

АНАЛИЗ РОДОПЛЕМЕННОЙ СТРУКТУРЫ ТУВИНЦЕВ ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ

© 2020 г. М. К. Жабагин^{1, *, #}, Л. Д. Дамба^{2, 3, #}, Н. А. Короткова^{3, 4}, Д. Н. Чернышенко^{3, 5},
С. А. Утриван^{3, 5}, В. Ю. Пылёв³, М. В. Олькова³, Е. В. Балановская^{3, 4},
Н. К. Янковский⁵, О. П. Балановский^{3, 4, 5}

¹Национальный центр биотехнологии Комитета науки Министерства образования и науки
Республики Казахстан, Нур-Султан, 010000 Казахстан

²Научно-исследовательский институт медико-социальных проблем и управления
Республики Тыва, Кызыл, 667003 Россия

³Медико-генетический научный центр им. академика Н.П. Бочкова, Москва, 115478 Россия

⁴Биобанк Северной Евразии, Москва, 115201 Россия

⁵Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, 119991 Россия

*e-mail: mzhabagin@gmail.com

Поступила в редакцию 23.05.2019 г.

После доработки 17.07.2019 г.

Принята к публикации 23.07.2019 г.

По данным о полиморфизме Y-хромосомы дана оценка влияния на структуру генофонда тувинцев двух факторов: родоплеменной (роды) и административно-территориальной (кожууны) структуры. В этот анализ включены десять наиболее распространенных родов тувинцев (ак, бараан, иргит, кол, кыргыз, монгуш, ооржак, оюн, хертек, чооду), охватывающих две трети общей выборки ($N = 545$) тувинцев из шести кожуунов (Барун-Хемчикского, Тандынского, Тере-Хольского, Тоджинского, Чаа-Хольского, Эрзинского). Генетические портреты родов, созданные по 52 SNP-маркерам Y-хромосомы, выявили эффект основателя для всех родов, за исключением двух наиболее крупных – кыргыз и монгуш, охватывающих более трети выборки и являющихся конгломератами. Анализ молекулярной дисперсии (AMOVA) указывает на равную степень генетической дифференциации родов (5.2%) и кожуунов (6.8%). Но тест Мантеля обнаруживает высокую достоверную корреляцию ($r = 0.50$) между генетической и родовой структурами на фоне недостоверной ($r = 0.25$) корреляции между генетическими и географическими расстояниями. Причина различий между результатами тестов AMOVA и Мантеля в том, что четыре наиболее многочисленных кожууна являются “моно-клановыми” (в их населении превалирует один род), и лишь в двух кожуунах (Тоджинском и Тере-Хольском) представители трех разных родов распределены равномерно. Выделение на графике многомерного шкалирования западного и восточного кластеров хорошо согласуется с данными антропологии (саянский и катангский антропологические типы), но не подтверждает ни одну из этнографических версий этногенеза тувинцев (“самодийскую”, “монгольскую”, “тюркскую”). Совокупность результатов показывает, что архитектуру генофонда тувинцев наиболее полно отражает их родоплеменная структура, которую необходимо учитывать в популяционно-генетических исследованиях.

Ключевые слова: тувинцы, генофонд, Y-хромосома, SNP, родоплеменная структура, территориальная структура.

DOI: 10.31857/S0016675820060132

Горные хребты Алтая и Саян являются географической и генетической границей между популяциями сибирской тайги и центральноазиатских степей [1]. В то же время горная котловина Саяно-Алтая в разные времена была местом, где происходило взаимодействие племен и народов, говоривших на языках самодийской, енисейской,

тюркской, монгольской и тунгусской лингвистических групп [2]. Представителями генетических наследников этих племен являются современные тувинцы и тоджинцы, изолированно проживающие в горных Саянах и в верховьях Енисея на границе с Монголией.

Отличительной чертой тувинцев (чья численность составляет более 260 тыс. человек, согласно

Равное авторство.

<http://www.gks.ru/>) по сравнению со многими другими коренными народами Сибири является высокая брачная этническая ассортативность [3]. Однако при высоком уровне инбридинга, рассчитанного изонимным методом, его неслучайная компонента в популяциях с большим накоплением общих фамилий может указывать на избегание тувинцами эндогамных браков. Эту гипотезу подтверждают высокие значения генетического разнообразия по классическим маркерам [4], аутомным микросателлитным и *Alu*-повторам [5], мтДНК [6] и *Y*-хромосоме [7].

Как и у большинства тюркоязычных популяций Евразии, родоплеменная система тувинцев состоит из патрилокальных групп (родов, кланов), традиционно отслеживавших патрилинейность и практиковавших экзогамные браки. Устойчивость родоплеменной системы в качестве социального института отражена в этнографической истории тувинцев [2], однако сложная политическая история тувинцев внесла значительные изменения в традиционный уклад их жизни. В течение продолжительного периода своей истории (1757–1912 гг.) тувинцы находились в составе Цинской империи, военно-административные единицы которой включали множество родов. В XX в. (1912–1944 гг.) тувинцы отделились от Китая в составе Монголии, сохранив основу родовой организации [8]. При паспортизации населения после вступления Тувы в состав СССР (1944 г.) в качестве фамилии использовалось имя человека, а в качестве имени — его родоплеменное название. Поэтому стандартная процедура определения родовой принадлежности по фамилии для тувинцев малопригодна и реконструируется с помощью генеалогии и информантов. Родоплеменная структура эффективно отражает архитектуру генофонда и демографическую историю населения, что было неоднократно и независимо показано для разных регионов Северной Евразии: Средней Азии [9, 10], Урала [11] и Сибири [7, 12]. В основе ее эффективности лежит принцип наследования “от отца к сыну” и “принадлежности к роду”, что соответствует *Y*-хромосомному типу наследования.

Полиморфизм *Y*-хромосомы тувинцев ранее изучался [7, 13] без учета родоплеменной структуры. Генетические исследования полиморфизма *Y*-хромосомы были проведены лишь для ограниченного количества тувинских родов (монгуш, ооржак, кол, оюн и хертек) [14, 15], и существовала необходимость более глубокого генетического изучения тувинских родов. По этой причине целью настоящего исследования является анализ родоплеменной структуры тувинцев по маркерам *Y*-хромосомы и решение вопроса: насколько гене-

тическая архитектура генофонда тувинцев структурирована родоплеменной (роды) или же административно-территориальной (кожууны) организацией.

Материалом для исследования послужили 545 образцов венозной крови тувинцев (включая тоджинцев) из шести кожуунов Тувы (рис. 1): Барун-Хемчикского ($N = 89$), Тандынского ($N = 90$), Тере-Хольского ($N = 90$), Тоджинского ($N = 90$), Чаа-Хольского ($N = 94$), Эрзинского ($N = 92$). Образцы собраны согласно принципам организации Биобанка Северной Евразии [16] под контролем Этической комиссии Медико-генетического научного центра. Геномная ДНК выделена методом фенол-хлороформной экстракции. Все образцы генотипированы по единой панели 52 SNP-маркеров *Y*-хромосомы (M130, M217, F2613, CTS4021, M407, Z12266, F2386, F1788, F3918, F3830, F3791, M48, M86, M174, M69, M170, M253, M223, P37, M304, M267, M172, M47, M67, M92, M12, M9, M20, M231, LLY22g, M178, L708, L666, VL29, F4205, P31, M119, M122, M242, M120, M378, M207, M198, M458, M343, L23, L51, Z2103, M73, M269, M124, M70) методом ПЦР в реальном времени с использованием TaqMan зондов. Номенклатура гаплогрупп дана согласно ISOGG (<https://isogg.org>), для субветвей гаплогруппы N — согласно [17]. Для сравнительного анализа привлечены данные [7, 14, 15]. По частотам гаплогрупп рассчитаны генетические расстояния Нея [18] с помощью программы DJgenetic (www.genofond.ru). Визуализация итогов проведена методом многомерного шкалирования в программе Statistica 6.0 (StatSoft Inc., 2001). Генетическая дифференциация популяций оценена методом AMOVA и тестом Мантеля в программе Arlequin 3.5.1.3 [19].

Среди обследованных тувинцев ($N = 545$) было обнаружено 32 рода, из которых большинство (22) очень редки: каждый из них занимает менее 3% выборки, по этой причине из дальнейшего генетического анализа они были исключены. Треть родов ($N = 10$) охватывает три четверти (74%) общей выборки тувинцев, в табл. 1 даны генетические портреты этих десяти родов по SNP-маркерам *Y*-хромосомы. Однако около 40% тувинцев из десяти наиболее частых родов относится к двум родам — кыргыс (20%) и монгуш (18%), а представители каждого из остальных восьми родов (ак, бараан, иргит, кол, ооржак, оюн, хертек, чооду) встречаются в популяции с частотой 4–6%.

Основная часть генофонда тувинцев (87%) представлена восемью *Y*-гаплогруппами с частотами более 5%: Q (21%), N2a (20%), R1a1a* (16%), N3a5 (9%), C2a1a2a (6%), C2a1a3 (5%), C2b1a1a1a

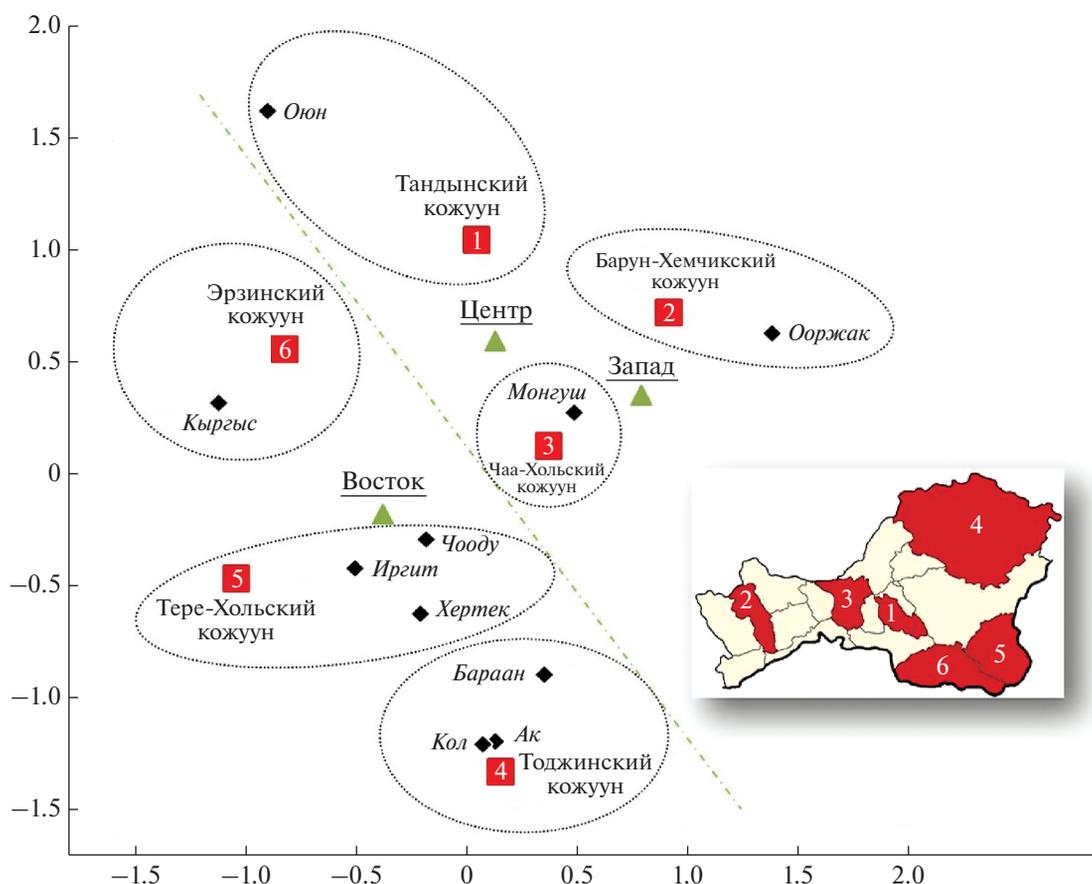


Рис. 1. Положение тувинских родов и географических популяций в пространстве многомерного шкалирования на основе матриц генетических расстояний по частотам гаплогрупп Y-хромосомы. Величина стресса – 0.079, алиенация – 0.098. Названия родов даны курсивом и выделены ромбиками. Треугольниками показаны популяции из работы В.Н. Харьков и др. [7].

(5%), N3a* (5%). Однако при учете родоплеменной структуры обнаруживается дифференциация: только три наиболее частые гаплогруппы (Q, N2a, R1a1a*) встречаются во всех десяти родах. Важно, что частота гаплогруппы N2a во всех родах составляет не менее 10%, что может указывать на сохранение во всех десяти родах субстрата самодийских племен. В целом, несмотря на высокое генетическое разнообразие тувинцев ($HD = 0.87$), генетические портреты большинства родов свидетельствуют о наличии эффекта основателя. Мажорные гаплогруппы охватывают не менее трети Y-генофонда каждого рода: гаплогруппа Q – у родов ак (52%), кол (53%), бараан (43%), иргит (30%), хертек (30%); гаплогруппа R1a1a* – у оюн (48%); гаплогруппа N2a – у чооду (32%); гаплогруппа N3a* – у ооржак (32%). Исключением являются только два самых многочисленных рода – кыргыз ($HD = 0.86$) и монгуш ($HD = 0.89$): их огромная гетерогенность указывает на то, что они являются конгломератами более мелких родов. В

целом, генетические портреты родов указывают на то, что родоплеменная структура формирует архитектуру генофонда тувинцев.

Для решения вопроса о соотношении ролей родоплеменной и административно-территориальной организации в архитектуре генофонда тувинцев проведен анализ молекулярной дисперсии (AMOVA). Для этого одни и те же образцы были сгруппированы двумя способами: по их принадлежности к десяти наиболее крупным родам и по месту их рождения – географическим популяциям (шесть кожуунов). Метод AMOVA указывает на практически равную роль обоих факторов: принадлежности к роду (5.2%) и принадлежности к кожууну (6.8%).

Однако корреляционный тест Мантеля (табл. 2) четко указывает, что роль родоплеменной структуры является ключевой. В этом виде анализа были рассчитаны три матрицы: (1) матрица генетических расстояний между кожуунами (территориальными единицами Тувы); (2) матрица географических

Таблица 1. Частоты гаплогрупп Y-хромосомы в тувинских родах

Гаплогруппа Y-хромосомы	Родоплеменные группы тувинцев										
	Тувинцы N = 405	ак N = 23	бараан N = 21	иргит N = 20	кол N = 25	кыргыс N = 109	монгуш N = 98	ооржак N = 28	оюн N = 29	хертек N = 30	чооду N = 22
C2*-M217	0	0	0	0	0	0.01	0	0	0	0	0
C2a1a1b1a-F3830	0	0	0	0	0	0.02	0	0	0	0	0
C2a1a2a-M86	0.06	0.04	0.05	0	0	0.05	0.14	0.04	0	0	0.05
C2a1a3-F3791	0.05	0	0	0.15	0	0.11	0	0.07	0.03	0.03	0.09
C2b1a*-CTS4021(xM407)	0	0	0	0	0	0.01	0	0	0	0	0
C2b1a1a1a-M407	0.05	0	0	0.05	0	0.17	0	0	0	0.03	0.09
C2b1b-F845	0	0	0	0	0	0.02	0	0	0	0	0
D-M174	0.01	0	0	0	0	0.03	0	0	0	0	0
I1-M253	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03	0
J2*-M172(xM12,M47,M67)	0.01	0	0	0	0	0.01	0	0	0.07	0.03	0
N2a-L666	0.20	0.22	0.24	0.20	0.24	0.16	0.21	0.14	0.24	0.20	0.32
N3*-M178(L708)	0	0	0	0	0	0.01	0.01	0	0	0	0
N3a*-L708(xF4205,VL29)	0.05	0	0	0	0	0.01	0.09	0.32	0	0	0
N3a5-F4205	0.09	0.13	0.14	0.10	0.08	0.04	0.12	0.14	0	0.10	0.09
N3a3-VL29	0	0	0.05	0	0.04	0	0	0	0	0	0
O1a-M119	0.03	0	0	0.05	0	0.06	0	0	0	0.10	0.05
O2-M122	0.02	0	0	0	0.04	0.02	0.03	0.04	0.03	0.03	0.05
Q-M242	0.21	0.52	0.43	0.30	0.52	0.11	0.16	0.07	0.03	0.30	0.23
R1a1a*-M198(xM458)	0.16	0.04	0.05	0.15	0.04	0.17	0.18	0.14	0.48	0.13	0.05
R1b*-M343(xM269)	0.01	0	0	0	0	0	0.03	0.04	0.07	0	0
R1b1a1b1*-L23(xL51,Z2103)	0	0	0.05	0	0.04	0	0	0	0	0	0
R1b1a1b1a-L51	0	0	0	0	0	0.01	0	0	0	0	0
R1b1a1b1b-Z2103	0	0	0	0	0	0	0	0	0.03	0	0
R2a-M124	0	0	0	0	0	0	0.01	0	0	0	0
T1a-M70	0	0.04	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Разнообразие (HD)	0.87 ± 0.01	0.69 ± 0.08	0.77 ± 0.07	0.85 ± 0.05	0.69 ± 0.08	0.89 ± 0.01	0.86 ± 0.01	0.85 ± 0.04	0.72 ± 0.07	0.85 ± 0.04	0.85 ± 0.05

Таблица 2. Корреляции между матрицами генетических расстояний, географических расстояний и расстояний по частотам квазигенетических маркеров между популяциями тувинцев

Матрицы расстояний	Коэффициент корреляции	<i>P</i> -значение
Генетика и география*	0.33	0.12
Генетика и родоплеменная структура*	0.54	0.04
Генетика и география (без влияния родоплеменной структуры)**	0.24	0.21
Генетика и родоплеменная структура (без влияния географии)**	0.50	0.04

* Коэффициент парной корреляции; ** частной корреляции.

расстояний (в километрах) между кожуунами; (3) матрица квазигенетических расстояний (родоплеменной структуры). При расчете матрицы квазигенетических расстояний каждый род традиционно рассматривается как аналог одного аллеля нейтрального мультиаллельного локуса (квазигенетического маркера) [20]. Корреляционный анализ этих трех матриц убедительно показал, что корреляция между генетикой и родоплеменной структурой велика и достоверна ($r = 0.50$; $P < 0.05$), в то время как корреляция между генетикой и географией в два раза меньше и недостоверна (средняя $r = 0.25$; $P > 0.05$).

Различие между результатами AMOVA и теста Мантеля становится понятным при рассмотрении положения тувинских родов и кожуунов в пространстве многомерного шкалирования (рис. 1). Мы видим, что четыре наиболее многочисленных кожууна являются “моноклановыми” кластерами, в их населении превалирует один род. И лишь два кожууна (Тоджинский и Тере-Хольский) в равном соотношении включают представителей трех разных родов. Роды кол и ак являются генетически самыми близкими друг к другу среди всех прочих, что указывает на их схожий генезис. Каждому кожууну соответствуют генетически близкие роды, которые преимущественно проживают в данном кожууне.

Выделение на графике многомерного шкалирования Западного (включающего Запад и Центр) и Восточного кластеров показывает хорошее согласование данных генетики и антропологии: для западных тувинцев характерен саянский вариант центральноазиатского типа североазиатской расы;

для восточных тувинцев, отличающихся большей изолированностью, — катангский вариант байкальского типа североазиатской расы [21].

Совокупность же гуманитарных данных — этнографических, исторических и лингвистических — не позволяет сформировать единое представление о генезисе родоплеменных групп [22]. График многомерного шкалирования (рис. 1) не согласуется ни с одной из наиболее распространенных гипотез этногенеза тувинцев — “самодийской”, “монгольской” и “тюркской” [2]. Поэтому для решения вопросов происхождения тувинских родов необходимы дальнейшие междисциплинарные исследования, в которых генетики и представители гуманитарных наук должны работать совместно.

Молекулярная генеалогия Y-хромосомы для родоплеменных групп довольно успешно применяется при решении этой задачи, как это было сделано ранее для тувинских родов — монгуш, ооржак, кол, оюн и хертек [14, 15]. В дальнейших исследованиях тувинских родов необходимо оценить, насколько в них выражен эффект основателя, и рассчитать генетическую близость между членами рода с использованием STR-маркеров и полных сиквенов Y-хромосомы, сопоставляя генеалогические, этнографические, исторические и лингвистические данные. Но вся совокупность полученных нами результатов однозначно указывает на то, что дальнейшее изучение генофонда тувинцев необходимо проводить с обязательным учетом их родоплеменной структуры.

Работа выполнена при финансовой поддержке РНФ № 17-1401345; в разделе формирования ДНК-коллекций — в рамках государственного за-

дания Министерства науки и высшего образования России для ИОГен РАН (тема 0112-2019-0001) и для Медико-генетического научного центра.

Все процедуры, выполненные в исследовании с участием людей, соответствуют этическим стандартам институционального и/или национального комитета по исследовательской этике и Хельсинкской декларации 1964 г. и ее последующим изменениям или сопоставимым нормам этики.

От каждого из включенных в исследование участников было получено информированное добровольное согласие.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Choongwon J., Balanovsky O., Lukianova E. et al.* The genetic history of admixture across inner Eurasia // *Nat. Ecol. Evol.* 2019. <https://doi.org/10.1038/s41559-019-0878-2>
2. *Сердобов Н.А.* История формирования тувинской нации. Кызыл: Тув. кн. изд-во, 1971. 482 с.
3. *Пузырев В.П., Эрдыниева Л.С., Кучер А.Н.* Генетико-эпидемиологическое исследование населения Тувы. Томск: STT, 1999. 256 с.
4. *Кучер А.Н., Ондар Э.А., Степанов В.А и др.* Тувинцы: гены, демография, здоровье. Томск: Печатная мануфактура, 2003. 232 с.
5. *Степанов В.А.* Этногеомика населения Северной Евразии. Томск: Печатная мануфактура, 2002. 244 с.
6. *Голубенко М.В., Еремина Е.Р., Тадинова В.Н. и др.* Распространенность европеоидных и монголоидных гаплогрупп митохондриальной ДНК у народов Сибири и Средней Азии // *Генофонд населения Сибири / Под ред. Коненкова В.И., Пузырева В.П., Воеводы М.И.* Новосибирск: Изд-во Ин-та археологии и этнографии СО РАН, 2003. С. 9–13.
7. *Харьков В.Н., Хамина К.В., Медведева О.Ф. и др.* Структура генофонда тувинцев по маркерам Y-хромосомы // *Генетика.* 2013. Т. 49. № 12. С. 1418–1420. <https://doi.org/10.7868/S0016675813120035>
8. *Маннай-оол М.Х.* Тувинцы. Происхождение и формирование этноса. Новосибирск: Наука, 2004. С. 99–166.
9. *Жабагин М.К., Сабитов Ж.М., Агджоян А.А. и др.* Генезис крупнейшей родоплеменной группы казахов – аргынов – в контексте популяционной генетики // *Вестн. Моск. ун-та. Сер. XXIII. Антропология.* 2016. № 4. С. 59–68.
10. *Схаляхо Р.А., Жабагин М.К., Юсупов Ю.М. и др.* Генофонд туркмен Каракалпакстана в контексте популяций Центральной Азии (полиморфизм Y-хромосомы) // *Вестн. Моск. ун-та. Сер. XXIII. Антропология.* 2016. № 3. С. 86–96.
11. *Юсупов Ю.М., Балановская Е.В., Жабагин М.К. и др.* Генофонд юго-западных башкир по маркерам Y-хромосомы: опыт междисциплинарного анализа // *Генетика.* 2018. Т. 54. ПРИЛОЖЕНИЕ. С. 95–98. <https://doi.org/10.1134/S001667518130222>
12. *Богун Ю.В., Жабагин М.К., Богун А.А. и др.* Генофонд коренных народов Дальнего Востока: генетическая реконструкция происхождения нанайских родов (бельды и самар) // *Генетика.* 2018. Т. 54. ПРИЛОЖЕНИЕ. С. 99–102. <https://doi.org/10.1134/S0016675818130052>
13. *Derenko M., Malyarchuk B., Denisova G. et al.* Contrasting patterns of Y-chromosome variation in South Siberian population from Baikal and Altai Sayan regions // *Hum. Genet.* 2006. V. 118. P. 591–604. <https://doi.org/10.1007/s00439-005-0076-y>
14. *Дамба Л.Д., Балановская Е.В., Жабагин М.К. и др.* Оценка вклада монгольской экспансии в генофонд тувинцев // *Вавиловский журн. генет. и селекции.* 2018. Т. 22. № 5. С. 611–619. <https://doi.org/10.18699/VJ18.402>
15. *Дамба Л.Д., Балановская Е.В., Агджоян А.Т. и др.* Генофонд трех восточных родов тувинцев по данным полиморфизма Y-хромосомы // *Вестн. Моск. ун-та. Сер. XXIII. Антропология.* 2019. № 1. С. 74–85. <https://doi.org/10.32521/2074-8132.2019.1.074-085>
16. *Балановская Е.В., Жабагин М.К., Агджоян А.Т. и др.* Популяционные биобанки: принципы организации и перспективы применения в геногеографии и персонализированной медицине // *Генетика.* 2016. Т. 52. № 12. С. 1371–1387. <https://doi.org/10.7868/S001667581612002X>
17. *Plumäe A.M., Reidla M., Chukhryaeva M. et al.* Human Y chromosome haplogroup N: A non-trivial time-resolved phylogeography that cuts across language families // *Am. J. Hum. Genet.* 2016. V. 99. P. 163–173. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>
18. *Nei M.* *Molecular Population Genetics and Evolution.* Amsterdam: North-Holland Publ. Co., 1975. P. 288.
19. *Excoffier L., Lischer H.E.* Arlequin suite ver. 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows // *Mol. Ecol. Resour.* 2010. V. 10. P. 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
20. *Жабагин М.К., Балановский О.П., Сабитов Ж.М. и др.* Реконструкция структуры генофонда казахов по данным об их родорасселении // *Вавиловский журн. генет. и селекции.* 2018. Т. 22. № 7. С. 895–904. <https://doi.org/10.18699/VJ18.431>
21. *Аксянова Г.А.* Основные результаты расогенетических исследований в Туве в XX столетии // *Археология, этнография и антропология Евразии.* 2009. Т. 4. № 40. С. 137–144.
22. *Дамба Л.Д., Айыжы Е.В., Монгуш Б.Б. и др.* Комплексный подход в изучении родовой структуры тувинцев на примере родов ооржак и монгуш // *Вестн. Тув. гос. ун-та.* 2018. № 2. С. 37–44.

Analysis of Clan Structure of Tuvans by Y-Chromosome Markers

M. K. Zhabagin^{a, *}, L. D. Damba^{b, c}, N. A. Korotkova^{c, d}, D. N. Chernishenko^{c, e}, S. A. Utrivan^{c, e},
V. Yu. Pilev^c, M. V. Olkova^c, E. V. Balanovska^{c, d}, N. K. Yankovsky^e, and O. P. Balanovsky^{c, d, e}

^aNational Center for Biotechnology, Nur-Sultan, 010000 Kazakhstan

^bResearch Institute of Medical and Social Problems and Control of the Healthcare Department, Kyzyl, 667003 Russia

^cResearch Centre for Medical Genetics, Moscow, 115478 Russia

^dBiobank of Northern Eurasia, Moscow, 115201 Russia

^eVavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, 119991 Russia

*e-mail: mzhabagin@gmail.com

The data of the Y-chromosome polymorphism assessed the influence of two factors (tribal (clan) and administrative (kozhuuns) subdivision) on the structure of the gene pool of Tuvans. The 10 most common Tuvan clans (ak, baraan, irgit, khol, kyrgys, mongush, oorzhak, oyun, khertek, choodu) were included in this analysis. They cover two thirds of the total sample ($N = 545$) of Tuvans from six kozhuuns (Barun-Khemchiksky, Tandinsky, Tere-Kholsky, Todzhinsky, Chaa-Kholsky, Erzinsky). Genetic portraits of clans, created on the base of 52 SNP-markers of the Y-chromosome, revealed the founder effect for all clans, except two largest – kyrgyz and mongush. Making up one third of sample, these two clans are conglomerates. Analysis of molecular variance (AMOVA) indicates an equal degree of genetic separation of clans (5.2%) and kozhuuns (6.8%). But the Mantel test detects a high correlation ($r = 0.50$) between the genetic and clan structure against the low correlation ($r = 0.25$) between the genetic and geographical distances. The reason of the difference between the AMOVA and Mantel test lies in the fact that four most numerous kozhuuns are “monocline”, in whose one clan is prevailed, and only two kozhuuns (Todzhinsky and Tere-Kholsky) include representatives of three different clans. The selection of the western and eastern clusters on the graph of multidimensional scaling fits in well with the anthropological data (sayansky and katangsky anthropological types), but does not confirm any of the ethnographic versions of the Tuvan ethnogenesis (“Samoyedic”, “Mongolian”, “Turkic”). The sum of results indicates that the tribal structure most fully reflects the architectonics of the Tuvan gene pool, and for this reason it must be taken into account in population genetic research.

Keywords: Tuvans, gene pool, Y-chromosome, SNP, tribal structure, territorial structure.