

Диахронный палеогенетический анализ средневекового населения юга Западной Сибири

Пилипенко А.^{1*}, Трапезов Р.¹, Томилин М.¹, Черданцев С.¹, Пилипенко И.¹,
Поздняков Д.², Молодин В.², Нестерова М.², Журавлев А.¹, Рыкун М.³

¹ Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

² Институт археологии и этнографии СО РАН, Новосибирск, Россия

³ Томский государственный университет, Томск, Россия

* alexpil@bionet.nsc.ru

Ключевые слова: Западная Сибирь; средневековье; генетическая история населения; палеогенетический подход; диахронный анализ; митохондриальная ДНК; Y-хромосома

Мотивация и цель: В южных и центральных районах Западной Сибири на протяжении нескольких последних тысячелетий протекали этногенетические и культурогенетические процессы, конечным результатом которых стало формирование разнообразных групп коренного населения региона, включая представителей современных тюркоязычных, угорских и самодийских народов. Наиболее перспективным направлением исследования популяционно-генетических аспектов этих процессов является проведение диахронного исследования разновременных древних популяций региона методами палеогенетики. К настоящему времени накоплен значительный объем данных о генетической структуре популяций региона эпохи неолита, бронзового и раннего железного века. Однако средневековые популяции Западной Сибири остаются практически полностью неисследованными методами палеогенетики, хотя их анализ имеет важнейшее значение для реконструкции завершающих этапов формирования генетической структуры коренного населения региона. Целью нашей работы является реконструкция популяционно-генетических аспектов этногенетических процессов в Западной Сибири с помощью палеогенетического исследования диахронной модели, включающей репрезентативные серии образцов от всех основных групп средневекового населения южных районов Западной Сибири (а также выборки из популяций нового времени) с фокусом на анализ разнообразия митохондриальной ДНК и Y-хромосомы.

Методы и алгоритмы: В рамках данного исследования сформирована диахронная выборка общей численностью более 1000 палеоантропологических образцов (индивидов). В состав выборки вошли материалы из более 100 археологических памятников (могильников) с территории Барабинской лесостепи, Верхнего и Среднего Приобья, которые хронологически охватывают последние полторы тысячи лет, включая периоды раннего, развитого и позднего средневековья, а также новое время. Для этой выборки были получены образцы ДНК, оценена ее сохранность и проведен анализ структуры вариантов митохондриальной ДНК (для всех образцов с удовлетворительной сохранностью ДНК) и Y-хромосомы (для индивидов мужского пола с высокой сохранностью ДНК в останках). Разновременные популяции сравнивали между собой, а также с предшествующими популяциями региона и современными группами для выявления динамики генетического состава населения во времени.

Палеогенетические результаты сопоставляли с данными археологии и физической антропологии для получения комплексной реконструкции этногенетических процессов, протекавших на территории Западной Сибири на протяжении последних 1500 лет.

Результаты: Получены данные об особенностях генетического состава (на уровне разнообразия вариантов митохондриальной ДНК и Y-хромосомы) популяций, населявших Барабинскую лесостепь, Верхнее и Среднее Приобье на протяжении раннего, развитого и позднего средневековья, а также в новое время. Диахронный анализ позволил определить компоненты генофонда, которые маркируют генетическую преемственность разновременных средневековых популяций между собой и с предшествующими группами населения региона, а также выявить генетические компоненты, которые маркируют изменения генетического состава населения в результате миграционных процессов и этнокультурного взаимодействия. Предварительно идентифицированы компоненты, маркирующие ранние этапы тюркизации раннесредневекового населения лесостепной зоны Западной Сибири. Определена специфика преимущественно тюркоязычных, угорских и самодийских (по данным археологии) популяций, а также групп смешанного происхождения. Определены направления и географическая локализация зон основных межпопуляционных контактов в различные периоды средневековья. Сформирован обширный банк данных, включающий подробные археологические, антропологические и палеогенетические характеристики материалов, включенных в состав исследуемой диахронной модели.

Выводы: На протяжении различных этапов средневековья на территории южных районов Западной Сибири происходит интенсивное взаимодействие культурно- и генетически контрастных групп населения. Одним из основных направлений генетических потоков в регионе в этот период было взаимодействие по направлению север–юг (и в обратном направлении). Наиболее интенсивно это взаимодействие наблюдается на территории Верхнего Приобья, которое выполняет роль «артерии» для миграционных потоков в регионе. Именно здесь происходит наибольшее перемешивание генетических компонентов различного происхождения. Наше исследование завершает процесс формирования обширной диахронной палеогенетической модели, которая охватывает все основные популяции южных районов Западной Сибири за последние ~ 10 тысяч лет.

Финансирование: Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 23-18-00834.

Diachronic paleogenetic analysis of medieval populations from the South of Western Siberia

Pilipenko A.^{1*}, Trapezov R.¹, Tomilin M.¹, Cherdantsev S.¹, Pilipenko I.¹, Pozdnyakov D.², Molodin V.², Nesterova M.², Zhuravlev A.¹, Rykun M.³

¹ Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

² Institute of Archaeology and Ethnography, SB RAS, Novosibirsk, Russia

³ Tomsk State University, Tomsk, Russia

* alexpil@bionet.nsc.ru

Key words: Western Siberia; the Middle Ages; genetic history of the population; paleogenetic approach; diachronic analysis; mitochondrial DNA; Y-chromosome

Motivation and Aim: As a result of ethnogenetic and culturogenetic processes, which took place in the southern and central regions of Western Siberia during the past few millennia, various groups of the regional indigenous population have formed, including representatives of modern Turkic-speaking, Ugric and Samoyed peoples. The most promising direction of studying the population-genetic aspects of these processes is to conduct a diachronic study of regional ancient populations by paleogenetic methods. A significant amount of data on the genetic structure of the Neolithic, Bronze and Early Iron Age populations from Western Siberia was accumulated. However, the medieval populations of Western Siberia remain almost completely unstudied by paleogenetic methods, although their analysis is of crucial importance for reconstructing the final stages of the genetic structure formation for indigenous populations of the region. The aim of our work is to reconstruct the population-genetic aspects of ethnogenetic processes in Western Siberia using a paleogenetic study of a diachronic model that includes representative series of samples from all major groups of the medieval West Siberian populations with a focus on analyzing the variability of mitochondrial DNA and Y-chromosome.

Methods and Algorithms: Within the framework of this study, a diachronic sample of more than 1,000 paleoanthropological samples (individuals) was formed. The sample includes materials from more than 100 archaeological sites (burial grounds) from the territory of the Baraba forest-steppe, Upper and Middle Ob region, which chronologically cover the last fifteen hundred years, including Middle Ages, as well as modern times. For these samples we obtained a total DNA extracts, analyzed the DNA preservation level and obtained data on the structure of mitochondrial DNA lineages (for all samples with sufficient DNA preservation) and the Y-chromosome (for male individuals with high DNA preservation in the remains). The populations of different medieval periods were compared with each other, as well as with the previous populations of the region and modern groups to identify the chronological dynamics of the genetic composition. The paleogenetic results were compared with data from archaeology and physical anthropology to obtain a comprehensive reconstruction of the ethnogenetic processes that took place in Western Siberia over the past 1,500 years.

Results: Data on the features of the genetic composition (at the level of diversity of mitochondrial DNA and Y-chromosome variants) of populations from the Baraba forest-steppe, Upper and Middle Ob region dated by the different parts of the Middle Ages, as well as by modern times, have been obtained. Diachronic analysis made it possible to identify the components of the gene pool that mark the genetic succession of different medieval populations, as well as with previous regional groups, as well as to identify genetic components that mark changes in the genetic composition of the population as a result of migration processes and ethnocultural interaction. The components marking the early stages of Turkification of the early medieval population of the West Siberian forest-steppe zone have been preliminarily identified. The specifics of predominantly Turkic-speaking, Ugric and Samoyed (according to archaeological data) populations, as well as groups of mixed origin, were determined. The directions and geographical localization of main zones of interpopulation contacts in different Middle Ages periods were determined. An extensive data bank has been formed, including detailed archaeological,

anthropological and paleogenetic characteristics of the materials included in the diachronic model under study.

Conclusion: During different stages of the Middle Ages, intensive interaction of culturally and genetically contrasting population groups took place in the southern regions of Western Siberia. One of the main directions of genetic flows in the region in this period was the interaction in the north-south direction (and in the opposite direction). This interaction is most intensively observed in the territory of the Upper Ob region, which acts as an “artery” for migration flows in the region. The most intensive interaction of genetic components of various origins takes place in this territory. Our study completes the process of forming an representative diachronic paleogenetic model that covers all the main populations of the southern regions of Western Siberia over the past ~ 10 thousand years.

Funding: The study was supported by the Russian Science Foundation, project No. 23-18-00834.