

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЕСТЕСТВЕННО-НАУЧНЫХ МЕТОДОВ В АРХЕОЛОГИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ

Научная статья / Article

УДК 903.5(571.1/.5):551.8

[https://doi.org/10.14258/tpai\(2022\)34\(1\).-07](https://doi.org/10.14258/tpai(2022)34(1).-07)

РАЗНООБРАЗИЕ ВАРИАНТОВ мтДНК И Y-ХРОМОСОМЫ В ГЕНОФОНДЕ НОСИТЕЛЕЙ СТАРОАЛЕЙСКОЙ КУЛЬТУРЫ (МОГИЛЬНИК ФИРСОВО-ХIV)

**Степан Викторович Черданцев¹, Ростислав Олегович Трапезов²,
Матвей Алексеевич Томилин³, Ирина Викторовна Пилипенко⁴,
Дмитрий Валентинович Папин⁵, Александр Сергеевич Федорук⁶,
Ярослав Владимирович Фролов⁷, Светлана Семеновна Тур⁸,
Александр Сергеевич Пилипенко⁹**

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия;
stephancherd@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4384-3468>

²Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия;
Rostislav@bionet.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0483-530X>

³Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия;
dugle.rus@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2616-8712>

⁴Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия;
pilipenkoiv@bionet.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8325-6719>

⁵Алтайский государственный университет, Барнаул, Россия;
Институт археологии и этнографии СО РАН, Новосибирск, Россия;
papindv@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2010-9092>

⁶Алтайский государственный университет, Барнаул, Россия;
Институт археологии и этнографии СО РАН, Новосибирск, Россия;
fedorukas@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9825-1822>

⁷Алтайский государственный университет, Барнаул, Россия;
frolov_jar@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7259-2840>

⁸Алтайский государственный университет, Барнаул, Россия;
tur@email.asu.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0616-6525>

⁹Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия;
alexpil@bionet.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1009-2554>

Резюме. Работа продолжает цикл исследований, посвященных анализу скифских групп Верхнего Приобья и прилегающих районов Южной Сибири методами палеогенетики, в частности, изучению генетического состава и истории формирования генофонда носителей староалейской

культуры. На новом этапе исследования нам удалось быстро ввести в полноценный научный оборот новые палеоантропологические материалы из староалейских комплексов могильника Фирсово-XIV, открытых в 2020 г., исследовав структуру мтДНК в этих образцах. Углубленный анализ расширенной таким образом серии мтДНК позволил подтвердить участие в формировании генофонда мтДНК староалейского населения двух основных генетических компонентов — связанных соответственно с автохтонным для раннего железного века генетическим субстратом лесостепной полосы юга Сибири и с влиянием носителей скифо-сибирского круга культур с территории Алтае-Саянской горной системы и сопредельных районов Южной Сибири. Первые данные по Y-хромосоме представителей мужской части староалейской культуры из могильника Фирсово-XIV (три образца, относящихся к восточно-евразийской гаплогруппе Q, два из них — к Q1a) дают пока лишь фрагментарную картину мужского генофонда, которая требует дальнейшей детализации. На данном этапе мы не обнаружили наличия филогенетически контрастных вариантов в мужском генофонде староалейской популяции, как можно было ожидать по аналогии с генофондом мтДНК. Наиболее вероятно, староалейские варианты Q1a-гаплогруппы имеют южносибирское происхождение, что в целом коррелирует с данными по мтДНК. Более точная локализация источника их происхождения в пределах юга Сибири на данном этапе исследования затруднительна и потребует проведения углубленного анализа структуры выявленных вариантов Y-хромосомы. Предварительно можно заключить, что первые данные по Y-хромосоме, подобно мтДНК, не позволили проследить признаки генетического влияния на староалейское население кочевых групп из более юго-западных регионов, включая скифо-сакское население с территории современного Казахстана. С другой стороны, полученные данные позволяют предполагать наличие некоторого своеобразия староалейского мужского генофонда по сравнению с рядом раннекочевых популяций Южной Сибири, с поправкой на малую численность исследованных нами образцов Y-хромосомы.

Ключевые слова: староалейская культура, скифское время, Южная Сибирь, Верхнее Приобье, могильник Фирсово-XIV, палеогенетика, митохондриальная ДНК, Y-хромосома

Благодарности: работа выполнена при финансовой поддержке гранта РНФ №20-18-00179. Использование специальной инфраструктуры ИЦиГ СО РАН для проведения палеогенетических исследований обеспечено за счет средств бюджетного проекта ИЦиГ СО РАН №0259-2019-0010-C-01.

Для цитирования: Черданцев С. В., Трапезов Р. О., Томилин М. А., Пилипенко И. В., Папин Д. В., Федорук А. С., Фролов Я. В., Тур С. С., Пилипенко А. С. Разнообразие вариантов мтДНК и Y-хромосомы в генофонде носителей староалейской культуры (могильник Фирсово-XIV) // Теория и практика археологических исследований. 2022. Т. 34, №1. С. 125–145. [https://doi.org/10.14258/tpai\(2022\)34\(1\).-07](https://doi.org/10.14258/tpai(2022)34(1).-07).

DIVERSITY OF mtDNA AND Y-CHROMOSOME VARIANTS IN THE GENE POOL OF THE CARRIERS OF THE OLD ALEI CULTURE (FIRSOVO-XIV BURIAL GROUND)

Stepan V. Cherdantsev¹, Rostislav O. Trapezov², Matvey A. Tomilin³, Irina V. Pilipenko⁴, Dmitry V. Papin⁵, Alexander S. Fedoruk⁶, Yaroslav V. Frolov⁷, Svetlana S. Tour⁸, Alexander S. Pilipenko⁹

¹Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia;
stephancherd@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-4384-3468>

²Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia;

Rostislav@bionet.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0483-530X>

³Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia;
dugle.rus@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2616-8712>

⁴Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia;
pilipenkoiv@bionet.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8325-6719>

⁵Altai State University, Barnaul, Russia;
Institute of Archeology and Ethnography SB RAS, Novosibirsk, Russia,
papindv@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2010-9092>

⁶Altai State University, Barnaul, Russia,
Institute of Archaeology and Ethnography SB RAS, Novosibirsk, Russia;
fedorukas@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9825-1822>

⁷Altai State University, Barnaul, Russia;
frolov_jar@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7259-2840>

⁸Altai State University, Barnaul, Russia;
tur@email.asu.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0616-6525>

⁹Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia;
alexpil@bionet.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1009-2554>

Abstract. This work continues the series of studies devoted to the analysis of the Scythian groups of the Upper Ob region and adjacent areas of Southern Siberia using paleogenetic methods, in particular, the study of the genetic composition and history of the formation of the gene pool of the carriers of the Old Alei culture. At the new stage of the study, we were able to quickly introduce new paleoanthropological materials from the Old Alei complexes of the Firsovo-XIV burial ground, discovered in 2020, into full-fledged scientific circulation by examining the structure of mtDNA in these samples. An in-depth analysis of the mtDNA series expanded in this way made it possible to confirm the participation in the formation of the mtDNA gene pool of the Old Alei population of two main genetic components - associated, respectively, with the autochthonous for the Early Iron Age genetic substrate of the forest-steppe belt of southern Siberia, and with the influence of carriers of the Scythian-Siberian circle of cultures from the territory of Altai-Sayan mountain system and adjacent regions of Southern Siberia. The first data on the Y-chromosome of the representatives of the male part of the Old Alei culture from the Firsovo-XIV burial ground (three samples belonging to the East Eurasian haplogroup Q, two of them to Q1a) provide only a fragmentary picture of the male gene pool, which requires further detailing. At this stage, we have not found the presence of phylogenetically contrasting variants in the male gene pool of the Old Alei population, as might be expected by analogy with the mtDNA gene pool. Most likely, the Old Alei variants of the Q1a haplogroup are of South Siberian origin, which generally correlates with mtDNA data. A more precise localization of the source of their origin within the south of Siberia at this stage of the study is difficult and will require an in-depth analysis of the structure of the identified variants of the Y chromosome. Preliminarily, it can be concluded that the first data on the Y chromosome, like mtDNA, did not allow us to trace signs of genetic influence on the Old Alei population of nomadic groups from more southern and southwestern regions, including the Scythian-Saka population from the territory of modern Kazakhstan. On the other hand, the data obtained allow us to assume the presence of some peculiarity of the Old Alei male gene pool in comparison with a number of early nomadic populations of Southern Siberia, adjusted for the small number of Y-chromosome samples studied by us.

Key words: Old Alei culture, Scythian time, Southern Siberia, Upper Ob region, Firsovo-XIV burial ground, paleogenetics, mitochondrial DNA, Y-chromosome

Acknowledgements: this work was supported by the Russian Science Foundation grant no. 20-18-00179. The use of special infrastructure of the Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences for carrying out paleogenetic studies is provided at the expense

of the budget project No. 0259-2019-0010-C-01 of the Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences.

For citation: Cherdantsev S. V., Trapezov R. O., Tomilin M. A., Pilipenko I. V., Papin D. V., Fedoruk A. S., Frolov Ya. V., Tour S. S., Pilipenko A. S. Diversity of mtDNA and Y-Chromosome Variants in the Gene Pool of the Carriers of the Old Alei Culture (Firsovo-XIV Burial Ground). *Teoriya i praktika arheologicheskikh issledovanij = The Theory and Practice of Archaeological Research*. 2022;34(1):125–145. (In Russ.). [https://doi.org/10.14258/tpai\(2022\)34\(1\).-07](https://doi.org/10.14258/tpai(2022)34(1).-07).

Введение

Начиная с переходного периода от бронзы к железу (X–VIII вв. до н.э.) и далее в раннем железном веке по мере становления и широкого распространения групп ранних кочевников увеличивается неоднородность этнокультурного состава населения не только степной, но прилегающей с севера лесостепной зоны Евразии. Происходящее увеличение подвижности популяций, интенсивное взаимодействие между собой степных и лесостепных групп в культурном и популяционно-генетическом аспектах приводит к формированию многочисленных образований, на археологическом уровне исследования ассоциируемых с соответствующими локальными археологическими культурами. Неудивительно, что состав этих образований довольно быстро меняется во времени. Этнокультурная картина очень динамична. В рассматриваемом нами регионе Верхнего Приобья под влиянием раннекочевых групп, особенно выраженным с VII–VI вв. до н.э., меняется состав этнокультурных образований: происходит трансформация большереченской культуры переходного времени от бронзы к железу, сложившейся на базе автохтонных ирменско-корчажкинских этнокультурных групп (Троицкая, Назарова, 2001; Могильников, 1997; Папин, 2019). Непосредственно на территории интересующего нас Барнаульского Приобья на месте большереченской культуры под влиянием мигрантов происходит формирование староалейской культуры (Фролов, 2019). Данные археологии указывают на участие в сложении староалейской культуры как автохтонных большереченских групп, так и пришлых раннекочевых (Фролов, 2007; 2019). При этом предметами дискуссии остается и относительная степень участия автохтонных и пришлых групп в формировании староалейской культуры, и происхождение пришлых раннекочевых групп, принявших участие в этом процессе. Исследователи отмечают выраженную неоднородность компонентов мигрантного происхождения, что может быть связано как минимум с двумя основными направлениями связей со скифо-сакским раннекочевым миром: западным, подразумевающим влияние населения с территории современного Казахстана через Кулундинскую степь (Фролов, 2007, с. 22), и восточным — с ранними кочевниками северных предгорных районов Алтая, среднего течения Катуня, Минусинской котловины и даже Тувы (Фролов, 2007, с. 23–24). Относительный вклад этих направлений культурных контактов также пока до конца не выяснен.

Несмотря на наличие значительных палеоантропологических коллекций, всестороннее исследование носителей староалейской культуры методами физической антропологии начато лишь в последнее время (в том числе при участии соавторов данной

работы) и еще не завершено. Ранее была констатирована принадлежность староалейского населения к европеоидному типу и отмечено присутствие у части индивидов отдельных монголоидных черт (Фролов, 2019, с. 222–223). В этническом отношении представителей староалейского населения предположительно относили к древним типам угров или самодийцев (Фролов, 2019, с. 223).

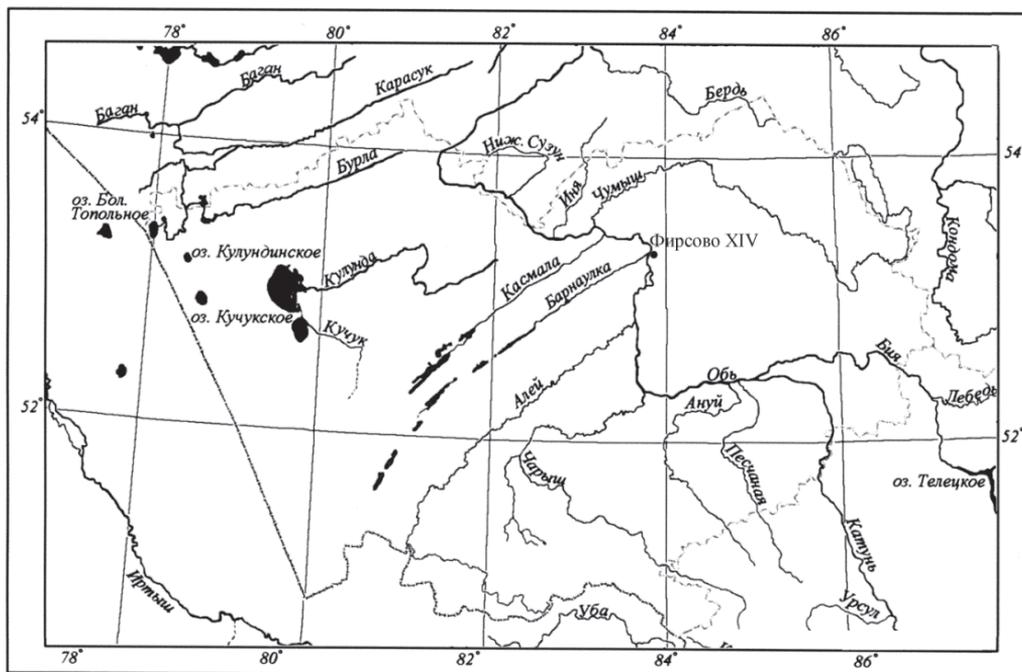


Рис. 1. Местоположение могильника Фирсово-XIV

Fig. 1. Location of the burial ground Firsovo-XIV

Наличие палеоантропологических коллекций высокой степени сохранности делает староалейскую популяцию перспективным объектом для молекулярно-генетического исследования. На современном этапе развития наблюдается постепенный переход популяционно-палеогенетических исследований от анализа отдельных этнокультурных групп, как правило, наиболее ярких в плане археологии, к систематическому накоплению данных о генетическом разнообразии популяций того или иного региона, с учетом их этнокультурного разнообразия. Этот переход заметен и в исследованиях генофонда ранних кочевников Южной Сибири, которые постепенно перестают концентрироваться лишь на таких наиболее известных с точки зрения археологии популяциях, как носители пазырыкской культуры Горного Алтая, тагарской культуры Минусинской котловины и алды-бельской культуры Тувы (Молодин и др., 2003; Pilipenko et al., 2010; Gonzalez-Ruiz et al., 2012; Unterlander et al., 2017; Pilipenko et al., 2018a; Keyser et al., 2009), постепенно включая в фокус популяционно-генетических исследований и другие локально-территориальные этнокультурные образования.

В 2020 г. авторами данной статьи начато междисциплинарное исследование палеоантропологической коллекции от носителей староалейской культуры из памятников Барнаульского Приобья, включающее анализ популяции методами палеоантропологии и палеогенетики и интерпретацию полученных результатов с учетом археологического контекста исследуемых материалов. Базовым памятником для проведения первых этапов исследования выбран могильник Фирсово-XIV (рис. 1) (Кирюшин и др., 2015). В предыдущей нашей работе были опубликованы первые полученные нами данные по составу вариантов мтДНК в генофонде носителей староалейской культуры из этого могильника, а также дана их предварительная интерпретация с учетом имеющихся представлений о генофонде разновременных популяций южных районов Сибири и этнокультурных процессах, протекавших в регионе (Пилипенко и др., 2020).

Основные направления дальнейшего исследования генетического состава староалейского населения включают анализ структуры дополнительных образцов мтДНК, получение данных о составе вариантов Y-хромосомы в мужском генофонде и популяционно-генетический анализ всех полученных данных. Данная статья является развитием нашей предшествующей работы и посвящена рассмотрению полученных нами новых данных о генетическом составе носителей староалейской археологической культуры из могильника Фирсово-XIV и их комплексной интерпретации в контексте проблем реконструкции генетической истории этой группы населения Барнаульского Приобья.

Материалы и методы

Исследованная серия палеоантропологических образцов. Как и в предыдущей нашей статье (Пилипенко и др., 2020), палеогенетическое исследование проведено с использованием староалейских палеоантропологических материалов из могильника Фирсово-XIV. Могильник расположен в центре Фирсовского археологического микрорайона, в одном километре к северу от с. Фирсово в Первомайском районе Алтайского края (правобережье Оби, на берегу старицы Змейка). Выбор этого памятника в качестве базового для начальных этапов анализа генетического состава староалейского населения объясняется двумя причинами: 1) высокой степенью макроскопической сохранности скелетных останков, которая в значительной степени коррелирует с сохранностью ДНК; 2) принадлежностью исследованных на могильнике Фирсово-XIV староалейских погребальных комплексов к среднему этапу развития данного этнокультурного образования — этапу стабилизации (конец VI — V в. до н.э.). В отличие от раннего этапа (этап становления культуры: конец VII — VI в. до н.э.), когда генетический состав ее популяции не сформировался, и позднего этапа (этапа трансформации: конец V — IV в. до н.э.), когда могли начаться серьезные изменения генетического состава (периодизация этапов дана по (Фролов, 2019, с. 223)), именно палеоантропологические комплексы среднего этапа в наибольшей степени отражают особенности генофонда староалейской популяции в сложившемся виде. Для анализа дополнительных образцов мтДНК использовали образцы от четырех индивидов (табл. 1) из погребальных комплексов староалейской культуры, исследованных в полевом сезоне 2020 г. под руководством Д. В. Папина и А. С. Федорука. Все исследованные материалы были представлены длинными костями конечностей высокой степени макроскопической сохранности. Отбор образцов был выполнен С. С. Тур и Д. В. Папиным.

Таблица 1

Результаты анализа структуры новых образцов мтДНК носителей староалейской культуры из могильника Фирсово-XIV (Барнаульское Приобье), исследованных в данной работе
(пол индивидов указан согласно антропологическим определениям)

Tab. 1

The results of the analysis of the structure of new mtDNA samples of carriers of the Old Alei culture from the Firsovo-XIV burial ground (Barnaul Ob region), studied in this work
(the sex of individuals is indicated according to anthropological definitions)

Номер варианта	Код индивида	Описание образца	Гаплотип ГВС I мтДНК	Гаплогруппа мтДНК
1	SA18	Погр. 6 (2020), бедренная кость, женщина	16223T-16298C-16327T	C
2	SA19	Погр. 8 (2020), плечевая кость, мужчина	16192T-16256T-16270T	U5a
3	SA20	Погр. 12 (2020), скелет 1, женщина (?), бедренная кость	16223T-16242T-16278T-16290T-16319A	A8
4	SA21	Погр. 12 (2020), скелет 2, мужчина, бедренная кость	Нет данных	–

Пробоподготовка и получение образцов ДНК. Процедуры предварительной деконтаминации материала и получения костного порошка, используемого для экстракции суммарной ДНК, выполняли в условиях чистой зоны, предотвращающих возможное загрязнение материала современной ДНК в процессе отбора образцов.

Предварительная подготовка материала включала механическую очистку от загрязнений, деконтаминацию от современной ДНК путем обработки поверхности костей раствором гипохлорита натрия, облучение обработанных поверхностей ультрафиолетом. После удаления поверхностного слоя кости (на 1–2 мм) выполняли высверливание костного порошка.

Костный порошок инкубировали в 5М гуанидинизотиоционатном буфере при температуре 65 °С с последующей фенол-хлороформной экстракцией. ДНК из раствора осаждали изопропанолом. Процедуру экстракции ДНК повторяли для каждого образца не менее двух раз.

Анализ структуры митохондриальной ДНК. Структуру мтДНК оценивали по последовательности первого гипервариабельного участка контрольного района (ГВС I мтДНК). Амплификацию ГВС I мтДНК проводили двумя разными методами: четырех коротких перекрывающихся фрагментов посредством однораундовой ПЦР (Haak et al., 2005) и одного протяженного фрагмента с помощью вложенной двухраундовой ПЦР (Пилипенко и др., 2008).

Последовательности нуклеотидов определяли с использованием наборов реактивов ABI Prism BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystems, USA) версий v.1.1 и v.3.1 в соответствии с рекомендациями производителя реактив-

ных наборов. Анализ результатов секвенирующей реакции проводили и анализировали в центре коллективного пользования «Геномика» СО РАН¹ с помощью секвенатора ABI Prism 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). Филогенетический анализ исследованных вариантов мтДНК выполняли в соответствии с актуальной классификацией кластеров мтДНК² (van Oven, Kayser, 2009). Филогеографический анализ результатов проводили с использованием собственной базы данных по вариабельности мтДНК в популяциях Евразии, сформированной в ИЦИГ СО РАН из литературных данных и неопубликованных данных ИЦИГ СО РАН о разнообразии мтДНК в древних популяциях различных районов Сибири.

Определение половой принадлежности останков с помощью анализа полиморфизма участка гена амелогенина (параллельно с определением аллельного профиля 15 аутосомных STR-локусов) проводили с использованием коммерческого набора реактивов AmpFlSTR® Identifier® Plus PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) согласно инструкции производителя.

Анализ структуры Y-хромосомы проводили только для образцов от индивидов с подтвержденным мужским полом (по полиморфизму гена амелогенина) и достаточным уровнем сохранности ядерной ДНК (по результатам определения аллельного профиля 15 аутосомных STR-локусов). Процедуре подтверждения мужского пола и оценки сохранности ядерной ДНК подвергали образцы с успешно исследованной структурой мтДНК из суммарной староалейской серии, включенных в наше исследование в 2020–2021 гг. Структуру Y-хромосомы определяли по аллельному профилю 17 STR-локусов с помощью коммерческого набора реактивов AmpFlSTR® Y-filer® PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) согласно инструкции производителя. Филогенетическую принадлежность исследованных STR-гаплотипов Y-хромосомы устанавливали с использованием программ-предикторов Haplogroup predictor³ и Vadim Yurasin's YPredictor 1.5.0⁴, находящихся в свободном доступе.

Меры против контаминации и верификация результатов. Палеогенетические работы выполнены на базе специализированной инфраструктуры Межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦИГ СО РАН (Новосибирск, Россия). Меры против контаминации и процедуры верификации результатов описаны в наших предыдущих работах (Pilipenko et al., 2018a, б).

Результаты и обсуждение

Генофонд митохондриальной ДНК. Для проведения дополнительных исследований разнообразия мтДНК мы использовали образцы из палеоантропологической коллекции от носителей староалейской культуры, полученной при раскопках грунтового могильника Фирсово-XIV в полевом сезоне 2020 г. (SA18-21 в табл. 1). Важно, что мы смогли оперативно ввести в научный оборот материалы из новых раскопок: с момента проведения полевых работ до получения данных палеогенетики прошло менее года. Ранее для палеоантропологических материалов андроновской (федоровской) культу-

¹ <http://sequest.niboch.nsc.ru>

² www.phylotree.org

³ <http://www.hprg.com/hapest5/>

⁴ <http://predictor.ydna.ru>

ры из могильника Фирсово-XIV (Кирюшин и др., 2015; Журавлев и др., 2017), а затем и для староалейских комплексов этого памятника (Пилипенко и др., 2020) нами была продемонстрирована высокая степень сохранности ДНК в останках, достаточная как минимум для успешного анализа мтДНК. Вновь исследованные образцы подтвердили это наблюдение: нам удалось получить данные по структуре мтДНК для трех из четырех носителей староалейской культуры (обр. 1–3 в табл. 1). При этом результаты анализа структуры мтДНК из образца №4 (SA21) не были получены к настоящему времени из-за выявленной в процессе работы контаминации антропологического материала, использованного нами для работы, современной ДНК до его передачи в палеогенетическую лабораторию, а не по причине недостаточной сохранности ДНК в останках (эта проблема будет решена нами при работе с другими образцами от данного индивида, в частности, зубами).

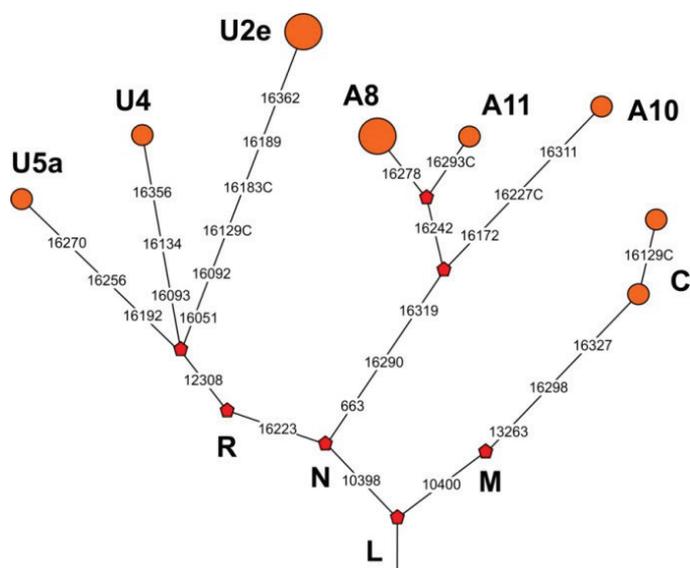


Рис. 2. Филогенетическое дерево вариантов митохондриальной ДНК носителей староалейской культуры из могильника Фирсово-XIV в Барнаульском Приобье
 Fig. 2. Phylogenetic tree of variants of mitochondrial DNA of carriers of the Old Alei culture from the Firsovo-XIV burial ground in the Barnaul Ob region

Для успешно исследованных нами новых образцов мтДНК из староалейской серии могильника Фирсово-XIV была определена структура гаплогрупп ГВС1 мтДНК и филогенетическое положение выявленных структурных вариантов (см. табл. 1). Они были добавлены к ранее исследованной нами серии (N=10). Таким образом суммарная численность серии мтДНК из староалейской серии могильника Фирсово-XIV достигла 13. Филогенетические взаимоотношения между ранее исследованными и новыми образцами мтДНК наглядно представлены на рисунке 2 в виде филогенетического дерева структурных вариантов.

Все новые образцы характеризовались различными гаплотипами ГВС1 мтДНК и относились к трем кластерам: западно-евразийской гаплогруппе U5a и восточно-евразийским A8 и C. Таким образом, новые результаты подтвердили наш вывод о смешанном составе генофонда мтДНК староалейского населения, что характерно для большинства синхронных групп населения юга Сибири (Молодин и др., 2003; Pilipenko et al., 2010; Gonzalez-Ruiz et al., 2012; Unterlander et al., 2017; Pilipenko et al., 2018a, b; Keyser et al., 2009). Также находит подтверждение наше предварительное утверждение о сопоставимом вкладе вариантов западно- и восточно-евразийского происхождения в генофонд популяции: после добавления новых образцов эти два компонента генофонда по-прежнему представлены почти в равных долях, хотя разнообразие вариантов восточно-евразийского кластера выше. Ранее мы отмечали (Пилипенко и др., 2020), что при относительно низкой численности исследованной ранее серии (N=10) с ее увеличением следует ожидать выявления новых компонентов генофонда мтДНК староалейской популяции не только на уровне конкретных структурных вариантов (гаплотипов), но и на уровне гаплогрупп, как минимум играющих минорную роль в генетическом составе. Однако все исследованные дополнительные образцы мтДНК относятся к гаплогруппам, ранее уже выявленным нами у староалейского населения, — A8, C, U5a. Более того, варианты гаплогрупп A8 и U5a представлены структурными вариантами, полностью идентичными уже представленным в нашей выборке. Новый структурный вариант гаплогруппы C представлен корневым гаплотипом ГВС1, который имеет крайне широкое распространение в восточной части Евразии. Таким образом, в суммарной серии образцов мтДНК староалейской культуры с определенным филогенетическим положением (N=13) выявлено девять структурных вариантов.

Рассмотрим расширенную серию мтДНК староалейской культуры с точки зрения филогеографии входящих в нее вариантов. Состав гаплогрупп при увеличении численности серии не изменился. Западно-евразийский кластер, представленный лишь тремя подгруппами гаплогруппы U (U2e, U4, U5a), сближает староалейцев с более древними популяциями лесостепной зоны Сибири, например барабинской лесостепи, где такая структура западно-евразийского генофонда существует как минимум с эпохи неолита — раннего металла (Молодин и др., 2013; Molodin et al., 2012). Эти древние популяции ассоциируются исследователями с протоугорскими компонентами. Еще более ярким свидетельством данного направления генетических связей (корней) староалейской популяции является обнаруженный в составе серии вариант гаплогруппы A10 (Pilipenko et al., 2015; Пилипенко и др., 2020). Также длительное время на юге Сибири присутствуют и варианты гаплогруппы C. Обоснование возможной связи присутствия в староалейской популяции варианта гаплогруппы C с трансверсией G16129C с влиянием предшествующих групп юга Сибири, включая популяции Верхнего Приобья, уходящие корнями в эпоху бронзы, приведено нами в предыдущей работе (Пилипенко и др., 2020). Состав перечисленных выше ключевых кластеров в генофонде мтДНК сближает староалейскую популяцию и с рядом современных угорских и самодийских народов (Bermisheva et al., 2002; Derbeneva et al., 2002). Таким образом, на данном этапе исследования остается актуальным наш предварительный вывод об участии предшествующего автохтонного населения южных районов Сибири (включая лесостепную

зону) в формировании генетического состава носителей староалейской культуры. Эти результаты хорошо согласуются с данными археологии (Фролов, 2007, 2019).

Обнаружение еще одного (уже третьего в небольшой серии!) носителя гаплогруппы A8 подчеркивает значимость этого компонента генофонда. Для Верхнего Приобья этот компонент, наиболее вероятно, имеет пришлое происхождение. Присутствие и совокупное доминирование над другими вариантами гаплогруппы A (включая A10) кластеров A8 и A11 в генофонде староалейской культуры соотносится с восточным направлением связей староалейской культуры — с представителями так называемого скифо-сибирского мира (Pilipenko et al., 2018a). На наличие такого направления связей ранее указывали данные археологии (Фролов, 2007).

При этом на уровне генофонда мтДНК мы по-прежнему не обнаружили в генофонде мтДНК староалейской популяции из Фирсово-XIV никаких явных свидетельств генетического влияния скифо-сакских популяций с западного направления (включая, например, саков с территории современного Казахстана), которое также предполагалось по археологическим данным (Фролов, 2007).

Состав вариантов Y-хромосомы носителей староалейской культуры из могильника Фирсово-XIV. Уже на первом этапе исследования генофонда мтДНК староалейской популяции мы запланировали последующий анализ структуры мужского генофонда этой группы населения по маркерам Y-хромосомы, для чего для серии останков был генетически подтвержден мужской пол индивида (Пилипенко и др., 2020). Опираясь на наш опыт исследования андроновских материалов могильника (Жирюшин и др., 2015; Журавлев и др., 2017), мы предполагали, что значительная часть образцов, для которых будет молекулярно-генетическими методами подтвержден мужской пол, окажутся пригодными для анализа структуры Y-хромосомы. В процессе последующего анализа структуры Y-хромосомы мы вынуждены были констатировать, что староалейские материалы из могильника Фирсово-XIV характеризуются более низкой сохранностью ДНК Y-хромосомы по сравнению с андроновскими материалами. Возможно, это связано с такими особенностями погребальных комплексов староалейской культуры на данном могильнике, как существенно меньшая (по сравнению с андроновскими) глубина погребений, приводящая к более существенному влиянию неблагоприятных факторов, включая состав грунта, большее влияние факторов с поверхности почвы на сохранность ДНК в останках носителей культуры. Из восьми индивидов мужского пола, вошедших в нашу суммарную староалейскую серию, аллельный профиль STR-локусов в степени, достаточной для определения филогенетического положения Y-хромосомы, был определен лишь для трех индивидов (табл. 2). Из них лишь для одного индивида был определен полный (или почти полный) аллельный профиль 17 STR-локусов Y-хромосомы. Еще для двух индивидов был определен статус порядка половины аллельного профиля (работы по этим образцам будут продолжены на следующих этапах исследования, на данном этапе исследования эти данные не отражены в таблицах).

Хотя численность выборки в три образца не позволяет нам составить полное представление о мужском генофонде староалейского населения, полученные первые результаты представляют большой интерес. Необходимо учитывать, что для многих древних популяций Сибири данные по генофонду Y-хромосомы все еще полностью отсутству-

ют, а для уже исследованных, как правило, представлены совсем небольшими сериями или единичными образцами. С учетом общего острого недостатка данных о структуре генофонда Y-хромосомы одновременного древнего населения юга Сибири, в частности популяций раннего железного века, полученные первые данные о мужском генофонде староалейского населения имеют важное значение. Интересно, что все исследованные образцы относятся к одному и тому же филогенетическому кластеру Y-хромосомы — гаплогруппе Q (табл. 2). Два образца (SA1, SA7), для которых удалось определить статус большего числа STR-локусов, относятся к кластеру Q1a. При этом образцы SA1 и SA7 с очень схожей структурой аллельных профилей, что говорит в пользу их относительно близкого генетического происхождения по мужской линии. Таким образом, в отличие от генофонда мтДНК, первые данные по Y-хромосоме не позволяют нам на данном этапе исследования зафиксировать присутствие филогенетически и филогеографически контрастных компонентов в мужском генофонде.

Таблица 2

Филогенетическое положение вариантов Y-хромосомы и митохондриальной ДНК представителей мужского населения староалейской культуры из могильника Фирсово-XIV (Барнаульское Приобье), исследованных в данной работе

Tab. 2

Phylogenetic position of Y-chromosome variants and mitochondrial DNA of representatives of the male population of the Old Alei culture from the Firsovo-XIV burial ground (Barnaul Ob region), studied in this work

Код индивида	Описание образца	Гаплогруппа Y-хромосомы	Гаплогруппа мтДНК (Пилипенко и др., 2020)
SA1	Погр. 333, бедренная кость	Q1a	A8
SA4	Погр. 10 (2010), большая берцовая кость	Q-M242	C
SA7	Погр. 28 (2011), большая берцовая кость	Q1a16192T-16256T-16270T	U2e

Гаплогруппа Q в целом относится к восточно-евразийскому кластеру вариантов Y-хромосомы. Считается, что кластер Q1a имеет автохтонное происхождение в Центральной Азии и Южной Сибири. Присутствие этого компонента, который, по-видимому, играл существенную роль в мужском генофонде староалейской популяции, коррелирует с выделенными нами двумя группами вариантов мтДНК в староалейском генофонде, связанными с автохтонными группами населения лесостепного Алтая и прилегающих с севера лесостепных регионов (включая Барабинскую лесостепь), или с территории Алтае-Саянской горной системы (включая Минусинскую котловину). Филогеографический анализ данных об аллельных профилях STR-локусов древнего населения в настоящее время осложнен двумя факторами: 1) отсутствием или крайне незначительным объемом данных об аллельных профилях STR-локусов Y-хромосомы представителей древнего населения; 2) необходимостью иметь данные о полном профиле STR-локусов (17) Y-хромосомы для полноценного использования имеющихся в доступе филогеографических инструментов на основе баз данных о вари-

абельности Y-хромосомы в современных популяциях планеты. Используя полученный нами полный профиль 17 STR-локусов, нам не удалось пока обнаружить идентичных вариантов в современных популяциях Евразии. При первичном сравнительном анализе с древними популяциями обращает на себя внимание относительное сходство аллельного профиля STR-локусов представителей староалейской популяции и популяций ряда культур эпохи бронзы, включая как популяции ранней бронзы Барабинской лесостепи, так и население окуневской культуры Минусинской котловины (Hollard et al., 2018; наши неопубликованные данные). Косвенным свидетельством в пользу саяно-алтайских групп является тот факт, что у индивида SA1 с определенным полным профилем 17 STR-локусов вариант Q1a Y-хромосомы присутствует на фоне мтДНК, относящейся к A8 гаплогруппе, которую мы склонны связывать именно с влиянием южносибирских групп из Алтае-Саянского региона. В то же время его структура очень сильно отличается от Q1a варианта Y-хромосомы, выявленного нами ранее в останках из памятника эпохи развитой бронзы Бертек-56 в Горном Алтае (плато Укок) (Пилипенко и др., 2016). Тем не менее тот факт, что обнаруженные у представителей староалейского населения варианты Y-хромосомы могут быть связаны с населением южных районов Сибири (следует учесть, что этот вывод носит пока лишь предварительный характер), свидетельствует о корреляции данных двух независимых маркеров (мтДНК и Y-хромосомы) о важной роли предшествующих автохтонных (для раннего железного века) южносибирских популяций в формировании генетического состава носителей староалейской культуры Барнаульско-Приобья. В то же время и в составе мужского генофонда (как и в генофонде мтДНК) мы на данном этапе не фиксируем признаков влияния с юго-запада (со стороны сакского населения современного Казахстана), которое было ожидаемо по данным археологии. Следует также учитывать, что по современным представлениям гаплогруппа Q1a Y-хромосомы не является филогенетически и филогеографически однородной: в ее составе выделяются несколько субкластеров, по-разному распределенных в восточной части Евразии. Однако для углубленного филогенетического и филогеографического анализа потребуется уточнение структуры вариантов Y-хромосомы из староалейской популяции.

Важно также подчеркнуть некоторое своеобразие мужского генофонда староалейской популяции на фоне ряда других групп южных районов Сибири скифского времени РЖВ, включающее обнаруженную нами значительную роль в мужском генофонде гаплогруппы Q (Q1a) и отсутствие разнообразия вариантов (с поправкой на малое число исследованных на данный момент образцов Y-хромосомы). При этом такие популяции, как носители пазырыкской культуры Горного Алтая и население саргатской культуры Барабинской лесостепи, характеризуются выраженным разнообразием кластеров в генофонде Y-хромосомы при низкой роли гаплогруппы Q (Q1a) (Пилипенко и др., 2017а, б; неопубликованные данные ИЦиГ СО РАН). С другой стороны, от староалейской группы резко отличаются и такие популяции РЖВ южной Сибири, как тагарская культура Минусинской котловины, в которой на фоне высокого единообразия мужского генофонда резко доминируют варианты гаплогруппы R1a (Пилипенко и др., 2017б).

Заключение

Новый этап исследования генетического состава носителей староалейской культуры, включающий анализ новых образцов мтДНК и получение первых данных о структуре вариантов Y-хромосомы у представителей мужской части исследуемой популяции, из материалов одного могильника — Фирсово-XIV, а также проведенный углубленный анализ полученных данных позволили подтвердить ряд высказанных нами ранее предварительных выводов, а также существенно дополнить наши представления о генетическом составе староалейского населения Барнаульского Приобья. Важно отметить, что нам удалось обеспечить быстрое введение новых палеоантропологических материалов из староалейских комплексов могильника Фирсово-XIV, исследованных в полевом сезоне 2020 г., в полноценный научный оборот. Дополнительный анализ расширенной серии образцов мтДНК подтвердил наш предварительный вывод о важной роли предшествующего автохтонного (для РЖВ) населения южных районов Сибири в формировании генетического состава староалейской популяции. В то же время находит подтверждение в структуре генофонда мтДНК и восточное направление связей староалейской культуры, со скифо-сибирскими группами юго-восточных районов Южной Сибири. Данные по мтДНК по-прежнему в наибольшей степени согласуются с механизмом формирования генофонда староалейской популяции в результате взаимодействия автохтонных и пришлых (с юго-востока) генетических компонентов. Первые данные по Y-хромосоме, включающие характеристики трех образцов, относящихся к восточно-евразийской гаплогруппе Q (два из них — к Q1a), позволили получить первое представление о мужском генофонде, хотя оно пока остается весьма фрагментарным и требует дальнейшего изучения. Тем не менее на данном этапе мы не смогли зафиксировать филогенетически контрастных вариантов в мужском генофонде, как это было изначально в случае генофонда мтДНК. Обнаруженные у староалейского населения варианты Q1a-гаплогруппы, наиболее вероятно, имеют южносибирское происхождение, что в целом коррелирует с данными по мтДНК. Определить, являются ли они автохтонными для Верхнего Приобья или происходят из более северных или восточных зон лесостепной зоны юга Сибири, на данном этапе не представляется возможным. Это потребует проведения углубленного анализа структуры выявленных вариантов, который уже осуществляется авторами данной работы. Однако уже сейчас можно констатировать, что первые данные по Y-хромосоме, как и данные по мтДНК, не позволили зафиксировать выраженных признаков генетического влияния популяций из более юго-западных регионов, таких как группы скифо-сакского населения с территории современного Казахстана. С другой стороны, первичное сравнение полученных данных по Y-хромосоме с имеющимися в литературе и собственными неопубликованными данными позволило предположить наличие некоторого своеобразия староалейского мужского генофонда на фоне других популяций раннего железного века из южных районов Сибири. Полученные выводы носят пока предварительный характер. Дальнейший прогресс в понимании генетической истории староалейского населения будет зависеть от получения более численно репрезентативных данных по Y-хромосоме, дополнительных данных по мтДНК, в том числе с привлечением образцов из других могильников староалейской культуры, а также углубленным анализом уже полученных данных.

Таблица 3

Результаты анализа профиля STR-локусов Y-хромосомы представителя староалеийского населения из погребения №333 могильника Фирсово-XIV (SA1)

Tab. 3

Results of analysis of the Y-chromosome STR-loci profile of a representative of the Old Alei population from burial No. 333 of the Firsovo-XIV burial ground (SA1)

STR-маркер	Аллель
DYS456	14
DYS389I	13
DYS390	23
DYS389II	31
DYS458	16
DYS19	14
DYS385a/b	16/16*
DYS393	13
DYS391	10
DYS439	13
DYS635	22
DYS392	14
Y GATA H4	11
DYS437	13
DYS438	11
DYS448	19

*Результат по DYS385a/b является предварительным, так как не исключена недоамплификация более длинного аллельного варианта.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

Журавлев А. А., Пилипенко А. С., Молодин В. И., Папин Д. В., Поздняков Д. В., Трапезов Р. О. Генофонд мтДНК и Y-хромосомы андроновского (федоровского) и постандроновского населения Южной Сибири // Труды V (XXI) Всероссийского археологического съезда в Барнауле — Белокурихе : в 3 т. Т. III. Барнаул : Изд-во Алт. ун-та, 2017. С. 37–39.

Кирюшин Ю. Ф., Папин Д. В., Тур С. С., Пилипенко А. С., Федорук А. С., Федорук О. А., Фролов Я. В. Погребальный обряд древнего населения Барнаульского Приобья: материалы из раскопок 2010–2011 гг. грунтового могильника Фирсово-XIV. Барнаул : Изд-во Алт. ун-та, 2015. 208 с.

Могильников В. А. Население Верхнего Приобья в середине — второй половине I тысячелетия до н.э. М. : б.и., 1997. 196 с.

Молодин В. И., Воевода М. И., Чикишева Т. А., Ромащенко А. Г., Полосьмак Н. В., Шульгина Е. О., Нефедова М. В., Куликов И. В., Дамба Л. Д., Губина М. А., Кобзев В. Ф. Население

Горного Алтая в эпоху раннего железного века как этнокультурный феномен: происхождение, генезис, исторические судьбы (по данным археологии, антропологии, генетики). Интеграционные проекты СО РАН. Новосибирск : Изд-во СО РАН, 2003. Вып. 1. 286 с.

Молодин В. И., Пилипенко А. С., Чикишева Т. А., Ромащенко А. Г., Журавлев А. А., Поздняков Д. В., Трапезов Р. О. Мультидисциплинарные исследования населения Барабинской лесостепи V — I тыс. до н.э.: археологический, палеогенетический и антропологический аспекты. Новосибирск : Изд-во СО РАН, 2013. 220 с.

Папин Д. В. Большереченская культура // История Алтая: в 3-х т. Т. 1: Древнейшая эпоха, древность и средневековье. Барнаул : Изд-во Алт. ун-та ; Белгород : Константа, 2019. С. 210–219.

Пилипенко А. С., Ромащенко А. Г., Молодин В. И., Куликов И. В., Кобзев В. Ф., Поздняков Д. В., Новикова О. И. Особенности захоронения младенцев в жилищах городища Чича-I Барабинской лесостепи по данным анализа структуры ДНК // Археология, этнография и антропология Евразии. 2008. №2. С. 57–67.

Пилипенко А. С., Молодин В. И., Трапезов Р. О., Черданцев С. В., Журавлев А. А. Молекулярно-генетический анализ останков людей из погребального комплекса эпохи бронзы Бертек-56 (II тысячелетие до н.э., Республика Алтай, Россия) // Археология, этнография и антропология Евразии. 2016. №4 (44). С. 141–149. <https://doi.org/10.17746/1563-0110.2016.44.4.141-149>

Пилипенко А. С., Черданцев С. В., Трапезов Р. О., Молодин В. И., Кобелева Л. С., Поздняков Д. В., Полосьмак Н. В. Палеогенетическое исследование родства погребенных из курганов саргатской культуры в Барабинской лесостепи (Западная Сибирь) // Археология, этнография и антропология Евразии. 2017а. №4 (45). С. 132–142. <https://doi.org/10.17746/1563-0110.2017.45.4.132-142>

Пилипенко А. С., Черданцев С. В., Полосьмак Н. В., Молодин В. И., Трапезов Р. О., Балабанова М. А., Журавлев А. А., Поздняков Д. В. К реконструкции генетической истории носителей культур Южной Сибири и сопредельных регионов Евразии (скифское и гунно-сарматское время) // Труды V (XXI) Всероссийского археологического съезда в Барнауле — Белокурихе: в 3 т. Т. III. Барнаул : Изд-во Алт. ун-та, 2017б. С. 59–61.

Пилипенко А. С., Трапезов Р. О., Черданцев С. В., Тур С. С., Федорук А. С., Фролов Я. В., Папин Д. В. Исследование генетического состава носителей староалейской культуры: постановка проблемы и первые результаты анализа варибельности мтДНК // Теория и практика археологических исследований. 2020. Т. 32. С. 111–134. DOI: 10.14258/tpai(2020)4(32).-08

Троицкая Т. Н., Назарова О. Е. Некоторые аспекты происхождения большереченской культурной общности // Пространство культуры в археологическо-этнографическом изменении. Западная Сибирь и сопредельные территории. Томск : Изд-во ТГУ, 2001. С. 303–305.

Фролов Я. В. К вопросу о формировании староалейской культуры (по данным погребальной обрядности) // Теория и практика археологических исследований. Барнаул : Изд-во Алт. ун-та, 2007. Вып. 3. С. 16–31.

Фролов Я. В. Староалейская культура // История Алтая: в 3 т. Т. 1: Древнейшая эпоха, древность и средневековье. Барнаул : Изд-во Алт. ун-та ; Белгород : Константа, 2019. С. 220–233.

Bermisheva M., Tambets K., Villems R., Khusnutdinova E. Diversity of mitochondrial DNA haplotypes in ethnic populations of the Volga-Ural region of Russia. *Mol Biol.* 2002;36:802–812.

Derbeneva O. A., Starikovskaya E. B., Wallace D. C., Sukernik R. I. Traces of early Eurasians in the Mansi of northwest revealed by mitochondrial DNA analysis. *Am. J. Hum. Genet.* 2002. V. 70. P. 1009–1014.

Gonzalez-Ruiz M., Santos C., Jordana X., Simon M., Lalueza-Fox C., Gigli E., et al. Tracing the origin of the east-west population admixture in the Altai region (Central Asia). *PLoS ONE.* 2012;7:e48904.

Haak W., Forster P., Bramanti B., Matsumura S., Brandt G., Tanzer M., Villems R., Renfrew C., Gronenborn D., Werner A.K., Burger J. Ancient DNA from the first European farmers in 7500-Year-Old Neolithic sites // *Science.* 2005. Vol. 305. P. 1016–1018.

Hollard C., Zvenigorosky V., Kovalev A., Kiryushin Y., Tishkin A., Lazaretov I., Crubezy E., Ludes B., Keyser C. New genetic evidence of affinities and discontinuities between bronze age Siberian populations. *American Journal of Physical Anthropology.* 2018. V. 167. P. 97–107. doi:10.1002/ajpa.23607

Molodin V.I., Pilipenko A. S., Romaschenko A. G., Zhuravlev A. A., Trapezov R. O., Chikisheva T. A., Pozdnyakov D. V. Human migrations in the southern region of the West Siberian Plain during the Bronze Age: Archaeological, palaeogenetic and anthropological data / *Population Dynamics in Pre- and Early History: New Approaches Using Stable Isotopes and Genetics.* Berlin; Boston : De Gruyter, 2012. P. 95–113.

Keyser C., Bouakaze C., Crubezy E., Nikolaev V.G., Montagnon D., Reis T., Ludes B. Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. *Human Genetics.* 2009. Vol. 126. Pp. 395–410. doi: 10.1007/s00439-009-0683-0.

Pilipenko A. S., Romaschenko A. G., Molodin V.I., Parzinger H., Kobzev V.F. Mitochondrial DNA studies of the Pazyryk people (4th to 3rd centuries BC) from northwestern Mongolia. *Archaeol. Anthropol. Sci.* 2010;2:231–236.

Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Zhuravlev A. A., Molodin V.I., Romaschenko A. G. MtDNA Haplogroup A10 Lineages in Bronze Age Samples Suggest That Ancient Autochthonous Human Groups Contributed to the Specificity of the Indigenous West Siberian Population // *PLoS ONE.* 2015. 10(5):e0127182.

Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Babenko V.N., Nesterova M. S., Pozdnyakov D. V., Molodin V.I., Polosmak N. V. Maternal genetic features of the Iron Age Tagar population from Southern Siberia (1st millennium BC). *PLoS ONE.* 2018a. Vol. 13(9): e0204062. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204062>.

Pilipenko A. S., Cherdantsev S. V., Trapezov R. O., Zhuravlev A. A., Babenko V.N., Pozdnyakov D. V., Konovalov P. B., Polosmak N. V. Mitochondrial DNA Diversity in a Transbaikalian Xiongnu Population. *Archaeological and Anthropological Sciences.* 2018b. Vol. 10, no. 7. Pp. 1557–1570. DOI: 10.1007/s12520-017-0481-x.

Unterlander M., Palstra F., Lazaridis I., Pilipenko A., Hofmanova Z., Groß M., Sell C., Blocher J., Kirsanow K., Rohland N., Rieger B., Kaiser E., Schier W., Pozdnyakov D., Khokhlov A., Georges M., Wilde S., Powell A., Heyer E., Currat M., Reich D., Samashev Z., Parzinger H., Molodin V., Burger J. Ancestry, demography, and descendants of Iron Age nomads of the

Eurasian Steppe. *Nature Communications*. 2017;14615. DOI: 10.1038/ncomms14615. URL: <https://www.nature.com/articles/ncomms14615>.

Van Oven M., Kayser M. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation*. 2009. Vol. 30(2). DOI: 10.1002/humu.20921. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18853457>.

REFERENCES

Zhuravlev A. A., Pilipenko A. S., Molodin V. I., Papin D. V., Pozdnyakov D. V., Trapezov R. O. The Gene Pool of mtDNA and Y-chromosome of the Andronovo (Fedorovo) and Post-Andronovo Population of Southern Siberia. In: *Proceedings of the Vth (XXI) All-Russian Archaeological Congress in Barnaul — Belokurikha: in 3 Volumes. Vol. III. Barnaul : Izd-vo Alt. un-ta, 2017. Pp. 37–39. (In Russ.)*

Kiryushin Yu. F., Papin D. V., Tur S. S., Pilipenko A. S., Fedoruk A. S., Fedoruk O. A., Frolov Ya. V. Funeral Rite of the Ancient Population of Barnaul Priobye: Materials from Excavations in 2010–2011 of the Firsovo-XIV Burial Ground. Barnaul : Izd-vo Alt. un-ta, 2015. 208 p. *(In Russ.)*

Mogil'nikov V. A. The Population of the Upper Ob Erea in the Middle — Second Half of the 1st Millennium BC. Moscow, 1997. 196 p. *(In Russ.)*

Molodin V. I., Voevoda M. I., Chikisheva T. A., Romashchenko A. G., Polos'mak N. V., Shul'gina E. O., Nefedova M. V., Kulikov I. V., Damba L. D., Gubina M. A., Kobzev V. F. The Population of Altai in the Early Iron Age as an Ethnocultural Phenomenon: Origin, Genesis, Historical Fate (according to archeology, anthropology, genetics). In: *Integracionie proekti SO RAN. Novosibirsk : Izd-vo SO RAN, 2003. №1. 286 p. (In Russ.)*

Molodin V. I., Pilipenko A. S., Chikisheva T. A., Romashchenko A. G., Zhuravlev A. A., Pozdnyakov D. V., Trapezov R. O. Multidisciplinary Studies of the Population of the Baraba Forest-steppe in the 5th — 1st Millennia BC: Archaeological, Paleogenetic and Anthropological Aspects. Novosibirsk : Izd-vo SO RAN, 2013. 220 p. *(In Russ.)*

Papin D. V. Bolsherechenskaya Culture. In: *History of Altai: in 3 Volumes. Vol. 1: The Most Ancient Era, Antiquity and the Middle Ages. Barnaul : Izd-vo Alt. un-ta ; Belgorod : Konstanta, 2019. Pp. 210–219. (In Russ.)*

Pilipenko A. S., Romashchenko A. G., Molodin V. I., Kulikov I. V., Kobzev V. F., Pozdnyakov D. V., Novikova O. I. Features of the Burial of Infants in the Dwellings of the Chicha I Settlement of the Baraba Forest-Steppe according to the Analysis of the DNA Structure. *Arheologiya, etnografiya i antropologiya Evrazii = Archaeology, Ethnology & Anthropology of Eurasia*. 2008;2:57–67. *(In Russ.)*

Pilipenko A. S., Molodin V. I., Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Zhuravlev A. A. A Genetic Analysis of Human Remains from the Bronze Age (2nd Millennium BC) Cemetery Bertek-56 in the Altai Mountains. *Arheologiya, etnografiya i antropologiya Evrazii = Archaeology, Ethnology & Anthropology of Eurasia*. 2016;44(4):141–149. <https://doi.org/10.17746/1563-0110.2016.44.4.141-149>

Pilipenko A. S., Cherdantsev S. V., Trapezov R. O., Molodin V. I., Kobeleva L. S., Pozdnyakov D. V., Polos'mak N. V. Kinship Analysis of Human Remains from the Sargat Mounds, Baraba Forest-Steppe, Western Siberia. *Arheologiya, etnografiya i antropologiya Evrazii*

= *Archaeology, Ethnology & Anthropology of Eurasia*. 2017a;45(4):132–142. <https://doi.org/10.17746/1563-0110.2017.45.4.132-142>

Pilipenko A. S., Cherdantsev S. V., Polosmak N. V., Molodin V. I., Trapezov R. O., Balabanova M. A., Zhuravlev A. A., Pozdnyakov D. V. On the Reconstruction of the Genetic History of the Bearers of the Cultures of Southern Siberia and Adjacent Regions of Eurasia (Scythian and Hunno-Sarmatian time). In: Proceedings of the Vth (XXI) All-Russian Archaeological Congress in Barnaul — Belokurikha: in 3 Vol. III. Volumes. Barnaul : Izd-vo Alt. un-ta, 2017b. Pp 59–61. (*In Russ.*)

Pilipenko A. S., Trapezov R. O., Cherdantsev S. V., Tur S. S., Fedoruk A. S., Frolov Ya. V., Papin D. V. Study of the Genetic Composition of the Old Aleic Cultural Carriers: Statement of the Problem and the First Results of the Analysis of mtDNA Variability. *Teoriya i praktika arheologicheskikh issledovanij = Theory and Practice of Archaeological Research*. 2020;32(4):109–122 (*In Russ.*) DOI: 10.14258/tpai(2020)4(32).-08

Troitskaya T. N., Nazarova O. E. Some Aspects of the Origin of the Bolsherechensk Cultural Community. Space of Culture in the Archaeological and Ethnographic Dimension. In: The Space of Culture in the Archaeological and Ethnographic Dimension. Western Siberia and Adjacent Territories. Tomsk : Izd-vo TGU, 2001. Pp. 303–305. (*In Russ.*)

Frolov Ya. V. To the Question of the Formation of the Old Aleic Culture (according to the data of funeral rituals). In: Theory and Practice of Archaeological Research. Is. 3. Barnaul : Izd-vo Alt. un-ta, 2007. Pp. 16–31 (*In Russ.*)

Frolov Ya. V. Old Aleic Culture. In: History of Altai: in 3 volumes. Vol. 1: The Most Ancient Era, Antiquity and the Middle Ages. Barnaul : Izd-vo Alt. un-ta ; Belgorod : Konstanta, 2019. Pp. 220–233. (*In Russ.*)

Bermisheva M., Tambets K., Villems R., Khusnutdinova E. Diversity of Mitochondrial DNA Haplotypes in Ethnic Populations of the Volga-Ural Region of Russia. *Molecular Biology*. 2002;36: 802–812.

Derbeneva O. A., Starikovskaya E. B., Wallace D. C., Sukernik R. I. Traces of Early Eurasians in the Mansi of Northwest Revealed by Mitochondrial DNA Analysis. *The American Journal of Human Genetics*. 2002;70:1009–1014.

Gonzalez-Ruiz M., Santos C., Jordana X., Simon M., Lalueza-Fox C., Gigli E., et al. Tracing the Origin of the East-West Population Admixture in the Altai Region (Central Asia). *PLoS ONE*. 2012;7:e48904.

Haak W., Forster P., Bramanti B., Matsumura S., Brandt G., Tanzer M., Villems R., Renfrew C., Gronenborn D., Werner A. K., Burger J. Ancient DNA from the First European Farmers in 7500-Year-Old Neolithic Sites. *Science*. 2005;305:1016–1018.

Hollard C., Zvenigorosky V., Kovalev A., Kiryushin Y., Tishkin A., Lazaretov I., Crubezy E., Ludes B., Keyser C. New Genetic Evidence of Affinities and Discontinuities between Bronze Age Siberian Populations. *American Journal of Physical Anthropology*. 2018;167:97–107. doi:10.1002/ajpa.23607.

Molodin V. I., Pilipenko A. S., Romaschenko A. G., Zhuravlev A. A., Trapezov R. O., Chikisheva T. A., Pozdnyakov D. V. Human Migrations in the Southern Region of the West Siberian Plain during the Bronze Age: Archaeological, Palaeogenetic and Anthropological Data / Population Dynamics in Pre- and Early History: New Approaches Using Stable Isotopes and Genetics, Berlin; Boston : De Gruyter, 2012. P. 95–113.

Keyser C., Bouakaze C., Crubezy E., Nikolaev V.G., Montagnon D., Reis T., Ludes B. Ancient DNA Provides New Insights into the History of South Siberian Kurgan People. *Human Genetics*. 2009;126:395–410. doi: 10.1007/s00439-009-0683-0.

Pilipenko A.S., Romaschenko A.G., Molodin V.I., Parzinger H., Kobzev V.F. Mitochondrial DNA Studies of the Pazyryk people (4th to 3rd centuries BC) from Northwestern Mongolia. *Archaeology Anthropology Science*. 2010;2:231–236.

Pilipenko A.S., Trapezov R.O., Zhuravlev A.A., Molodin V.I., Romaschenko A.G. MtDNA Haplogroup A10 Lineages in Bronze Age Samples Suggest That Ancient Autochthonous Human Groups Contributed to the Specificity of the Indigenous West Siberian Population. *PLoS ONE*. 2015;10(5):e0127182.

Pilipenko A.S., Trapezov R.O., Cherdantsev S.V., Babenko V.N., Nesterova M.S., Pozdnyakov D.V., Molodin V.I., Polosmak N.V. Maternal Genetic Features of the Iron Age Tagar Population from Southern Siberia (1st millennium BC). *PLoS ONE*. 2018a;13(9):e0204062. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204062>.

Pilipenko A.S., Cherdantsev S.V., Trapezov R.O., Zhuravlev A.A., Babenko V.N., Pozdnyakov D.V., Konovalov P.B., Polosmak N.V. Mitochondrial DNA Diversity in a Transbaikalian Xiongnu Population. *Archaeological and Anthropological Sciences*. 2018b;10(7):1557–1570. DOI: 10.1007/s12520-017-0481-x.

Unterlander M., Palstra F., Lazaridis I., Pilipenko A., Hofmanova Z., Groß M., Sell C., Blocher J., Kirsanow K., Rohland N., Rieger B., Kaiser E., Schier W., Pozdnyakov D., Khokhlov A., Georges M., Wilde S., Powell A., Heyer E., Currat M., Reich D., Samashev Z., Parzinger H., Molodin V., Burger J. Ancestry, Demography, and Descendants of Iron Age Nomads of the Eurasian Steppe. *Nature Communications*. 2017;14615. DOI: 10.1038/ncomms14615. URL: <https://www.nature.com/articles/ncomms14615>.

Van Oven M., Kayser M. Updated Comprehensive Phylogenetic Tree of Global Human Mitochondrial DNA Variation. *Human Mutation*. 2009;30(2). DOI: 10.1002/humu.20921. URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18853457>.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ / INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Черданцев Степан Викторович, младший научный сотрудник Межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск, Россия.

Stepan V. Cherdantsev, Junior Researcher of Inter-Institute Laboratory of Molecular Paleogenetics and Paleogenomics, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia.

Траpezов Ростислав Олегович, кандидат биологических наук, научный сотрудник Межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск, Россия.

Rostislav O. Trapezov, Candidate of Biological Science, Researcher of Inter-Institute Laboratory of Molecular Paleogenetics and Paleogenomics, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia.

Томили́н Матвей Алексе́евич, младший научный сотрудник Межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск, Россия.

Matvey A. Tomilin, Junior Researcher of Inter-Institute Laboratory of Molecular Paleogenetics and Paleogenomics, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia.

Пилипенко Ирина Викторовна, младший научный сотрудник Межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск, Россия.

Irina V. Pilipenko, Junior Researcher of Inter-Institute Laboratory of Molecular Paleogenetics and Paleogenomics, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia.

Папин Дмитрий Валентинович, кандидат исторических наук, заведующий Барнаульской лабораторией археологии и этнографии Южной Сибири Института археологии и этнографии СО РАН, г. Новосибирск, Россия; доцент Алтайского государственного университета, г. Барнаул, Россия.

Dmitry V. Papin, Candidate of Historical Sciences, Head of Barnaul Laboratory of Archaeology and Ethnography of Southern Siberia, Institute of Archaeology and Ethnography, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia; docent of the Altai State University, Barnaul, Russia.

Федорук Александр Сергеевич, кандидат исторических наук, научный сотрудник Барнаульской лаборатории археологии и этнографии Южной Сибири Института археологии и этнографии СО РАН, г. Новосибирск, Россия; научный сотрудник Алтайского государственного университета, г. Барнаул, Россия.

Alexander S. Fedoruk, Candidate of Historical Sciences, researcher of Barnaul Laboratory of Archaeology and Ethnography of Southern Siberia, Institute of Archaeology and Ethnography, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia; researcher of Altai State University, Barnaul, Russia.

Фролов Ярослав Владимирович, кандидат исторических наук, директор Музея археологии и этнографии Алтая Алтайского государственного университета, г. Барнаул, Россия.

Yaroslav V. Frolov, Candidate of Historical Sciences, Director of the Museum of Archaeology and Ethnography of Altai, of Altai State University, Barnaul, Russia.

Тур Светлана Семеновна, кандидат исторических наук, заведующая кабинетом антропологии, Музей археологии и этнографии Алтая Алтайского государственного университета, г. Барнаул, Россия.

Svetlana S. Tur, Candidate of Historical Sciences, Head of the Anthropology Department, Museum of Archaeology and Ethnography of Altai, , of Altai State University, Barnaul, Russia.

Пилипенко Александр Сергеевич, кандидат биологических наук, заведующий Межинститутской лабораторией молекулярной палеогенетики и палеогеномики ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск, Россия.

Alexander S. Pilipenko, Candidate of Biological Science, Head of Inter-Institute Laboratory of Molecular Paleogenetics and Paleogenomics, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia.

*Статья поступила в редакцию 06.12.2021;
одобрена после рецензирования 28.02.2022; принята к публикации 04.03.2022.*

*The article was submitted 06.12.2021;
approved after reviewing 28.02.2022; accepted for publication 04.03.2022.*