Вавиловский журнал генетики и селекции
Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2026;30(7):1098-1107

doi 10.18699/vjgb-26-111

Генофонд северных алтайцев по данным аутосомных SNP и Y-хромосомы

В.Н. Харьков [1], Н.А. Колесников [1], А.А. Зарубин [1], И.Ю. Хитринская [1], Л.В. Валихова [1], Ф.А. Лузина [2], В.М. Лемская [3], А.В. Дыбо [4], В.А. Степанов [1]

[1] Научно-исследовательский институт медицинской генетики Томского национального исследовательского медицинского центра Российской академии наук, Томск, Россия
[2] Научно-исследовательский институт комплексных проблем гигиены и профессиональных заболеваний, Новокузнецк, Россия
[3] Томский государственный педагогический университет, Томск, Россия
[4] Институт языкознания Российской академии наук, Москва, Россия
vladimir.kharkov@medgenetics.ru

Аннотация. Северные алтайцы – небольшие по численности, близкородственные, компактно проживающие коренные народы Алтая, включают тубаларов, челканцев и кумандинцев. По сравнению с южными алтайцами у них менее выражены монголоидные антропологические признаки и более ярко – европеоидные и уралоидные черты. Северные и южные алтайцы говорят на разных тюркских языках. Охарактеризован генофонд северных алтайцев по полногеномной панели аутосомных однонуклеотидных полиморфных маркеров и гаплогруппам Y-хромосомы. Биоинформатическая обработка частот аутосомных SNP, гаплогрупп Y-хромосомы и YSTR-гаплотипов показывает, что генофонды северных алтайцев близки друг другу, а также к хакасам-сагайцам, шорцам, алтай-кижи и телеутам. Тубалары и челканцы демонстрируют наибольшее сходство генофондов по сравнению с кумандинцами. У северных алтайцев присутствует специфичный для них компонент генофонда, который с меньшей частотой присутствует у южных алтайцев, телеутов и тувинцев. По IBD-блокам максимальное значение показано между образцами челканцев, что соответствует частоте Y-хромосомной гаплогруппы Q1b1a1a1g с недавним общим предком по мужской линии для всех принадлежащих к ней мужчин поселка Курмач-Байгол. Высказано предположение, что эта гаплогруппа у челканцев и тубаларов является наследием древнего населения, относящегося к енисейской языковой семье. По частотам гаплогрупп и YSTR-гаплотипам тубалары, челканцы и кумандинцы значительно отличаются друг от друга. Различные линии гаплогруппы Y-хромосомы, принадлежащие к R1a1a1b у северных алтайцев, подтверждают их генетическую близость с шорцами, хакасами и телеутами. У тубаларов с небольшой частотой имеются три гаплогруппы – C2a1a3a1c, C2b1a1a1a1, N1a1a1a1a, вероятно, унаследованные ими от ойратов. Присутствие в генофондах челканцев и тубаларов генетического компонента аборигенного самодийского населения подтверждается наличием гаплогруппы N1a2b1b1, которая есть у других южносибирских тюрков, обских угров и самодийских этносов. Полученные результаты свидетельствуют о смешении различных предковых групп, которые населяли эти территории в разные временные периоды, что согласуется с данными антропологии и этнологии.

Ключевые слова: генофонд; популяции человека; генетическое разнообразие; генетические компоненты; Y-хромосома, алтайцы

Для цитирования: Харьков В.Н., Колесников Н.А., Зарубин А.А., Хитринская И.Ю., Валихова Л.В., Лузина Ф.А., Лемская В.М., Дыбо А.В., Степанов В.А. Генофонд северных алтайцев по данным аутосомных SNP и Y-хромосомы. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2026;30(7):1098-1107. doi 10.18699/vjgb-26-111

Финансирование. Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-64-00060-П, https://rscf.ru/project/22-64-00060-П/.

The gene pool of the Northern Altaians according to autosomal SNP and Y-chromosome data

V.N. Kharkov [1], N.A. Kolesnikov [1], A.A. Zarubin [1], I.Yu. Khitrinskaya [1], L.V. Valikhova [1], F.A. Luzina [2], V.M. Lemskaya [3], A.V. Dybo [4], V.A. Stepanov [1]

[1] Research Institute of Medical Genetics, Tomsk National Research Medical Center of the Russian Academy of Sciences, Tomsk, Russia
[2] Research Institute for Complex Problems of Hygiene and Occupational Diseases, Novokuznetsk, Russia
[3] Tomsk State Pedagogical University, Tomsk, Russia
[4] Institute of Linguistics of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
vladimir.kharkov@medgenetics.ru

Abstract. The Northern Altaians are a small, closely related, compactly living indigenous people of Altai, which include the Tubalars, Chelkans, and Kumandins. Compared to the Southern Altaians, they have less pronounced Mongoloid anthropological features and more pronounced Caucasoid and Uraloid traits. The Northern and Southern Altaians speak different Turkic languages. The gene pool of the Northern Altaians has been characterized using a full-genome panel of

© Харьков В.Н., Колесников Н.А., Зарубин А.А., Хитринская И.Ю., Валихова Л.В., Лузина Ф.А., Лемская В.М., Дыбо А.В., Степанов В.А., 2026
Контент доступен под лицензией Creative Commons Attribution 4.0

autosomal single-nucleotide polymorphisms and Y-chromosome haplogroups. Bioinformatical processing of the frequencies of autosomal SNPs, Y-chromosome haplogroups, and YSTR haplotypes shows that the gene pools of the Northern Altaians are close to each other, as well as to the Khakass Sagays, Shors, Altai-Kizhi, and Teleuts. However, Tubalars and Chelkans demonstrate the greatest similarity of gene pools compared to Kumandins. The Northern Altaians have a gene pool component specific to them, which is present with a lower frequency in the Southern Altaians, Teleuts, or Tuvans. According to the IBD blocks, the maximum value is shown among the Chelkan samples, which corresponds to the frequency of the Y-chromosomal haplogroup Q1b1a1a1g with a recent common ancestor in the male line for all men belonging to it in the village of Kurmach-Baigol. It is assumed that this haplogroup in the Chelkans and Tubalars is a legacy of the ancient population related to the Yeniseian language family. According to the frequencies of haplogroups and YSTR haplotypes, the Tubalars, Chelkans, and Kumandins differ significantly from each other. Various lines of the Y-chromosome haplogroup belonging to R1a1a1b in the northern Altaians confirm their genetic affinity with the Shors, Khakass and Teleuts. The Tubalars have three haplogroups with a low frequency – C2a1a3a1c, C2b1a1a1a1, N1a1a1a1a, presumably inherited from the Oirats. The presence of a genetic component of the aboriginal Samoyed population in the gene pools of the Chelkans and Tubalars is confirmed by the presence of haplogroup N1a2b1b1, which is present in other South Siberian Turks, Ob Ugrians, and Samoyed ethnic groups. The results obtained point to the mixing of various ancestral groups that inhabited these territories in different time periods, which is consistent with anthropological and ethnological data.

Key words: gene pool; population; genetic diversity; genetic components; Y chromosome; Altaians

For citation: Kharkov V.N., Kolesnikov N.A., Zarubin A.A., Khitrinskaya I.Yu., Valikhova L.V., Luzina F.A., Lemskaya V.M., Dybo A.V., Stepanov V.A. The gene pool of the Northern Altaians according to autosomal SNP and Y-chromosome data. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selektsii = Vavilov J Genet Breed*. 2026;30(7):1098-1107. doi 10.18699/vjgb-26-111

Введение

Северные алтайцы, проживающие на территории Алтая, включают в свой состав тубаларов, челканцев и кумандинцев и территориально отделены друг от друга. Тубалары расселены вдоль рек Большая и Малая Иша, Сара-Кокша, Кара-Кокша, Пыжа, Уймень в Чойском и Турочакском районах. Челканцы (лебединцы) проживают в долине р. Лебедь и ее притока Байгола в Турочакском районе. Кумандинцы живут по течению р. Бия в Турочакском, Старо-Бардинском и частью в Солтонском районах (Миллер, 1937–1941).

Научные исследования антропологов и этнографов показали, что у разных алтайских этносов сложное этническое происхождение, произошедшее в результате дробления, расхождения и метисации разных по языку родов и племен на протяжении двух тысячелетий (Потапов, 1953, 1969). Северные и южные алтайцы различаются по языку и антропологическим особенностям. Тубалары проживают на границе с южными алтайцами. Южные алтайцы (алтай-кижи) по классификации тюркских языков относятся к кыпчакской группе. Диалекты северных алтайцев входят в северо-восточную (уйгурскую) группу тюркских языков, также известную как хакасская подгруппа. Этнографы включают северноалтайский язык в состав северноалтайской группы тюркских языков. В этих языках есть особенности, свойственные хакасам, хантам, манси, селькупам и ненцам. Значительны различия южных и северных алтайцев также по культуре и быту. Южные алтайцы вели кочевое и полукочевое пастбищное скотоводство. Северные алтайцы занимались пешей охотой, таежным рыболовством, мотыжным земледелием и сбором дикоросов (Тюркские …, 2006).

Южные алтайцы вместе с тувинцами, бурятами, якутами и монголами, по данным антропологии, относятся к монголоидной центральноазиатской группе населения Сибири (Дебец, 1948). У северных алтайцев слабее выражена монголоидность их антропологических признаков, и для них показано этногенетическое родство с живущими севернее манси (Потапов, 1969). Южные алтайцы значительно монголоиднее, так как с карасукской эпохи (1200–700 лет до н. э.) у них отчетливо прослеживается примесь уйгурского генофонда (западные монголы). С рядом различных угорских и самодийских народов антропологи относят северных алтайцев к уральской группе. Кумандинцы сходны с хантами и манси (Дебец, 1948). Этногенез алтайцев – длительный процесс расхождения и смешения различных тюркских, угорских, самодийских и кетских этнических групп (Потапов, 1969). На территории Северного Алтая в предтюркское время сложилась верхнеобская археологическая культура, связанная с угорскими племенами, пришедшими с северо-запада и вытеснившими или ассимилировавшими местное население (Грязнов, 1956; Савинов, 1984).

Еще в XVII в. угорские и тюркские племена Западной Сибири соприкасались территориально. Утвердился тюркский язык, сложившийся на основе древних уйгурских языковых элементов. После процесса тюркизации во времена тюркских каганатов северные алтайцы подверглись монголизации в период господства ойратов. Тюркизация разноязычных мелких племен Саяно-Алтая: самоедо- и кетоязычных маторов, камасинцев, коттов, ассанов, аринов и других – продолжалась до XVIII в. под влиянием исторических предков хакасов – енисейских кыргызов. Изучение родового состава алтайцев показало, что их родовая структура на уровне этнических групп остается стабильной на протяжении последнего столетия (Лотош и др., 1984; Лузина, 1987).

У различных южносибирских этносов было изучено разнообразие их генофондов по гаплогруппам мтДНК (Деренко и др., 2001, 2002; Голубенко и др., 2002; Derenko et al., 2003). Показано, что митохондриальные генофонды исследованных алтайцев, хакасов, шорцев и тувинцев характеризуются различным соотношением линий мтДНК. Частота европеоидных линий уменьшается с юга на север и с запада на восток, что в целом соотносится с антропологическими данными.

В проведенных ранее выборок алтайцев с использованием различных ДНК-маркеров было подтверждено наличие в их генофондах выраженного палеоевропеоидного компонента. Его доля усиливается к западу, достигая более чем 70 % у шорцев и южных алтайцев (Деренко и др., 2002). Аналогичные данные получены и при анализе коренного населения Сибири и Средней Азии по полиморфным Alu-инсерциям. Филогенетический анализ генетических взаимоотношений по этим аутосомным маркерам между популяциями показал, что популяции южных и северных алтайцев дистанцированы друг от друга. Популяции южных алтайцев расположены рядом с тувинцами, ближе к «монголоидной» части древа, а северные – рядом с кетами и хантами, ближе к «европеоидной». Этот факт подтверждает исторические сведения об отличиях в двух этнических группах коренных жителей Алтая и участии финно-угорских племен в этногенезе северных алтайцев (Степанов и др., 2001; Хитринская и др., 2001, 2003).

Цель настоящего исследования – комплексный анализ структуры генофондов тубаларов, челканцев и кумандинцев и их сравнение с другими популяциями коренного населения Сибири. Для решения вопросов генетической близости северных алтайцев с другими народами выполнено генотипирование широкого геномного набора аутосомных маркеров с помощью микроматричного анализа и расширенного набора SNP и STR-маркеров Y-хромосомы.

Материалы и методы

Материал исследования для Y-хромосомы составили образцы ДНК мужчин-тубаларов из сел Артыбаш, Иогач, Кебезень, Усть-Пыжа, Тондошка, Тулой, Бешпельтир Республики Алтай (N = 99). Челканцы собраны в селах Курмач-Байгол, Кебезень, Чуйка, Майск (N = 27). Кумандинцы собраны в г. Бийске Алтайского края, селах Турочак и Иогач (N = 13). Для аутосомных геномов прогенотипированы мужчины и женщины тубалары (N = 11) и кумандинцы (N = 10) из г. Горно-Алтайска, переселившиеся туда из сел Турочакского района, челканцы из с. Курмач-Байгол (N = 19).

Несколько образцов тубаларов и челканцев были собраны в Горно-Алтайске. Забор крови у доноров производили с соблюдением процедуры письменного информированного согласия на проведение исследования. На каждого донора составляли анкету с его родословной, указанием этнической принадлежности и мест рождения предков. Материал депонирован в биоресурсной коллекции «Биобанк населения Северной Евразии».

Для генотипирования на микроматрицах были выбраны неродственные образцы (тубалары N = 10, кумандинцы N = 39, челканцы N = 36). Другие популяции коренного населения представлены южными алтайцами, тувинцами, хакасами-сагайцами, хакасами-качинцами, шорцами, телеутами, чулымцами, кетами, хантами, манси, ненцами, томскими татарами, бурятами и калмыками.

Данные широкогеномного генотипирования получены из микроматриц Infinium Multi-Ethnic Global-8 (Illumina) для SNP генотипирования, включающего свыше 1.7 млн маркеров. Для сравнительного анализа использованы данные генотипов по 1677114 аутосомным SNP. Для анализа компонентного состава и количества примесей у отдельных индивидов и популяций применены методика NGS-Admix (Skotte, 2013) и программа Admixture (Alexander et al., 2009; Alexander, Lange, 2011), а также проведен сравнительный анализ данных аутосомных SNP и гаплогрупп и гаплотипов Y-хромосомы. Анализ генетических взаимоотношений между популяциями осуществлен методом t-SNE.

Кластеризацию массива генотипов аутосомных SNP и контроль качества выполняли по протоколу, разработанному (Guo et al., 2014) с программой GenomeStudio (Ilumina. GenomeStudio) (модуль генотипирования v2.0.3). Для фильтрации, нормализации и расчета стандартных геномных статистик и показателей оптимальным показал себя стандартный набор программ, включающий vcftools, bcftools и plink. Для анализа идентичных по происхождению блоков сцепления выполняли алгоритм Refined IBD (Browning B.L., Browning S.R., 2013), показывающий более точные результаты по сравнению со встроенными в plink алгоритмами. Предварительно генотипы были фазированы с программой Beagle 5.1 (Browning S.R., Browning B.L., 2007). Для сравнения популяций были получены суммы средних длин идентичных по происхождению блоков (сегментов IBD – Identical by descent) – между парами индивидов.

Для изучения состава и структуры гаплогрупп Y-хромосомы в исследование были включены две системы генетических маркеров: диаллельные локусы, представленные SNP, и полиаллельные высоковариабельные микросателлиты (YSTR). С помощью 386 SNP-маркеров определяли принадлежность индивидов к различным гаплогруппам. Классификация гаплогрупп дана в соответствии с данными Международного общества генетической генеалогии (www.isogg.org). Анализ STR-гаплотипов внутри гаплогрупп проводили с применением 44 микросателлитных маркеров нерекомбинирующей части Y-хромосомы (YSTR): DYS19, 385a, 385b, 388, 389I, 389II, 390, 391, 392, 393, 426, 434, 435, 436, 437, 438, 439, 442, 444, 445, 448, 449, 456, 458, 460, 462, 481, 504, 505, 518, 525, 531, 533, 537, 552, 570, 576, 635, 643, YCAIIa, YCAIIb, GATA H4.1, Y-GATA-A10, GGAAT1B07. STR-маркеры генотипировали с помощью капиллярного электрофореза на генетических анализаторах Нанофор-05 и ABI Prism 3730. Генотипирование SNP-маркеров проводили методом ПЦР и последующего анализа фрагментов ДНК с помощью ПДРФ-анализа. Экспериментальные исследования проведены на базе Центра коллективного пользования научно-исследовательским оборудованием «Медицинская геномика» (НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ). Медианные сети гаплотипов Y-хромосомы построены с использованием программы Network v. 10.2.0.0 (Fluxus Technology Ltd.; www.fluxus-engineering.com) по методу медианных сетей Бандельта (Bandelt et al., 1999).

Возраст генерации наблюдаемого разнообразия гаплотипов в гаплогруппах оценивали методом ASD (Zhivotovsky et al., 2004) на основании средних квадратичных различий в числе повторов между всеми маркерами. Длина

поколения принималась равной 30 годам, темп мутирования 0.0033 на локус на поколение. Расчеты делали для родовых групп численностью не менее пяти образцов (Sengupta et al., 2006).

Результаты и обсуждение

Результаты генотипирования образцов северных алтайцев на микроматрицах дают возможность более точно определить их родство и генетические взаимосвязи с другими народами с применением различных методик. Генотипирование расширенного набора специфичных терминальных SNP Y-хромосомы для отдельных сублиний позволяет очень детально разделить их на этноспецифичные варианты.

Анализ аутосомного генофонда с помощью метода t-SNE. Все образцы тубаларов, челканцев, кумандинцев и южных алтайцев формируют отдельный кластер, при этом от южных алтайцев к северным ближе всего образцы из географически близкого к ним с. Бешпельтир (рис. 1). По компоненте V1, V2 и V3 все выборки северных и южных алтайцев сближаются друг с другом. Две выборки алтай-кижи ближе к северным алтайцам по сравнению с тувинцами. Северные алтайцы намного ближе друг к другу и значительно удалены от остальных популяций Сибири. По V3 они максимально удалены от калмыков, бурятов и хантов. Почти все проанализированные образцы формируют отдельные этнические кластеры.

Компонентный состав аутосомного генофонда северных алтайцев (методом Admixture). При задании числа предковых компонент больше четырех во многих южносибирских популяциях выявляется специфичный для них генетический компонент, наиболее ярко проявляющийся при K = 8, который можно интерпретировать как «саяно-алтайский» генетический пласт в генофонде современных тюркоязычных популяций (рис. 2, *а*). При K = 8 этот компонент полностью доминирует у челканцев (94 %), хакасов-сагайцев Таштыпского района (Khakas_T) (88 %), шорцев (80 %), кумандинцев (79 %), хакасов-сагайцев Аскизского района (Khakas_A) (76 %), тубаларов (71 %), алтай-кижи с. Бешпельтир (43 %), телеутов (27 %), алтай-кижи с. Кулада (27 %), хакасов-качинцев Ширинского района (Khakas_S) (22 %) и тувинцев (17 %). Этот компонент, видимо, связан с ранним вкладом в их генофонды общих популяций и их смешением с коренным населением этих территорий, в результате которого и был сформирован этот совместный древний генетический субстрат народов Алтая и Саян.

При этом K = 12 этносы разделились между двумя компонентами, которые совпадают с их территориальной близостью и лингвистической классификацией их языков. У северных алтайцев полностью доминирует специфичный для них «алтайский» – у челканцев (90 %), тубаларов (80 %), кумандинцев (72 %), алтай-кижи сел Бешпельтир (56 %) и Кулада (32 %), телеутов (14 %), тувинцев (8 %) и шорцев (7 %) (см. рис. 2, *б*). Два этих специфичных компонента свидетельствуют об отсутствии за последние столетия значительного обмена между этими популяциями за счет миграций и их разделения на две группы генетически родственных народов. Малая доля процентного состава этих компонент и у алтайцев, и у хакасов с шорцами может быть следствием небольшого количества межэтнических браков или отдельных переселенцев. Доминирование этого «алтайского» генетического компонента у тубаларов, челканцев и кумандинцев

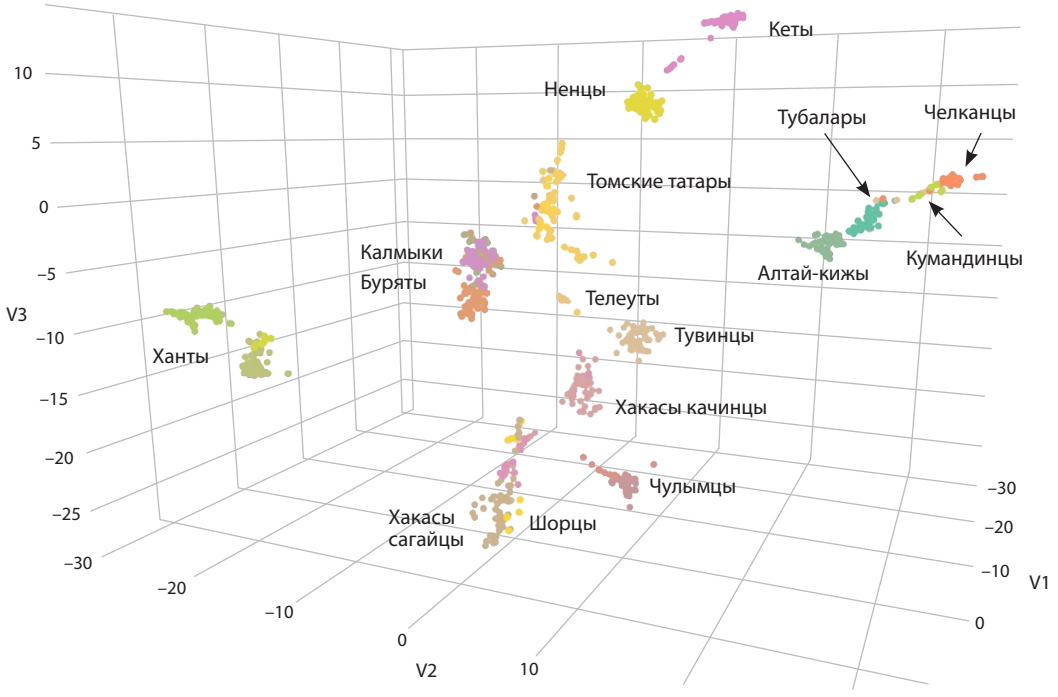


Рис. 1. Дифференциация генофонда алтайцев и других народов Южной и Западной Сибири с помощью метода t-SNE.

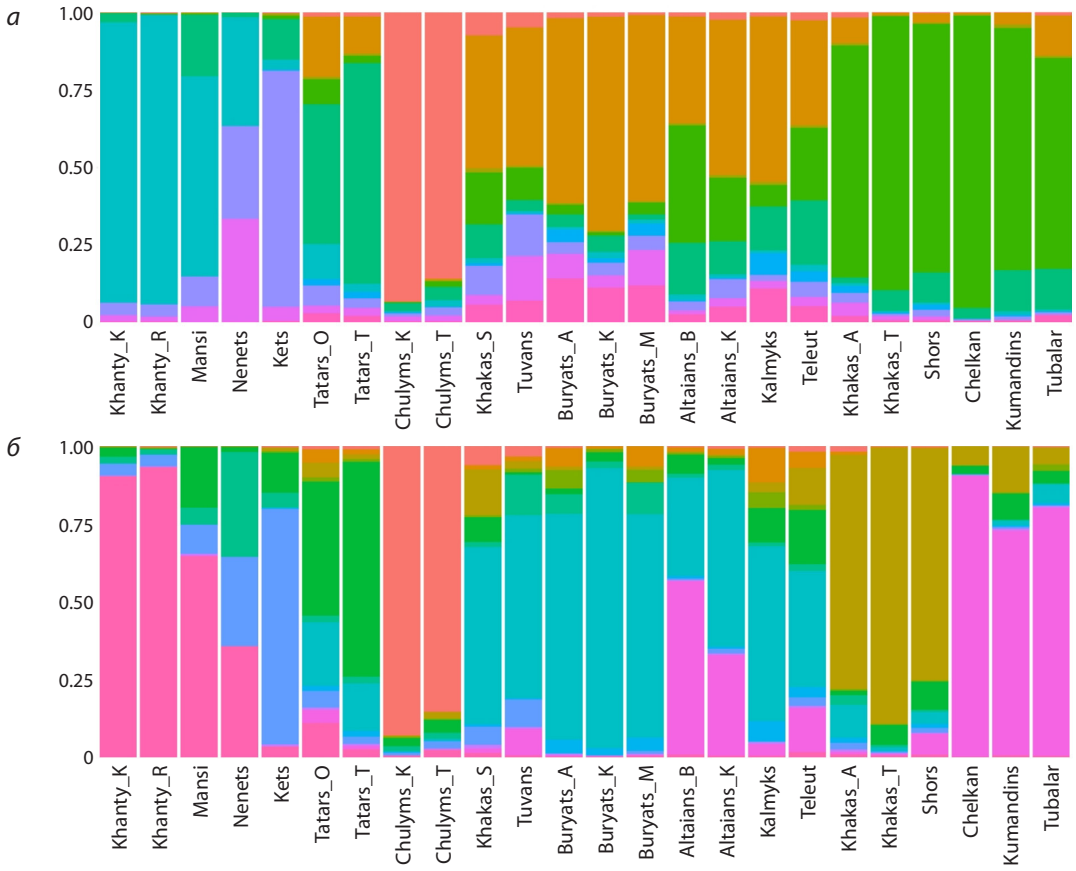


Рис. 2. Упорядоченная картина компонент Admixture при ранжировании популяций Сибири с запада на восток: *а* – K = 8; *б* – K = 12.

подтверждает их обособленность от других народов. Компонент, доминирующий у хакасов-сагайцев и шорцев, также с небольшой частотой представлен у кумандинцев (14 %), челканцев (6 %) и тубаларов (5 %). У тубаларов (6 %) присутствует компонент, полностью доминирующий у бурятов и калмыков. У кумандинцев (8 %) выявлен европейский компонент, который с максимальной частотой доминирует у восточно-европейских популяций, на рис. 1 они не представлены, и на территории Западной Сибири преобладает у томских татар.

Идентичные по происхождению блоки сцепления (методом IBD). Проведен анализ совпадения общих по происхождению блоков ДНК (IBD) на уровне отдельных индивидов и популяций. Образцы из популяций северных алтайцев показали большое совпадение по IBD-блокам внутри этносов. Максимальное значение отмечено между образцами челканцев (35.19 %). У кумандинцев и тубаларов оно ниже (28.58 и 18.26 %) (табл. 1). Численность челканцев по переписи 2010 г. составляла 1181 человек, что примерно в два раза меньше, чем тубаларов (1965) и кумандинцев (2892). Скорее всего, такая высокая доля общих IBD-блоков у челканцев связана с браками дальних родственников с общими предками на протяжении последних сотен лет. Все образцы челканцев собраны в с. Курмач-Байгол, где доминирует фамилия Пустогачевы. Среднестатистические попарные сравнения отдельных образцов между выборками тубаларов, челканцев и кумандинцев составляют от 5 % между тубаларами и кумандинцами и до 7 % между челканцами и тубаларами. С остальными южносибирскими популяциями суммарная доля IBD намного ниже. При этом у тубаларов совпадение с алтай-кижи из с. Бешпельтир составляет 4.5 %. При анализе IBD-блоков от 4 до 8 cM между челканцами и кумандинцами показано увеличение их суммарной доли с хакасами Таштыпского района (рис. 3). Эти результаты соответствуют данным t-SNE и Admixture.

Таблица 1. Совпадение IBD-блоков между этносами (в процентах)

Этнос	Челканцы	Кумандинцы	Тубалары
Челканцы	35.19	6.94	7.23
Кумандинцы	6.94	28.58	5.48
Тубалары	7.23	5.48	18.26
Хакасы Таштыпского р-на	3.83	3.26	2.47
Алтайцы Бешпельтир	2.94	2.57	4.53
Шорцы	2.08	1.74	1.36
Алтайцы Кулада	1.31	1.03	1.76
Хакасы-сагайцы	1.40	1.24	0.92

Гаплогруппы Y-хромосомы. Численность образцов мужчин челканцев и кумандинцев намного меньше по сравнению с тубаларами. Эти этнические группы различаются друг от друга по частотам гаплогрупп Y-хромосомы и их гаплотипам YSTR (табл. 2). Самой частой гаплогруппой Y-хромосомы у тубаларов является R1a1a1b2e1~ (YP1509, B117), составляющая в общем массиве образцов мужчин 24 %. У челканцев и кумандинцев к ней относится только один мужчина. Эта гаплогруппа с очень небольшой частотой представлена у тувинцев (Степанов и др., 2023), теленгитов, телеутов и алтай-кижи, ее частота максимальна у шорцев (Харьков и др., 2020). Гаплогруппа разделена на три сублинии, различающиеся по терминальным SNP и кластерам гаплотипов. На медианной сети гаплотипов видно, что тубалары сильно отличаются от кумандинцев и челканцев (рис. 4, *а*). Большинство мужчин тубаларов из этой гаплогруппы формируют очень тесный кластер гаплотипов. Они потомки одного мужчины и дальние родственники друг другу по мужской линии. По данным сайта YFull, возраст этой гаплогруппы 600–700 лет, и к ней относится лишь один киргиз. Возраст этой гаплогруппы у тубаларов, по YSTR, составил ~2300 лет (SD = 470 лет).

Еще одним вариантом R1a1 у северных алтайцев является гаплогруппа R1a1a1b2a2a3~Y42090. У тубаларов она составляет 22 %, у кумандинцев и челканцев к ней принадлежат всего трое и двое мужчин (см. рис. 4, *б*). Эта гаплогруппа пока не обнаружена у других этносов. Ее возраст у всех мужчин, по YSTR, составил 1365 лет (SD = 431 год). Судя по YSTR-гаплотипам она отделилась от общей предковой группы давно и имеет небольшую территорию расселения ее носителей на Алтае. Носители гаплогрупп R1a1a1b2e1~ и R1a1a1b2a2a3~, возможно, являются потомками андроновцев или родственным им народов из бронзового века (История Сибири …, 1968), смешавшимися с местным населением при заселении территории Алтая.

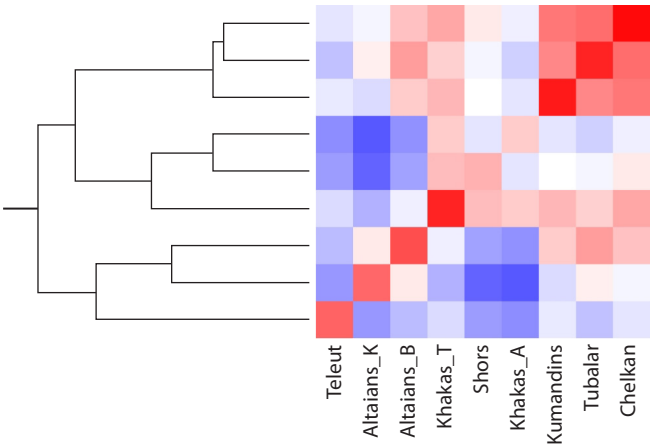


Рис. 3. Тепловая карта с дендрограммой на основании логарифма от суммы средних длин сегментов IBD (4–8 cM) между парами индивидов.

Второй по частоте у тубаларов (23 %) является гаплогруппа Q1b1a1a1g~ (YP3951, YP4010, YP4013, YP4025, YP4034, YP4045), которая полностью доминирует у челканцев (63 %) (см. рис. 4, *в*). Все мужчины-челканцы с фамилией Пустогачевы принадлежат к этой гаплогруппе (13 человек из 18 челканцев). Гаплотипы тубаларов, челканцев и хакасов значительно отличаются друг от друга и подтверждают давнее разделение трех ее ветвей. Два этноспецифичных для северных алтайцев кластера гаплотипов формируют звездообразную филогению и демонстрируют эффект основателя. Это совпадает с данными по IBD-блокам у челканцев, поскольку все они потомки одного предка по мужской линии. Общий возраст этой гаплогруппы у северных алтайцев и хакасов, по YSTR, составил 1345 лет (SD = 321 год). Возраст кластера челканцев 443 года (SD = 158 лет) и тубаларов 793 года (SD = 223

Таблица 2. Частоты встречаемости гаплогрупп Y-хромосомы у северных алтайцев

Гаплогруппа	Челканцы	Кумандинцы	Тубалары
C2a1a3a1c (Y12782)	–	–	1.1 (1)
C2b1a1a1a1 (F3850)	–	–	5.1 (5)
E1b1-CTS1446	–	–	1.1 (1)
J2b2b2 (Y18042)	–	–	4.1 (4)
N (P189.2, Y147969)	7.4 (2)	15.4 (2)	5.1 (5)
N1a2b1b1 (Z35080, YP3079, TMG295)	18.5 (5)	–	1.1 (1)
N1a1a1a1a (B219)	–	–	7.1 (7)
Q1b1a1a1g~ (YP3951, YP4010, YP4013, YP4025, YP4034, YP4045)	63.0 (17)	7.7 (1)	23.1 (23)
R1a1a1b2e1~ (YP1542, YP1556)	–	–	6.1 (6)
R1a1a1b2e1~(YP1509, B117)	3.7 (1)	7.7 (1)	24.0 (24)
R1b1a1a1a (M478, Y14056, BY40170)	–	38.4 (5)	–
R1a1a1b2~ (Y327181)	–	7.7 (1)	–
R1a1a1b2a2a3~ (H3349, Y42090)	7.4 (2)	23.1 (3)	22.1 (22)
Общий объем выборок	27	13	99

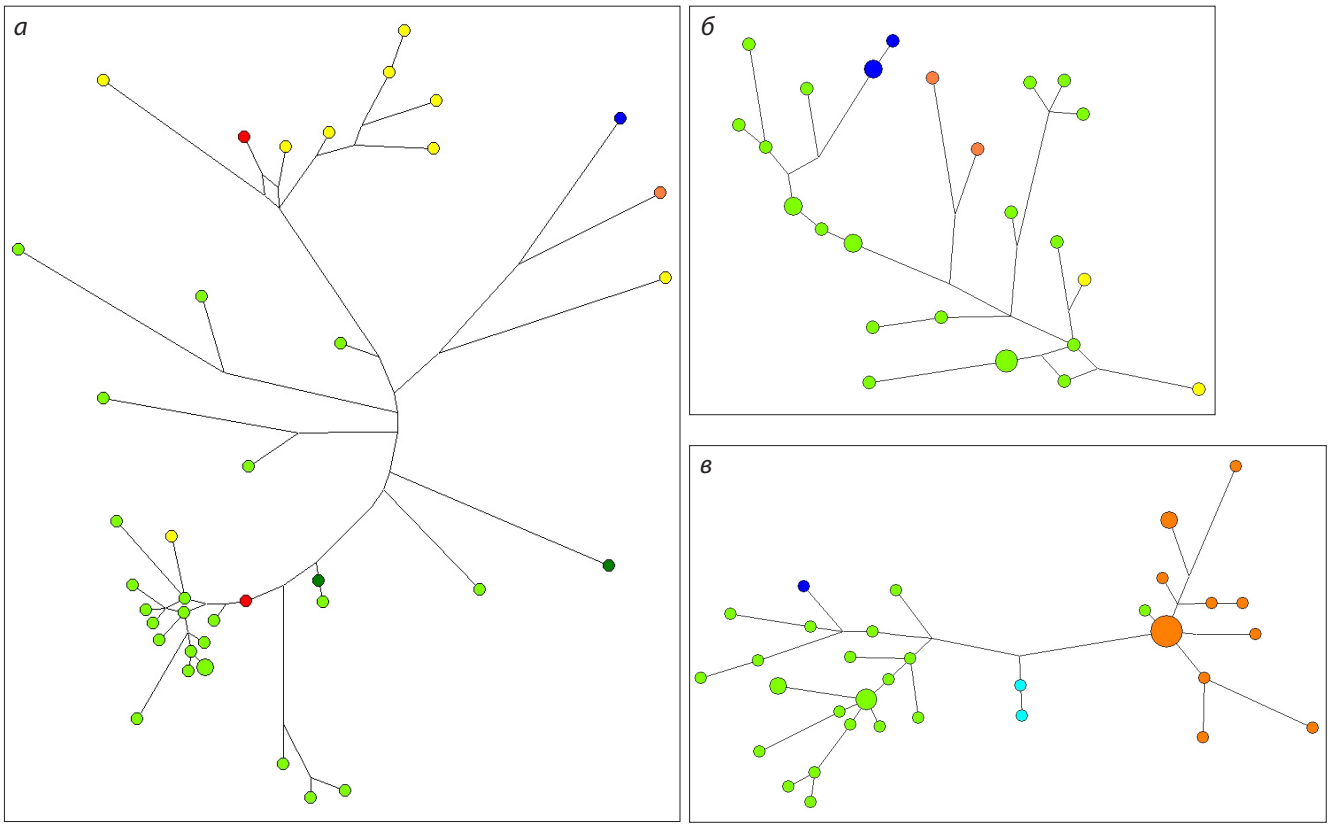


Рис. 4. Медианная сеть YSTR-гаплотипов гаплогруппы: *а* – R1a1a1b2e1~; *б* – R1a1a1b2a2a3~; *в* – Q1b1a1a1g~. Светло-зеленым обозначены тубалары, оранжевым – челканцы, синим – кумандинцы, желтым – алтай-кижи, красным – теленгиты, темно-зеленым – телеуты, голубым – хакасы Таштыпского района.

года). Эти различия по возрасту двух кластеров гаплотипов подтверждают генетическое родство по отцовской линии челканцев п. Курмач-Байгол и совпадают с их максимальной по сравнению с тубаларами и кумандинцами долей IBD-блоков. Звездообразные медианные сети гаплогрупп R1a1a1b2e1~ и Q1b1a1a1g~ для отдельных этносов северных алтайцев свидетельствуют о изменении их частот за несколько последних сотен лет, связанные с изменениями в поколениях числа сыновей в различных семьях. Особенно ярко это выражено для гаплогруппы Q1b1a1a1g~. Один кумандинец совпадает с тубаларами, и один тубалар попадает в челканский кластер. По данным сайта YFull, возраст линии BZ2211 составляет 5000 лет. Всего три образца с мутацией BZ2211 обнаружены у русских из Татарстана и в Польше. К предковой линии (Q-BZ2222) относятся образцы неолитического населения Прибайкалья (Kılınç et al., 2021) и Северной Монголии раннего железного века (Wang et al., 2021). Это может указывать на происхождение этой линии из Прибайкалья или более южных территорий, прилегающих к Алтаю. Присутствие этой гаплогруппы у тубаларов и челканцев является следствием сохранения мужских линий местного аборигенного населения родственного кетам, смешавшегося с пришедшими тюрками. Ее частота у северных алтайцев и хакасов отражает ассимиляцию автохтонного населения, принадлежащего к енисейской языковой семье.

Также у тубаларов присутствуют три гаплогруппы преобладающие у потомков раннего населения современной Монголии – C2a1a3a1c, C2b1a1a1a1, N1a1a1a1a. Они с достаточно высокими частотами распространены у монголов, калмыков (Balinova et al., 2019), бурятов и тувинцев (Степанов и др., 2023). Появление этих гаплогрупп связано с расселением на территории Горного Алтая монгольских этнических групп, скорее всего ойратов. Их частоты у тубаларов полностью соответствуют результатам компонентного состава, определенного программой Admixture.

У тубаларов, челканцев и кумандинцев с небольшой частотой присутствует очень редкая линия N (P189.2, Y147969). По данным сайта YFull, ее возраст составляет 9900 лет. К этой линии принадлежат образцы неолитического населения Прибайкалья (de Barros Damgaard et al., 2018a, b). У челканцев и тубаларов с небольшой частотой есть гаплогруппа N1a2b1b1 (Z35080, YP3079, TMG295), которая является параллельной линией с сублиниями у шорцев, хакасов и тувинцев, а также самодийцев (ненцев, селькупов) и угров (хантов). Скорее всего, она связана с потомками угро-самодийского населения. Этот вариант низкий по частоте, этноспецифичен для северных и южных алтайцев и не обнаружен в других популяциях. Эти данные более точно дополняют результаты расчетов аутосомных SNP, что дает возможность детальнее описать формирование их генофонда. Различные гаплогруппы

Y-хромосомы у северных алтайцев показывают их родство с шорцами, хакасами и телеутами.

С наибольшей частотой в мужском генофонде кумандинцев представлена линия R1b1a1a1a (M478, Y14056, BY40170), которая редко встречается у других северных и южных алтайцев. К этой группе относятся, практически без исключения, представители сеоков алтына-куманды, орё-куманды и тон. Возраст линии составляет примерно 1400 лет. К этой линии принадлежат также единичные образцы монголов, хазарейцев и туркмен. Линия R1b-BY40170 производная от линии R1b-Y14051, к которой принадлежат томские тюрки и носители этнонима кыпчак у разных народов: казахов, киргизов, каракалпаков, башкир, ногайцев и поволжских татар. Первичная прародина этой линии, вероятно, находится в Казахстанском Приртышье. На это указывают и палеогенетические данные (de Barros Damgaard et al., 2018a, b). Линия R1b-Y14051 маркирует средневековые миграции кыпчаков (Волков, 2018). Генетическая связь с кыпчаками объясняет происхождение этнонима куманды, который, вероятно, связан с этнонимом куманы, одним из обозначений кыпчаков (Волков и др., 2019).

Результаты выполненного исследования подтверждают тесное генетическое родство северных алтайцев, их смешанное происхождение и достаточно долгую изоляцию от соседних народов после формирования тубаларов, челканцев и кумандинцев. В их генофондах, по данным Admixture, доминирует тюркский генетический компонент, который также преобладает у хакасов и шорцев, и присутствуют следы самодийских, монгольских и енисейских популяций. Две гаплогруппы, R1a1a1b2e1~ и R1a1a1b2a2a3~, происходят от пришлого тюркоязычного населения. Две линии гаплогруппы Q1b1a1a1g у челканцев, кумандинцев и тубаларов представляют наследие генетического вклада древнего населения этого региона, относящегося к енисейской языковой семье. Сублинии гаплогрупп Y-хромосомы и аутосомных SNP подтверждают и детализируют особенности и специфичность генофондов этих народов. Генетические данные по IBD-блокам и гаплогруппам Y-хромосомы у челканцев и тубаларов соответствуют информации лингвистов о максимальной близости их наречий, по сравнению с кумандинцами. Полученные данные о генофондах исследованных северных алтайцев согласуются с этнографическими, археологическими и лингвистическими работами, проведенными ранее.

Сопоставление данных сравнительно-исторического языкознания с результатами генетического анализа. Как было показано в (Egorov et al., 2022), алтайскую ветвь можно рассматривать как раннее ответвление кыпчакской группы. Что касается отношений внутри алтайской ветви, мы провели стандартный глоттохронологический подсчет в программе Starling – Glottochronology над «сырыми» (предварительно не обработанными) 110-словными списками Сводеша-Яхонтова из 28 населенных пунктов.

Из массива данных по «алтайской группе» выделяются калмаки, которые, очевидно, по языку ближе всего к сибирским татарам с фонетическим субстратом, близким к алтайскому (телеутскому). Остальные данные показывают деление алтайской группы на условно северную и южную ветви. Южная ветвь, как и ожидалось, делится на теленгитскую, которая присутствует у теленгитов Кош-Агачского района и тёлёсов-теленгитов Улаганского района, телеутскую и алтай-кижи с многочисленными подговорами.

Северная ветвь подразделяется на группу туба из с. Усть-Пыжа и группу, в которую входят челканский и кумандинский языки. Следует отметить, что имеющийся у нас экспедиционный материал по кумандинскому языку крайне скуден, а материал в существующей литературе (Баскаков, 1972; Кумандинско-русский словарь, 1995; Русско-кумандинский словарь, 2006) чрезвычайно разнороден. На экспедиционном материале наиболее выделенной ветвью северной группы является тубаларская, что в общем соответствует и качественной классификации по упорядоченным фонетическим и морфологическим правилам. Кумандинцы и челканцы попадают в другую ветвь.

Заметим, что еще со времен исследований В.В. Радлова XIX в. и до сих пор засвидетельствованы активные межэтнические контакты между тубаларами и челканцами, очень распространены смешанные браки. Языковые контакты также наблюдаются, в основном на распространении по отдельным тубаларским говорам контактных челканских фонетических изоглосс, но, по-видимому, не отражаются в базисной лексике. Не являются ли близость тубаларов и челканцев и удаленность их от кумандинцев, полученные методами популяционной генетики, отчасти следствием контактов?

Хорошо известно о существовании тюрко-енисейских языковых контактов. В частности, в праенисейском фиксируются пратюркские заимствования, в коттско-аринской ветви енисейских языков – существенное количество заимствований древнетюркского типа и отдельные тюркизмы в кетско-югской ветви. Локальные тюркские заимствования наблюдаются в отдельных енисейских языках (см. Khabtagaeva, 2019), преимущественно в коттском и аринском. Надежных енисейских заимствований на уровне пра- и общетюркского нет; ареальные заимствования фиксируются в основном в шорском и хакасском (кызыльском диалекте), одно надежное – в чулымском, что может быть связано с ограниченностью корпуса данных.

Кроме того, лингвистические данные показывают, что шорцы, хакасы и тофы могут включать в свой состав ассимилированных саянских самодийцев-камасинцев и матортайги-карагасов, тогда как северные алтайцы, возможно, представляют собой результат языкового сдвига шорцев (Грунтов и др., 2025). Таким образом, лингвистические данные не противоречат предлагаемым генетическим гипотезам.

Заключение

Тубалары, челканцы и кумандинцы по результатам полногеномного секвенирования совпадают друг с другом по компонентному составу Admixture и t-SNE. По этим данным они близки к хакасам-сагайцам и шорцам. Результаты проведенного анализа свидетельствуют о многокомпонентности их генофонда. Оценка этих статистических под-

ходов свидетельствуют о генетической дифференциации северных и южных алтайцев. По частотам Y-хромосомных гаплогрупп они отличаются друг от друга. Различные гаплогруппы Y-хромосомы у северных алтайцев относятся к енисейским, самодийским, тюркским и монгольским этносам, которые заселяли эти территории много сотен и тысяч лет назад. Анализ этих гаплогрупп соответствует данным археологии, антропологии и лингвистики.

Список литературы / References

Баскаков Н.А. Северные диалекты алтайского (ойротского) языка. Диалект кумандинцев. М.: Наука, 1972
[Baskakov N.A. Northern Dialects of the Altai (Oirot) Language. The Kumandin dialect. Moscow: Nauka Publ., 1972 (in Russian)]

Волков В.Г. Некоторые вопросы истории и археологии кыпчаков в контексте генетических данных. В: Материалы II-й научной конференции средневековой истории Дешт-и Кыпчака. Астана, 2018;137-149
[Volkov V.G. Some questions of the history and archeology of the Kipchaks in the context of genetic data. In: Materials of the 2nd scientific conference on the medieval history of Desht-i Kipchak. Astana, 2018;137-149 (in Russian)]

Волков В.Г., Каримов А.А., Сабитов Ж.М., Юсупов Ю.М. Происхождение и родственные связи родоплеменного объединения Кыпчак по данным генетических исследований. В: История башкирских родов. Кыпчак. Т. 34. Ч. 1. Уфа, 2019;294-310
[Volkov V.G., Karimov A.A., Sabitov Zh.M., Yusupov Yu.M. Origin and family ties of the Kipchak tribal association according to genetic studies. In: Sat. History of Bashkir clans. Kipchak. V. 34. Part 1. Ufa, 2019;294-310 (in Russian)]

Голубенко М.В., Еремина Е.Р., Тадинова В.Н., Санчат Н.О., Кучер А.Н., Солтобаева Ж.О., Виллемс Р., Пузырев В.П. Территориальная дифференциация генофонда народов Сибири и Средней Азии по рестрикционному полиморфизму митохондриальной ДНК. *Медицинская генетика.* 2002;1(3):124-128
[Golubenko M.V., Eremina E.R., Tadinova V.N., Sanchat N.O., Kucher A.N., Soltobaeva Zh.O., Willems R., Puzyrev V.P.. Territorial differentiation of the gene pool of the peoples of Siberia and Central Asia by restriction polymorphism of mitochondrial DNA. *Med Genet.* 2002;1(3):124-128 (in Russian)]

Грунтов И.А., Мальцева В.С., Степанов В.А., Харьков В.Н. Современные междисциплинарные исследования языков и народов Южной Сибири: опыт лингвистики и генетики. *Томский журнал лингвистических и антропологических исследований*. 2025; 4(50);154-169. doi 10.23951/2307-6119-2025-4-154-169
[Gruntov I.A., Maltseva V.S., Stepanov V.A., Kharkov V.N. Contemporary interdisciplinary research on the languages and peoples of Southern Siberia: An experience in linguistics and genetics. *Tomsk J Ling Anthropol*. 2025;4(50);154-169. doi 10.23951/2307-6119-2025-4-154-169 (in Russian)]

Грязнов М.П. История древних племен Верхней Оби. М.; Л.: АН СССР, 1956
[Gryaznov M.P. History of the Ancient Tribes of the Upper Ob. Moscow; Leningrad, 1956 (in Russian)]

Дебец Г.Ф. Палеоантропология СССР. Труды института этнографии АН СССР. М.; Л., 1948
[Debets G.F. Paleoanthropology of the USSR. Proceedings of the Institute of Ethnography of the AS USSR. Moscow; Leningrad, 1948 (in Russian)]

Деренко М.В., Денисова Г.А., Малярчук Б.А., Дамбуева К., Лузина Ф.А., Лотош Е.А., Доржу С.М., Карамчакова О.Н., Соловенчук Л.Л., Захаров И.А. Структура генофондов этнических групп Алтай-Саянского нагорья по данным о полиморфизме митохондриальной ДНК. *Генетика.* 2001;37(10):1402-1410
[Derenko M.V., Denisova G.A., Malyarchuk B.A., Dambueva K., Luzina F.A., Lotosh E.A., Dorzhu C.M., Karamchakova O.N., Solovenchuk L.L., Zakharov I.A. The structure of the gene pools ethnic population of Altai-Sayan Based on mitochondrial DNA polymorphism data. *Russ J Genet.* 2001;37(10):1177-1184. doi 10.1023/A:1012312807269]

Деренко М.В., Малярчук Б.А., Захаров И.А. О происхождении европеоидного компонента митохондриальных генофондов этнических групп Алтае-Саянского нагорья. *Генетика.* 2002;38(9): 1292-12979
[Derenko M.V., Malyarchuk B.A., Zakharov I.A. Origin of caucasoid-specific Mitochondrial DNA Lineages in the ethnic populations of the Altai-Sayan region. *Russ J Genet.* 2002;38(9):1098-1103. doi 10.1023/A:1020204201692]

История Сибири с древнейших времен до наших дней. В 5 т. Т. 1. Древняя Сибирь. Л.: Наука. Ленингр. отд., 1968
[History of Siberia from Ancient Times to the Present Day. In 5 v. V. 1. Ancient Siberia. Leningrad: Nauka Publ., 1968 (in Russian)]

Кумандинско-русский словарь / отв. ред. Л.М. Тукмачев. Бийск: Бийский котельщик, 1995.
[Kumandin-Russian Dictionary. Biysk, 1995 (in Russian)]

Лотош Е.А., Колбаско А.В., Дранишников А.К., Лузина Ф.А. Популяционная и медико-генетическая характеристика коренных жителей Горного Алтая. *Вестник Академии медицинских наук СССР.* 1984;7:78-81
[Lotosh E.A., Kolbasko A.V., Dranishnikov A.K., Luzina F.A. Population and medical-genetic characteristics of the indigenous inhabitants of the Altai Mountains. *Vestnik Akademii meditsinskikh nauk SSSR.* 1984;7:78-81 (in Russian)]

Лузина Ф.А. Наследственный полиморфизм и генетические процессы в коренном населении Горного Алтая: автореф. дис. … канд. биол. наук. М., 1987
[Luzina F.A. Hereditary polymorphism and genetic processes in the indigenous population of the Altai Mountains. Abstract dis. for the degree of Ph.D. Moscow, 1987 (in Russian)]

Миллер Г.Ф. История Сибири. В 2 т. М.; Л.: АН СССР, 1937–1941
[Miller G.F. History of Siberia. In 2 v. Moscow; Leningrad, 1937–1941 (in Russian)]

Потапов Л.П. Очерки по истории алтайцев. М.; Л.: АН СССР, 1953
[Potapov L.P. Essays on the History of the Altai People. Moscow; Leningrad, 1953 (in Russian)]

Потапов Л.П. Этнический состав и происхождение алтайцев. Историко-этнографический очерк. Л.: Наука, 1969
[Potapov L.P. Ethnic Composition and Origin of the Altaians. Leningrad: Nauka Publ., 1969 (in Russian)]

Русско-кумандинский словарь. Ред. Н.А. Дьайым. Бийск: Бия, 2006
[Russian-Kumandin Dictionary. Ed. N.A. Dyaym. Biysk, 2006 (in Russian)]

Савинов Д.Г. Народы Южной Сибири в древнетюркскую эпоху. Л.: ЛГУ, 1984
[Savinov D.G. Peoples of Southern Siberia in the Ancient Turkic Era. Leningrad, 1984 (in Russian)]

Степанов В.А., Хитринская И.Ю., Пузырев В.П. Генетическая дифференциация населения Тувы по полиморфным Alu-инсерциям. *Генетика.* 2001;37(4):563-569
[Stepanov V.A., Khitrinskaya I.Yu., Puzyrev V.P. Genetic differentiation of the Tuva population with respect to the Alu-insertions. *Russ J Genet.* 2001;37(4):453-459. doi 10.1023/A:1016623030663]

Степанов В.А., Колесников Н.А., Валихова Л.В., Зарубин А.А., Хитринская И.Ю., Харьков В.Н. Структура и происхождение генофонда тувинцев по данным аутосомных SNP и гаплогрупп Y-хромосомы. *Вавиловский журнал генетики и селекции.* 2023; 27(1):36-45. doi 10.18699/VJGB-23-06
[Stepanov V.A., Kolesnikov N.A., Valikhova L.V., Zarubin A.A., Khitrinskaya I.Yu., Kharkov V.N. The structure and origin of the Tuvan gene pool according to autosomal SNPs and Y-chromosome haplogroups. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selektsii = Vavilov J Genet Breed.* 2023;27(1):36-45. doi 10.18699/VJGB-23-06]

Тюркские народы Сибири. М.: Наука, 2006
[Turkic Peoples of Siberia. Moscow: Nauka Publ., 2006 (in Russian)]

Харьков В.Н., Новикова Л.М., Штыгашева О.В., Лузина Ф.А., Хитринская И.Ю., Волков В.Г., Степанов В.А. Генофонд хакасов и шорцев по маркерам Y-хромосомы: общие компоненты и генетическая структура родов. *Генетика.* 2020;56(7):826-833. doi 10.31857/S0016675820070073
[Kharkov V.N., Novikova L.M., Khitrinskaya I.Y., Volkov V.G., Stepanov V.A., Shtygasheva O.V., Luzina F.A. Gene pool of Khakass and Shors for Y chromosome markers: common components and tribal genetic structure. *Russ J Genet.* 2020;56(7):849-855. doi 10.1134/S1022795420070078]

Хитринская И.Ю, Степанов В.А., Пузырев В.П. Анализ полиморфизма Alu-инсерций в бурятских популяциях. *Генетика.* 2001; 37(11):1553-1558
[Khitrinskaya I.Yu., Stepanov V.A., Puzyrev V.P. Analysis of polymorphism of Alu insertions in Buryat populations. *Russ J Genet*. 2001;37(11):1306-1311. doi 10.1023/A:1012517427627]

Хитринская И.Ю., Степанов В.А., Пузырев В.П., Спиридонова М.Г., Воевода М.И. Генетическая дифференциация населения Средней Азии по данным аутосомных маркеров. *Генетика.* 2003;39(10):1389-1397
[Khitrinskaya I.Yu., Stepanov V.A., Puzyrev V.P., Spiridonova M.G., Voevoda M.I. Genetic differentiation of the population of Central Asia according to autosomal markers. *Russ J Genet*. 2003;39(10): 1175-1183. doi 10.1023/A:1026183112690]

Alexander D.H., Lange K. Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for individual ancestry estimation. *BMC Bioinformatics*. 2011; 12:246. doi 10.1186/1471-2105-12-246

Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Res.* 2009;19(9):1655-1664. doi 10.1101/gr.094052.109

Balinova N., Post H., Kushniarevich A., Flores R., Karmin M., Sahakyan H., Reidla M., … Khomyakova I., Spitsina N., Zinchenko R., Villems R., Rootsi S. Y-chromosomal analysis of clan structure of Kalmyks, the only European Mongol people, and their relationship to Oirat-Mongols of Inner Asia. *Eur J Hum Genet*. 2019;27:1466-1474. doi 1038/s41431-019-0399-0

Bandelt H.J., Forster P., Röhl A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Mol Biol Evol.* 1999;16(1):37-48. doi 10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036

Browning B.L., Browning S.R. Improving the accuracy and efficiency of identity-by-descent detection in population data. *Genetics*. 2013; 194(2):459-471. doi 10.1534/genetics.113.150029

Browning S.R., Browning B.L. Rapid and accurate haplotype phasing and missing-data inference for whole-genome association studies by use of localized haplotype clustering. *Am J Hum Genet.* 2007;81(5): 1084-1097. doi 10.1086/521987

de Barros Damgaard P., Marchi N., Rasmussen S., Peyrot M., Renaud G., Korneliussen T., Moreno-Mayar J.V., … Nielsen R., Sikora M., Heyer E., Kristiansen K., Willerslev E. 137 ancient human genomes from across the Eurasian steppes. *Nature.* 2018a;557(7705):369-374. doi 10.1038/s41586-018-0094-2

de Barros Damgaard P., Martiniano R., Kamm J., Moreno-Mayar J.V., Kroonen G., Peyrot M., Barjamovic G., … Kristiansen K., Sikora M., Outram A.K., Durbin R., Willerslev E. The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia. *Science.* 2018b;360(6396):aar7711. doi 10.1126/science.aar7711

Derenko M.V., Grzybowski T., Malyarchuk B.A., Dambueva I.K., Denisova G.A., Czarny J., Dorzhu C.M., Kakpakov V.T., Miścicka-Sliwka D., Woźniak M., Zakharov I.A. Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia. *Ann Hum Genet.* 2003;67(5):391-411. doi 10.1046/j.1469-1809.2003.00035.x

Egorov I.M., Dybo A.V., Kassian A.S. Phylogeny of the Turkic languages inferred from basic vocabulary: limitations of the lexicostatistical methods in an intensive contact situation. *J Lang Evol*. 2022; 7(1):16-39. doi 10.1093/jole/lzac006

Guo Y., He J., Zhao S., Wu H., Zhong X., Sheng Q., Samuels D.C., Shyr Y., Long J. Illumina human exome genotyping array clustering and quality control. *Nat Protoc*. 2014;9(11):2643-2662. doi 10.1038/nprot.2014.174

Khabtagaeva B. Language Contact in Siberia: Turkic, Mongolic, and Tungusic Loanwords in Yeniseian. Leiden-Boston: Brill, 2019

Kılınç G.M., Kashuba N., Koptekin D., Bergfeldt N., Dönertaş H.M., Rodríguez-Varela R., Shergin D., … Jakobsson M., Somel M., Krzewińska M., Storå J., Götherström A. Human population dynamics and Yersinia pestis in ancient northeast Asia. *Sci Adv*. 2021; 7(2):eabc4587. doi 10.1126/sciadv.abc4587

Sengupta S., Zhivotovsky L.A., King R., Mehdi S.Q., Edmonds C.A., Chow C.E., Lin A.A., … Usha Rani M.V., Thakur C.M., Cavalli-Sforza L.L., Majumder P.P., Underhill P.A.. Polarity and temporality of high resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of central Asian pastoralists. *Am J Hum Genet.* 2006;78(2): 202-221. doi 10.1086/499411

Skotte L., Korneliussen T.S., Albrechtsen A. Estimating individual admixture proportions from next generation sequencing data. *Genetics*. 2013;195(3):693-702. doi 10.1534/genetics.113.154138

Zhivotovsky L.A., Underhill P.A., Cinnioğlu C., Kayser M., Morar B., Kivisild T., Scozzari R., … Yong K.K., Gresham D., Tournev I., Feldman M.W., Kalaydjieva L. On the effective mutation rate at Y-chromosome STRs with application to human population divergence time. *Am J Hum Genet*. 2004;74(1):50-61. doi 10.1086/380911

Wang C.C., Yeh H.Y., Popov A.N., Zhang H.Q., Matsumura H., Sirak K., Cheronet O., … Jin L., Li H., Krause J., Pinhasi R., Reich D. Genomic insights into the formation of human populations in East Asia. *Nature*. 2021;591(7850):413-419. doi 10.1038/s41586-021-03336-2

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.
Поступила в редакцию 17.06.2026. После доработки 02.07.2026. Принята к публикации 14.08.2026.