

Генофонд митохондриальной ДНК и Y-хромосомы населения Южной Сибири гунно-сарматского времени (конец I тыс. до н.э. – первая половина I тыс. н.э.)

Черданцев С.

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

stephancherd@gmail.com

Ключевые слова: древняя ДНК; митохондриальная ДНК; Y-хромосома; Южная Сибирь; гунно-сарматское время

Мотивация и цель: Согласно археологическим и историческим данным, кочевые племена конца I тыс. до н.э. – начала I тыс. н.э. играли ключевую роль в культурных и этнических процессах в Центральной Азии и прилегающих районах. Процессы, протекавшие в этот период, определили структуру генофонда многих групп коренного населения Евразии, включая современные монголоязычные и тюркоязычные народы. Исследуемые нами группы населения Южной Сибири железного века (хунну и синхронные им группы населения с территории Тувы и Саяно-Алтайской горной страны) участвовали в масштабных миграционных событиях, охвативших весь евразийский степной пояс и прилегающие к нему регионы. Целью данного исследования является реконструкция процессов формирования генофонда митохондриальной ДНК и Y-хромосомы локально-территориальных кочевых групп Южной Сибири гунно-сарматского времени (хунну Забайкалья, население гунно-сарматского времени Тувы, носители булан-кобинской культуры Горного Алтая, население таштыкской культуры Минусинской котловины).

Методы и алгоритмы: Был исследован генофонд мтДНК (в сумме 205 образцов) и Y-хромосомы четырех групп населения гунно-сарматского времени: хунну с территории Забайкалья, население гунно-сарматского времени Тувы, носителей таштыкской культуры Минусинской котловины и булан-кобинской культуры Горного Алтая.

Результаты: Исследованы структура и филогенетическое положение мтДНК для 18 образцов населения хунну Забайкалья, 35 представителей населения гунно-сарматского времени Тувы, 48 индивидов таштыкской культуры и 104 образца представителей булан-кобинской культуры Горного Алтая. Высокая доля успешно проанализированных образцов (более 70 % от взятых в исследование) свидетельствует о высокой сохранности древней ДНК в антропологическом материале. Данные о вариабельности мтДНК в генофонде всех перечисленных популяций свидетельствуют о высоком генетическом разнообразии популяций. Это подразумевает участие генетически контрастных компонентов в формировании их генетического состава. Получены данные о вариабельности линий Y-хромосомы в мужском генофонде хунну Забайкалья, населения гунно-сарматского времени Тувы, носителей булан-кобинской культуры Горного Алтая и таштыкской культуры Минусинской котловины, позволяющие предварительно

оценить специфику процессов формирования мужской части каждой из анализируемых популяций гунно-сарматского времени.

Выводы: По структуре генофонда мтДНК хунну Забайкалья обнаружили высокое сходство с современными монголоязычными популяциями восточных районов Центральной Азии. Основным механизмом формирования структуры генофонда мтДНК других (помимо хунну) рассмотренных в данном исследовании популяций Южной Сибири гунно-сарматского времени является их генетическая преемственность с предшествовавшим населением скифского времени. Таким образом, наблюдаемый уровень генетического разнообразия населения в значительной степени сформировался еще в предшествующее скифское время. Наряду с этим, в генофонде мтДНК исследованных групп населения Южной Сибири присутствуют минорные компоненты, которые указывают на потенциальное генетическое влияние хунну и/или родственных им групп кочевников Центральной Азии. Это влияние, по-видимому, играло роль второстепенного фактора при формировании генофонда мтДНК населения Алтае-Саянской горной системы и прилегающих регионов. Полученные данные по мужскому генофонду в целом подтверждают эти выводы.

Финансирование: Исследование поддержано бюджетным проектом ИЦиГ СО РАН (№ FWNR-2022-0011).

Mitochondrial DNA and Y-chromosome gene pool of Xiongnu-Sarmatian period populations from South Siberia (the end of I millennium B.C. until I millennium A.D.)

Cherdantsev S.

*Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia
stephancherd@gmail.com*

Key words: ancient DNA, mitochondrial DNA, Y-chromosome, South Siberia, Xiongnu-Sarmatian period

Motivation and Aim: According to archaeological and historical data, nomad tribes of I millennium B.C. until I millennium A.D. played a key role in cultural and ethnic processes in Central Asia and adjacent regions. The processes that took place during this period determined the gene pool structure of the Eurasia indigenous population, including modern Mongol- and Turkic-speaking ethnic groups. The Southern Siberia Iron Age population under study (the Xiongnu and synchronous groups of Tuva and the Sayan-Altai mountainous country) participated in large-scale migration events that covered the entire Eurasian steppe belt and adjacent regions. The aim of this study is the reconstruction of processes, which shaped the mitochondrial DNA and Y-chromosome gene pool of local nomad populations dated by Xiongnu-Sarmatian period in the regions of Mountain Altai, Minusinsk Basin and Tuva based on the mtDNA and Y-chromosome haplogroups variation data.

Methods and Algorithms: MtDNA (205 samples) and Y-chromosome gene pool of four Xiongnu-Sarmatian time populations' were studied – the Xiongnu from the territory of Transbaikalia, the Tuva population of the Xiongnu-Sarmatian time, the carriers of the Minusinsk Basin Tashtyk culture and the Altai Mountains Bulan-Koba culture.

Results: The mtDNA structure and phylogenetic position were studied for the Transbaikalian Xiongnu population (18 samples), Xiongnu-Sarmatian time of Tuva population (35), Minusinsk Basin Tashtyk culture population (48) and the Altai Mountains Bulan-Koba culture population (104). The high proportion of successfully analyzed samples (more than 70 % of those taken for the study) indicates the high preservation of ancient DNA in the anthropological material. MtDNA variability data in the gene pool of all populations under study indicate high genetic diversity. This implies the genetically contrasting components participation in their genetic composition formation. The all populations under study Y-chromosome variability data were obtained. This allowing a preliminary assessment of the male part gene pool formation processes specificity each of Xiongnu-Sarmatian period populations under study.

Conclusion: According to the mtDNA gene pool structure, the Transbaikalian Xiongnu found high similarity with modern Mongol-speaking populations of Central Asia eastern regions. The main mechanism for the mtDNA structure gene pool formation of other Southern Siberia Xiongnu-Sarmatian time populations (besides the Xiongnu) considered in this formation is their genetic continuity with the previous Scythian time population. Thus, the observed level of genetic diversity in a population was largely formed in the previous Scythian time. The mtDNA gene pool of the experimental Southern Siberia population groups contains minor components that indicate the probable genetic influence of the Xiongnu and/or related Central Asian nomadic groups. This influence apparently played the role as a secondary factor in changing the MtDNA gene pool of the Altai-Sayan mountain system and nearby regions population. The data obtained on the male gene pool generally confirm these conclusions.

Funding: The study is supported by government IC&G SB RAS project (No. FWNr-2022-0011).