

**Генофонд митохондриальной ДНК и Y-хромосомы населения Южной Сибири  
гунно-сарматского и древнетюркского периодов конца I тыс. до н.э. — I тыс.  
н.э.**

**Научный руководитель – Пиилипенко Александр Сергеевич**

***Черданцев Степан Викторович***

*Аспирант*

Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

*E-mail: chest.18-april@list.ru*

Население Южной Сибири гунно-сарматского и древнетюркского периодов было представлено многочисленными этнокультурными группами - носителями различных археологических культур, в число которых входят хунну (Забайкалье), представители таптыкской культуры и енисейских кыргызов (Минусинская котловина), носители булан-кобинской культуры (Горный Алтай) и древние тюрки (Горный Алтай, Минусинская котловина). Ранние кочевники сформировали в Центральной Азии ряд сменявших друг друга раннегосударственных образований, сыгравших значительную роль в формировании современного коренного населения обширных регионов степного пояса Евразии и сопредельных регионов от Южной Сибири до Восточной Европы. Работа посвящена реконструкции процессов формирования генофонда локально-территориальных групп ранних кочевников Южной Сибири (Забайкалье, Алтай, Минусинская котловина) гунно-сарматского и древнетюркского времени на основании данных варибельности маркеров с однородительским наследованием (митохондриальная ДНК и Y-хромосома). Структуру образцов мтДНК оценивали по последовательности ГВС1 и статусу информативных позиций в кодирующей части мтДНК. Структуру образцов Y-хромосомы оценивали по профилю 17 STR-локусов с последующим анализом соответствующих информативных ОНП маркеров. Исследованная серия образцов мтДНК хунну Забайкалья продемонстрировала наличие линий мтДНК исключительно восточно-евразийского происхождения. Выявленное сходство генофонда мтДНК хунну и современных монголоязычных популяций исследуемого региона свидетельствует о том, что основные черты структуры их генофонда мтДНК были сформированы уже ~ 2000 лет назад. Впоследствии, коренное население Забайкалья и Монголии, вероятно, не подвергалось существенному влиянию генетически контрастных популяций (по женской линии). Генофонд Y-хромосомы хунну Забайкалья демонстрирует разнообразие компонентов и отличия от современных коренных популяций. Анализ генетического состава населения Тывы гуннского времени свидетельствует о том, что распространение влияния хунну на сопредельные территории Южной Сибири сопровождалось интенсивным генетическим взаимодействием пришлых групп хунну с генетически контрастными им популяциями Тывы - потомками населения предшествовавшей скифской эпохи. Влияние хунну на территорию Горного Алтая, по-видимому, носило, преимущественно, характер культурный и политический. Анализ генофонда мтДНК населения Горного Алтая гунно-сарматского времени (булан-кобинская культура) показал преемственность генетического состава с предшествующими популяциями Алтая скифского времени (пазырыкская культура). Напротив, данные по древнетюркскому населению Алтая однозначно свидетельствуют об участии в формировании генофонда их мтДНК пришлых популяций из юго-восточных районов (современный Китай), что привело к существенному увеличению разнообразия и изменению состава гаплогрупп восточно-евразийского кластера мтДНК, Население Алтая предшествующих периодов также приняло участие в формировании генофонда древних тюрков. Предварительное исследование генофонда носителей

таштыкской культуры и енисейских кыргызов с территории Минусинской котловины выявило значительные различия между ними как по доле восточно- и западно-евразийских линий мтДНК, так и по конкретному составу гаплогрупп. Таким образом, в результате исследования были получены новые данные о процессах формирования генофонда групп ранних кочевников Южной Сибири.