма со склонностью к набору веса, нами были обследованы этнические

русские, проживающие в г. Архангельске и Саранске [Бондарева, Година, 2013; Бондарева с соавт., 2016]. Частоты встречаемости генотипов в трех группах этнических русских демонстрируют статистически значимые различия (табл. 3). При этом доля гетерозигот остается неизменной, тогда как значительно изменяются доли гомозиготных генотипов. Наименее предрасположенными к ожирению, детерминированному А-аллелем *FTO*, являются дети и подростки г. Архангельска. Низкая частота встречаемости генотипа, снижающего количество отложений жира под кожей, кажется неожиданной для популяции, проживающей в холодном климате. Однако она соответствует данным, полученным для других северных популяций человека. Например, частота встречаемости в финской популяции составила *FTO*TT* – 37,8%, *FTO*TA* – 46,6% и *FTO*AA* – 15,5% [Kaakinen et al., 2010]. Дети и подростки, проживающие в Москве (n=157), аналогично взрослым демонстрируют высокий уровень генетического риска набора жировой массы тела: *FTO*TT* – 3,2% *FTO*TA* – 42,1% и *FTO*AA* – 54,7%. Однако на фоне остальных обследованных групп этнических русских для данной группы детей и подростков (6-17 лет), проживающих в Москве, отмечается крайне низкая частота генотипа *TT*. При этом данные антропометрического обследования свидетельствуют об отсутствии в данной группе детей и подростков со значительным превышением ИМТ и высокими значениями жировой массы тела. Для уточнения полученного результата требуется расширение исследованной выборки детей и подростков, проживающих в Москве.

Заключение

Скорость, с которой происходит накопление избыточной жировой массы, находится под контролем множества генов и факторов окружающей среды. В то время как генетические факторы представляются стационарными, некоторые экзогенные факторы – физическая активность, особенности диеты и питания, продолжительность сна – могут быть подвергнуты направленной коррекции. При этом воздействие факторов окружающей среды значительно корректируется генетическим фоном человека, характерным примером является риск развития меланомы под воздействием УФ излучения у европеоидов и представителей негроидной расы [Hunter, 2005]. Аналогично на риск ожирения влияют и факторы внешней среды, такие как количество и интенсивность физических нагрузок, частота приема алкогольных напитков, социально-экономический статус, диета [Rask-

Andersen et al., 2017]. Различия в частотах встречаемости аллелей и генотипов риска среди обследованных групп, проживающих на территории РФ, обнаруженные в рамках представленной работы, могут создавать неблагоприятный фон, усиливающий действие обесогенных, т.е. провоцирующих ожирение, факторов окружающей среды. Выявленные различия среди представителей одной этнической группы, проживающих в различных регионах РФ, свидетельствуют о том, что для прогноза популяционных рисков недостаточно знания только этнической принадлежности, но требуется учитывать больше факторов, например, данные о регионе проживания. Также для обследованных групп характерно деление на субэтнические группы, представители которых демонстрируют значительную межгрупповую изменчивость морфологических признаков [Хомякова, Балинова, 2017]. Данные о частотах встречаемости аллелей и генотипов генов, повышающих риск развития ожирения, позволяют не только описать генетическое своеобразие популяции, но и разработать стратегии, направленные на профилактику развития ожирения путем рационального использования возможностей общеобразовательных учреждений и учреждений здравоохранения, а также средств массовой информации.

Благодарности

Исследование проведено при финансовой поддержке грантов РФФИ № 18-09-00258 (алтайцы), 17-26-03004-ОГН (монголы), 17-06-00721 (дети и подростки Москвы), 18-59-94015 (русские). Теоретическая часть исследования выполнена в рамках выполнения бюджетной темы «Современные проблемы биологической изменчивости человека» (номер ЦИТИС АААА-А16-116030210018-7).

Библиография

Бондарева Э.А., Година Е.З. Поиск ассоциаций полиморфных генетических систем генов *FTO* и *GHRL* с риском развития ожирения у детей и подростков // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2013. № 1. С. 111-119.
Бондарева Э.А., Негашева М.А., Грудиева А.В., Тарасова Т.В. Ассоциации T/A-полиморфизма гена *FTO* с характером жировотложения у юношей и девушек // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2016. № 4. С. 69-77.

Соболева Н.П., Руднев С.Г., Николаев Д.В., Ерюкова Т.А., Колесников В.А. с соавт. Биоимпедансный скрининг населения России в Центрах здоровья: распространённость избыточной массы тела и ожирения // Российский медицинский журнал, 2014. № 4. С. 4-12.

Хомякова И. А., Балинова Н. В. Антропологические особенности торгутов и дербетов Калмыкии и Западной Монголии: сравнительный анализ // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2017. № 1. С. 15-32.

Информация об авторах

Бондарева Эльвира Александровна, к.б.н.;
ORCID ID 0000-0003-3321-7575; Bondareva.E@gmail.com;

Махалин Аду Васильевич, доцент, к.б.н.;
ORCID ID fiziologi@mail.ru;

Попова Елена Викторовна, доцент, к.б.н.;
ORCID ID ms.biolog@mail.ru;

Отгон Галсанжав, проф., д.б.н., otgon60@gmail.com;

Задорожная Людмила Викторовна, к.б.н.;
ORCID ID 0000-0002-3143-3226; mumla@rambler.ru;

Хомякова Ирина Анатольевна, доцент, к.б.н.;
ORCID ID 0000-0002-2811-2034; irina-khomyakova@yandex.ru;

Година Елена Зиновьевна, проф., д.б.н.;
ORCID ID 0000-0002-0692-420X; egodina11@gmail.com.

Bondareva E.A.¹⁾, Makhalin A.V.²⁾, Popova E.V.³⁾, Otgon G.⁴⁾, Zadorozhnaya L.V.¹⁾,
Khomyakova I.A.¹⁾, Godina E.Z.^{1,2)}

¹⁾ Lomonosov Moscow State University, Research Institute and Museum of Anthropology,
Mokhovaya St., 11, Moscow, 125009, Russia;

²⁾ Russian State University of Physical Education, Sport, Youth and Tourism (SCOLIPE),
Sireneviy boulevard, 4, Moscow, 105122, Russia;

³⁾ Gorno-Altai State University,
Lenkina St., 1, Gorno-Altai, 649000, Russia;

⁴⁾ Mongolian National University of Medical Sciences, Department of Physiology, School of Pharmacy
and Bio-Medicine, 14210, S. Zorigh-3 St., Post-48/111, Ulaanbaatar, Mongolia

OBESITY PREDISPOSITION ASSOCIATED WITH *FTO* GENE POLYMORPHISM AMONG DIFFERENT ETHNIC GROUPS OF RUSSIA AND MONGOLIA

The aim of this paper is the study of the distribution of alleles and genotype frequencies of T/A – polymorphism of FTO gene in four different ethnic groups (Kalmyk, Russian and Altaians) in Russia and Mongols in Ulaanbaatar.

Materials and methods. 913 volunteers took part in the study -189 Altaians (70 females u 119 males), 83 Kalmyks (33 females u 50 males), 171 Mongols (130 females u 141 males) in Ulaanbaatar and 479 Russians (246 females u 233 males). Buccal smears were collected, and genomic DNA was isolated. FTO (T/A, rs9939609) genotyping was performed by «Lytech» (Moscow).

Results. Significant differences of the genotype distributions of FTO gene between studied monoethnic groups were found ($\chi^2 = 164,3$, $df = 6$, $p < 0,0001$). All studied groups demonstrate relatively similar frequencies of FTO*AA (36,5% Altaians, 24,1% Kalmyks, 33,2% Russians) excluding Mongols 10,5%, but FTO*TT genotype frequencies are different - 3,7% Altaians, 16,4% Russians, 50,6% Kalmyks and 49,7% Mongols. There were no significant differences in genotype distributions between female and male subsamples in all studied ethnic groups. Among Russians living in three different cities (Moscow, Arkhangelsk, and Saransk) significant differences in FTO genotype distributions were found ($\chi^2 = 19,5$, $p = 0,0006$).

Discussion. We have found that studied populations demonstrate different genetic predisposition to obesity. Also, among the same ethnic group, FTO genotype differences are not equal and depend on the region of living. To predict population-based risks of obesity both ethnicity and region of living should be taken into consideration.

Keywords: FTO; obesity; polymorphism; ethnic groups; Altaians; Kalmyks; Mongols; Russians

References

- Bondareva E.A., Godina E.Z. Poisk assotsiatsiy polimorfnykh geneticheskikh sistem genov *FTO* i *GHRL* s riskom razvitiya ozhireniya u detey i podrostkov [Association of the polymorphic gene systems *FTO* and *GHRL* with risk of obesity development in children and adolescents]. *Vestnik Moskovskogo Universiteta. Seriya XXIII. Antropologiya* [Moscow University Anthropology Bulletin], 2013, 1, pp. 111-119. (In Russ.).
- Bondareva E.A., Negasheva M.A., Grudieva A.V., Tarasova T.V. Assotsiatsii T/A-polimorfizma gena *FTO* s kharakterom zhirootlozheniya u yunoshey i devushek [Association of the T/A polymorphism of the *FTO* gene with fat accumulation in youths]. *Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII. Antropologiya* [Moscow University Anthropology Bulletin], 2016, 4, pp. 69-77. (In Russ.).
- Soboleva N.P., Rudnev S.G., Nikolaev D.V., Eryukova T.A., Kolesnikov V.A. et al. Bioimpedansnyy skринing naseleniya Rossii v Tsentrah zdorov'ya: rasprostranennost' izbytochnoy massy tela i ozhireniya [The bio-impedance screening of population in health centers: prevalence of surplus body mass and obesity]. *Rossiyskiy meditsinskiy zhurnal* [Russian Medical Journal], 2014, 4, pp. 4-12. (In Russ.).
- Khomyakova I.A., Balinova N.V. Antropologicheskie osobennosti torgutov i derbetov Kalmykii i zapadnoy Mongolii sravnitelnyy analiz [Anthropological features of torguts and derbets of Kalmykia and western Mongolia: a comparative analysis]. *Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII. Antropologiya* [Moscow University Anthropology Bulletin], 2017, 1, pp. 15-32. (In Russ.).
- Bliznetz E.A., Lalayants M.R., Markova T.G., Balanovsky O.P., Balanovska E.V., et al. Update of the GJB2/DFNB1 mutation spectrum in Russia: a founder Ingush mutation del (GJB2-D13S175) is the most frequent among other large deletions. *J Hum Genet.*, 2017, 62 (8), pp. 789-795. DOI: 10.1038/jhg.2017.42.
- Field Y., Boyle E.A., Telis N., Gao Z., Gaulton K.J et al. Detection of human adaptation during the past 2000 years. *Science*, 2016, 354 (6313), pp. 760-764. DOI: 10.1126/science.aag0776.
- Hunter D.J. Gene-environment interactions in human diseases. *Nat Rev Genet.*, 2005, 6, pp. 287-298.
- 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, DOI: 10.1093/aje/kwq178.
- Locke A.E., Kahali B., Berndt S.I., Justice A.E., Pers T.H. et al. Genetic studies of body mass index yield new insights for obesity biology. *Nature*, 2015, 518 (7538), pp. 197-206. DOI: 10.1038/nature14177.
- Mao L., Fang Y., Campbell M., Southerland W.M. Population differentiation in allele frequencies of obesity-associated SNPs. *BMC Genomics*, 2017, 18, p. 861. DOI: 10.1186/s12864-017-4262-9.
- Ng M., Fleming T., Robinson M., Thomson B., Graetz N. et al. Global, regional, and national prevalence of overweight and obesity in children and adults during 1980-2013: a systematic analysis for the global burden of disease study 2013. *Lancet*, 2014, 384 (9945), pp. 766-781. DOI: 10.1016/S0140-6736(14)60460-8.
- Rask-Andersen M., Karlsson T., Ek W.E., Johansson E. Gene-environment interaction study for BMI reveals interactions between genetic factors and physical activity, alcohol consumption and socioeconomic status. *PLoS Genet.*, 2017, 13 (9), e1006977.
- Solov'eva D.S., Balanovskaia E.V., Kuznetsova M.A., Vasinskaia O.A., Frolova S.A. et al. The Russian gene pool: gene geography of Alu-insertions (ACE, APOA1, B65, PV92 TPA25). *Mol Biol (Mosk)*, 2010, 44 (3), pp. 393-400. DOI: 10.1134/S0026893310030064.
- Speliotes E.K., Willer C.J., Berndt S.I., Monda K.L., Thorleifsson G. et al. Association analyses of 249,796 individuals reveal 18 new loci associated with body mass index. *Nat Genet.*, 2010, 42, pp. 937-948. DOI: 10.1038/ng.686.

Authors' information

Bondareva Elvira Aleksandrovna, PhD;
ORCID ID 0000-0003-3321-7575; Bondareva.E@gmail.com;
Makhalin Adu Vasilievich, assistant professor, PhD,
fiziologi@mail.ru;
Popova Elena Viktorovna, assistant professor, PhD,
ms.biolog@mail.ru;
Otgon Galsanjav, prof. ScDr., otgon60@gmail.com;
Zadorozhnaya Liudmila Viktorovna, PhD;
ORCID ID 0000-0002-3143-3226; mumla@rambler.ru;
Khomyakova Irina Anatolievna, assistant professor, PhD;
ORCID ID 0000-0002-2811-2034; irina-khomyakova@yandex.ru;
Godina Elena Zinovievna, professor, PhD, D. Sc.;
ORCID ID 0000-0002-0692-420X; egodina11@gmail.com.