

Генетическая структура сарматского населения Нижнего Поволжья и Южного Приуралья

Томилилин М.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

tomilin@bionet.nsc.ru

Ключевые слова: сарматы; палеогенетика; древняя ДНК; митохондриальная ДНК; Y-хромосома; диахронный анализ

Мотивация и цель: Сарматы – конфедерация воинственных кочевых племен, которые с IV в. до н.э. по IV в. н.э. заселяли западную часть степного пояса Евразии от бассейна Дуная на западе до Уральских гор на востоке. Благодаря античным письменным источникам современные ученые имеют представление о ключевой роли сарматов в различных этнокультурных и политических событиях западной части Евразийских степей. Помимо античной литературы, важную роль сарматов подтверждают археологические исследования многочисленных памятников сарматской культуры. За долгую (более ста лет) историю исследования сарматского населения с точки зрения археологии и антропологии удалось выработать периодизацию их культуры, а также охарактеризовать сарматов с точки зрения физической антропологии. Однако, несмотря на высокую степень изученности, до сих пор остаются нерешенными вопросы их происхождения и связи с населением других регионов Евразии. Одним из наиболее эффективных подходов для объективной реконструкции истории сарматского населения является проведение палеогенетического исследования останков носителей различных этапов сарматской культуры. Получение данных о генетическом составе сарматских популяций, его формировании и динамике позволяет более детально реконструировать историю этих групп населения, игравших высокую роль в политических и этнокультурных процессах на западе степного пояса Евразии.

Цель работы – исследование генетической структуры савромато-сарматского населения Нижнего Поволжья и Приуралья по данным variability митохондриальной ДНК и Y-хромосомы и реконструкция механизмов формирования генофонда сарматских популяций в контексте происходивших в этих регионах исторических и этнокультурных процессов.

Методы и алгоритмы: Экстракция древней ДНК из репрезентативных серий палеоантропологических образцов, анализ нуклеотидной последовательности гипервариабельного сегмента I и филогенетически значимых позиций в кодирующей части мтДНК, филогенетический и филогеографический анализ, определение половой принадлежности останков, анализ структуры Y-хромосомы с помощью анализа аллельных профилей STR-маркеров и статуса филогенетически значимых ОНП Y-хромосомы. Работы выполнены на базе специализированной инфраструктуры для палеогенетических исследований в межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦиГ СО РАН. В процессе работы соблюдались все необходимые требования по предотвращению влияния контаминации и верификации полученных результатов.

Результаты:

- Получены серии образцов для предсавроматского и савроматского времени Нижнего Поволжья (N=16).
- Исследована репрезентативная выборка сарматских материалов Нижнего Поволжья, относящихся к разным этапам культуры (раннесарматскому (IV в. до н.э. – I в. до н.э.), среднесарматскому (I – первая половина II в. н.э.), позднесарматскому (вторая половина II–IV в. н.э.)) общей численностью более 100 образцов (индивидов).
- Получены результаты по разнообразию вариантов мтДНК раннесарматского населения Приуралья (N=15).
- Получены первые данные по разнообразию вариантов мтДНК разновременных групп населения Нижнего Поволжья эпохи бронзы (ямная, катакомбная, срубная культуры).
- Получены предварительные данные по мужскому генофонду (разнообразие вариантов Y-хромосомы) всех перечисленных групп древнего населения.

Выводы:

- Было установлено, что сарматы не демонстрируют преемственности относительно срубной культуры, обитавшей в Нижнем Поволжье в эпоху поздней бронзы, согласно данным по мтДНК и Y-хромосомы. Полученные данные свидетельствуют о высокой роли мигрантов в происхождении сарматского населения Нижнего Поволжья.
- Материалы из Приуралья демонстрируют признаки интенсивного миграционного притока в данный регион населения из более восточных районов степного пояса Евразии, включая южные районы Сибири.

Финансирование: Исследование поддержано за счет средств бюджетного проекта ИЦиГ СО РАН № FWNR-2022-0011.

Genetic structure of the Sarmatian people of the Lower Volga region and the Southern Ural region

Tomilin M.*

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

* tomilin@bionet.nsc.ru

Key words: Sarmatians; paleogenetics; ancient DNA; mitochondrial DNA; Y-chromosome; diachronic analysis

Motivation and Aim: The Sarmatians were a confederation of warlike nomadic tribes that inhabited the western part of the Eurasian steppe from the Danube basin in the west to the Ural Mountains in the east since the 4th century BC to the 4th century AD. According to ancient written sources, modern scholars have an idea of the key role of the Sarmatians in various ethno-cultural and political events in the western part of the Eurasian steppes. In addition to ancient literature, the important role of the Sarmatians is also confirmed by archaeological studies of numerous monuments of the Sarmatian culture. During the long (more than a hundred years) history of the study of the Sarmatian population studied by archeology and anthropology, it was possible to develop a periodisation of their culture and to characterise the Sarmatians in terms of physical anthropology. However,

despite the high degree of study, the questions of their origin and connection with the population of other regions of Eurasia are still unresolved. One of the most effective approaches for the objective reconstruction of the history of the Sarmatian population is the palaeogenetic study of remains belonging to the different stages of the Sarmatian culture. Obtaining data about the genetic composition of Sarmatian populations, its formation and dynamics allows a more detailed reconstruction of the history of these populations, which played a high role in political and ethno-cultural processes in the western Eurasian steppe.

The aim of this work is to study the genetic structure of the Sauromatian-Sarmatian population of the Lower Volga region and the Ural region following the data of mitochondrial DNA and Y-chromosome variability and to reconstruct the mechanisms of gene pool formation of the Sarmatian populations in the context of historical and ethnocultural processes that took place in these regions.

Methods and Algorithms: Extraction of ancient DNA from representative series of paleoanthropological samples; nucleotide sequence analysis of the hypervariable segment I and phylogenetically significant positions in the mtDNA coding part, phylogenetic and phylogeographic analysis, sex determination of the remains, Y-chromosome structure analysis via analysis of STR marker allele profiles and status of phylogenetically significant Y-chromosome SNPs. The work was performed on the specialised infrastructure for palaeogenetic studies in the interinstitutional laboratory of molecular palaeogenetics and palaeogenomics of ICG SB RAS. In the process of work fulfilment, all necessary requirements to prevent the influence of contamination and verification of the obtained results were maintained.

Results:

- A series of specimens for the Pre-Sauromatian and Sauromatian periods of the Lower Volga region were obtained (N=16).
- A representative sample of Sarmatian materials from the Lower Volga region belonging to different stages of culture (Early Sarmatian (IV century BC – I century BC), Middle Sarmatian (I – first half of II century AD), Late Sarmatian (second half of II–IV century AD)) was studied, totalling more than 100 specimens (individuals).
- The results on the diversity of mtDNA variants of the Early Sarmatian population of the Ural region (N=15) were obtained.
- The first data on the mtDNA variant diversity of different groups in the Lower Volga region population of the Bronze Age (Yamnaya, Catacomb, and Shrubnaya cultures) were obtained.
- Preliminary data on the male gene pool (Y-chromosome variant diversity) of all mentioned ancient population groups were obtained.

Conclusion:

- It was found that the Sarmatians do not display continuity with respect to the Shrubnaya culture that inhabited the Lower Volga region in the Late Bronze Age, according to mtDNA and Y-chromosome data. The obtained data indicate a high role of migrants in the origin of the Sarmatian population of the Lower Volga region.
- The Ural materials indicate evidence of intensive migration influx to this region from further eastern parts of the Eurasian steppe, including the southern parts of Siberia.

Funding: The study is supported from the budget project of ICG SB RAS No. FWNR-2022-0011.