
**ОБЗОРНЫЕ
И ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ СТАТЬИ**

УДК 575.174

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ЛИНИЙ Y-ХРОМОСОМЫ ДРЕВНИХ И СОВРЕМЕННЫХ САХА (ЯКУТОВ)

© 2023 г. С. А. Федорова^{1, 2, *}, В. Звенигорски³, А. Н. Алексеев^{1, 4}

¹Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова, Якутск, 677013 Россия

²Якутский научный центр комплексных медицинских проблем, Якутск, 677018 Россия

³Университет Страсбурга, Страсбург, 67081 Франция

⁴Институт гуманитарных исследований и проблем малочисленных народов Севера
Сибирского отделения Российской академии наук, Якутск, 677027 Россия

*e-mail: sardaanafedorova@mail.ru

Поступила в редакцию 19.09.2022 г.

После доработки 12.10.2022 г.

Принята к публикации 25.10.2022 г.

В обзоре представлены результаты палеогенетических исследований древнего населения Якутии эпохи средневековья. Рассмотрен спектр гаплогрупп и STR-гаплотипов Y-хромосомы 74 мужчин из якутских погребений XV–XIX вв. в сравнении с данными по современным этногеографическим группам якутов. Проведено сопоставление генетических реконструкций с историческими преданиями народа саха.

Ключевые слова: древняя ДНК, саха (якуты), Y-хромосома.

DOI: 10.31857/S001667582306005X, **EDN:** SSBTGC

Сравнение геномных последовательностей современных и древних людей играет центральную роль в понимании происхождения отдельных популяций, демографических тенденций и влияния на них различных заболеваний (процессов адаптации и давления естественного отбора). К настоящему времени наиболее успешно исследованы древние популяции Америки и Европы, в то время как по анализу ДНК древнего населения северо-востока Евразии известно небольшое количество публикаций, которые в основном касаются якутских погребений XV–XIX вв. [1–9].

Саха (якуты) — тюркоязычный народ Восточной Сибири, сумевший адаптироваться к суровым климатическим условиям Арктики традиционные для тюрков виды хозяйства — коневодство и разведение крупного рогатого скота. Прародина якутов по мнению большинства исследователей находится на территориях, прилегающих к оз. Байкал с запада. Начало миграции южных предков народа саха на север до сих пор является темой дебатов среди археологов. Одни авторы — сторонники относительно позднего переселения тюрков на Среднюю Лену начиная с XIII в. [10], другие склонны сдвинуть временные рамки появления скотоводческих племен на территории современной Якутии к X в. и даже ранее, вплоть до III–IV вв. н.э. [11, 12]. У якутов выделяют несколько этногеографических групп, различающихся территорией

расселения, особенностями языка и культуры: центральную (амгино-ленскую), вилюйскую и северную. В хозяйстве центральных и вилюйских якутов ярко представлен скотоводческий комплекс, у северных якутов помимо разведения лошадей и коров развито оленеводство.

Интенсивные археологические исследования древних погребений якутов с участием палеогенетиков начались с 2002 г. членами Саха-Французской экспедиции Якутского государственного университета им. М.К. Аммосова (с 2011 г. Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова). Объектом изучения являлись, с одной стороны, сопроводительный материал (артефакты) и, с другой стороны, человеческие и животные костные останки, погребенные в слое вечной мерзлоты. В результате этих исследований вначале были опубликованы статьи по генетическому анализу 11 останков из якутских погребений XVII и XVIII вв. [1–3], позднее проведен анализ останков 58 человек из могильников Центральной Якутии [4] и 130 человек из погребений Амгино-Ленского междуречья, Вилюя и Верхоянья [6]. Эти опубликованные данные наряду с новыми, полученными в ходе раскопок в последние годы [8], позволили осуществить анализ ДНК 74 мужчин из древней популяции якутов и провести междисциплинарное исследование палеогенетических, исторических и археологических данных с использовани-

Таблица 1. Частоты гаплогрупп Y-хромосомы в древних и современных субпопуляциях якутов

Гаплогруппа	Древние			Современные					
	ЦЯ ¹ n = 46	ВЯ ¹ n = 9	СЯ ¹ n = 19	ЦЯ ¹ n = 89	ЦЯ ² n = 92	ВЯ ¹ n = 77	ВЯ ² n = 58	СЯ ¹ n = 85	СЯ ² n = 66
N3(M1982)	91.3	88.9	94.7	92.1	85.9	85.7	93.1	82.4	71.2
Ht1	43.5	77.8	47.4	32.6	—	13.0	—	40.0	—
Ht3	2.2	11.1	0	4.5		19.5		3.5	
Ht2	10.9	0	0	30.3		7.8		0	
N2(CTS6380)	2.2	11.1	0	1.1	0	1.3	0	5.9	0
N2(B478)	—	—	—	—	2.2	—	0	—	10.6
C3*(M217)	4.3	0	0	3.4	0	2.6	0	2.4	3.0
C3*(F3985)	0	0	5.3	0	0	0	0	0	—
C3c(M48)	—	—	—	—	0	—	3.4	—	6.1
C3d(M407)	—	—	—	—	1.1	—	0	—	4.5
O(P49)	0	0	0	0	0	2.6	0	0	0
I1(M253)	0	0	0	0	2.2	1.3	1.7	0	0
I2a(L621)	0	0	0	1.1	0	2.6	0	1.1	0
J2a1(Z7671)	0	0	0	0	0	0	0	1.1	0
R1a	0	0	0	1.1	0	3.9	0	5.9	0
R1a1*(M198)	0	0	0	—	4.3	—	1.7	—	4.5
R1a1a7(M458)	0	0	0	—	2.2	—	0	—	0
R1b1b2(M269)	0	0	0	0	2.2	0	0	1.1	0
н.и.	2.2	0	0	1.1	0	0	0	0	0

Примечание. ЦЯ — центральные якуты, ВЯ — вилюйские якуты, СЯ — северные якуты (¹ [8], ² [13, 14]). Образцы древней ДНК были генотипированы по 17 STR-локусам набора Y-Filer AmpFLSTR, принадлежность STR-линий к гаплогруппам определена с использованием предиктора Nevgen Y-ДНК (www.nevgen.org). Гаплогруппы азиатского происхождения выделены серым цветом. Обозначения ветвей гаплогруппы N соответствуют филогенетической номенклатуре, использованной в работе [15]. н.и. — гаплогруппы не идентифицированы; “—” — гаплогруппы не тестировали по указанным маркерам.

ем различных подходов с целью понять эволюцию культурных норм и общественной структуры народа саха на протяжении последних пяти веков.

В данном обзоре описаны результаты исследований разнообразия линий Y-хромосомы у древних якутов [1–8] в сравнении с данными по современным популяциям [8, 13, 14].

ОСОБЕННОСТИ СТРУКТУРЫ ГЕНОФОНДА СОВРЕМЕННЫХ САХА (ЯКУТОВ) ПО ЛИНИЯМ Y-ХРОМОСОМЫ

Структура генофонда современных якутов к настоящему времени хорошо изучена. Отличительной и наиболее яркой особенностью якутского этноса является доминирование мужчин с гаплогруппой N3(M1982) (от 71 до 93% в различных этногеографических группах), среди которых

в результате эффекта основателя выделяются носители одного STR-гаплотипа (Ht1) [8, 13–17] (табл. 1). Помимо доминирующей N3(M1982) в мужском генофонде якутов были обнаружены в небольшом количестве (от 1 до 6%) и другие азиатские гаплогруппы: N2(B478) (характерна для популяций Западной и Южной Сибири), C3*(M217) и C3c(M48) (в большей степени распространены среди тунгусоязычных этносов) и C3d(M407) (обнаружена у народов Южной Сибири — бурятов, телеутов, тувинцев, сойотов, монголов, хамниган). Доля линий западноевразийского происхождения (R1a1*, R1a1a7, R1b1b2, J2a1 и I1) составляет от 3 до 11% в различных популяционных выборках (табл. 1).

Популяции якутов отличаются низкой генетической гетерогенностью: степень генетических различий между тремя этногеографическими груп-

Таблица 2. Мажорные гаплотипы Y-хромосомы в древней популяции якутов [8]

Гаплотип	DYS456	DYS389 I	DYS390	DYS389 II	DYS458	DYS19	DYS385a	DYS385b	DYS393	DYS391	DYS439	DYS635	DYS392	GATA_H4	DYS437	DYS438	DYS448
Ht1	14	14	23	32	16	14	11	13	14	11	10	22	16	12	14	11	19
Ht2	14	14	23	31	16	14	11	13	14	11	10	22	15	12	14	11	19
Ht3	14	14	23	31	16	14	11	13	14	11	10	22	16	12	14	11	19

пами саха по Y-хромосоме составляет всего 4.1% [16]. Оценка генетических взаимоотношений показала более тесное генетическое родство центральных и вилюйских якутов и отдаленность от них северных. У северных якутов снижена частота гаплогруппы N3 (71–82%) и обнаружены более высокие частоты гаплогрупп, характерных для коренных малочисленных этносов Якутии – юкагиров, эвенов и эвенков (C3*, C3c) (табл. 1).

Из народов, проживающих в сопредельных с Якутией регионах, по своим генетическим характеристикам к якутам более близки народы Южной Сибири – прежде всего буряты и тувинцы, а также алтайцы, хакасы и монголы [14].

СПЕКТР ГАПЛОГРУПП Y-ХРОМОСОМЫ ДРЕВНИХ САХА

Степень изученности отдельных этнотерриториальных групп древних саха существенно различается: наибольшее количество генетических данных получено для центральных якутов Лено-Амгинского междуречья ($n = 46$); вилюйские ($n = 9$) и северные якуты ($n = 19$) исследованы в меньшей степени [8]. Тем не менее установлено, что во всех трех группах древних якутов наблюдается крайне низкий уровень разнообразия линий Y-хромосомы и необычайно высокая частота гаплогруппы N3 (от 89 до 95%) (табл. 1), что полностью соответствует данным по современным популяциям и указывает на стабильность генетических характеристик мужского генофонда якутов в течение последних столетий. Кроме N3, в древних популяциях центральных и вилюйских якутов были идентифицированы линии гаплогруппы N2(CTS6380), а у центральных и северных якутов – единичные линии гаплогруппы C3*(M217), которые встречаются во всех трех этногеографических группах современных саха.

В выборке древних якутов не обнаружено ни одной линии западноевразийского происхождения, которые в современных популяциях представлены хотя и в небольшом количестве, но достаточно разнообразным спектром линий (табл. 1). Ранее нами было высказано предположение, что западноевразийские линии R1a1a7, R1b1b2 и I1 были привнесены в генофонд якутов русскоязычными этносами, заселившими территорию Якутии начи-

ная с XVII в., а линии J2a1 и R1a1*, широко распространенные на прародине народа саха в Южной Сибири, имеют более древнее происхождение, связанное с доэтническим этапом формирования якутов как отдельного народа [13, 14]. Полное отсутствие западноевразийских линий Y-хромосомы в исследованной выборке древних якутов либо может указывать на тотальное ограничение браков женщин-саха с европейцами вплоть до XIX в., либо может объясняться эффектом выборки – малочисленностью образцов или избирательностью мужских грунтовых захоронений, из которых был собран материал исследования, что, по нашему мнению, более вероятно.

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ STR-ГАПЛОТИПОВ ДРЕВНИХ ЯКУТОВ

При типировании Y-хромосом древних якутов по 17 STR-маркерам в общей выборке ($n = 74$) идентифицирован 21 гаплотип, из которых доминировали два N3-гаплотипа, распространенных также в современных популяциях: Ht1, носителями которого являются большинство мужчин, и эволюционно более древний гаплотип Ht2, более характерный для центральных якутов (табл. 1, 2). Кроме того, в древней популяции был обнаружен гаплотип Ht3, в большей степени распространенный у вилюйских якутов (как древних, так и современных) [8]. Сравнительный анализ древних STR-гаплотипов с линиями современных якутов показал, что они либо идентичны, либо находятся в тесном родстве и различаются не более чем на три мутации.

При поиске сходных гаплотипов в базе данных, содержащей более 200000 как современных, так и древних Y-STR-гаплотипов, эволюционно близкие к якутским N3-гаплотипы были найдены у древних тюрков и монголов и у современных бурят [8]. N2-гаплотип, общий для двух индивидов из Центральной Якутии и Вилюйского региона, захороненных до XVII в., обнаружен у современных хакасов, древних тюрков и монголов. Гаплотип C*(M217) двух недатированных индивидов, похороненных в Центральной Якутии, был найден у современных бурят и более чем у 100 современных монголов, и не обнаружен в базе данных

Таблица 3. Частоты гаплогрупп Y-хромосомы в древней популяции якутов по временным периодам [8]

Гаплогруппа	до 1700 г n = 21	XVIII в. n = 32	XIX в. n = 17	XXI в. n = 251
N3(TAT)	85.7	100	100	86.9
Ht1	33.3	65.6	47.1	29.1
Ht2	0	9.4	11.8	13.1
Ht3	9.5	0	0	8.8
другие	42.9	25.0	41.1	35.9
N2(CTS6380)	9.5	0	0	2.8
C3(M217)	0	0	0	2.8
C3*(F3985)	4.8	0	0	0
O(P49)	0	0	0	0.8
I1(M253)	0	0	0	0.4
I2a(L621)	0	0	0	1.6
J2a1(Z7671)	0	0	0	0.4
R1a	0	0	0	3.6
R1b1b2(M269)	0	0	0	0.4
н.и.	0	0	0	0.4

Примечание. н.и. — гаплогруппы не идентифицированы.

по древним гаплотипам. Гаплотип мужчины, похороненного в Верхоянске до XVII в., C3*(F3985) не был обнаружен ни в одной современной популяции, но филогенетически близкие линии найдены у шести древних индивидов из европейской степи, что, возможно, указывает на алтайское происхождение этой вымершей линии.

Таким образом, данные филогенетического анализа древних STR-гаплотипов полностью коррелируют с результатами исследований генома современных популяций, которые указывают на южносибирское происхождение якутов к западу от Байкала в Восточно-Саянском регионе и на генетическую близость саха к народам Южной Сибири [14, 17].

ИЗБИРАТЕЛЬНОСТЬ МУЖСКИХ ГРУНТОВЫХ ЗАХОРОНЕНИЙ ЯКУТОВ В XVIII–XIX вв.

В табл. 3 представлены частоты гаплогрупп Y-хромосомы в древней популяции якутов, разделенной по временным периодам: 21 образец датирован временем до 1700 г., 32 образца относятся к XVIII в., 17 образцов — к XIX в., четыре — не датированы [8].

Распределение гаплотипов по периодам (до 1700 г., 1700–1800 гг., 1800–1900 гг. и после 2000 г.) показало доминирование гаплотипа Ht1 в любом из указанных периодов времени. В образцах XVIII в.

Ht1 присутствует в абсолютном большинстве (>60%) археологических образцов. Линия Ht2, более характерная для центральных якутов, не обнаружена в погребениях до XVIII в., но впоследствии становится вторым по распространенности гаплотипом у мужчин-саха. Линия Ht3, распространенная в большей степени у вилюйских якутов, обнаружена в двух образцах, датированных временем до 1700 г., но отсутствует в погребениях XVIII–XIX вв., хотя в современной популяции она является третьей по распространенности.

Разнообразие STR-гаплотипов в XVIII–XIX вв. по сравнению с более древним (до 1700 г.) и современным периодами оказалось значительно ниже ожидаемого, в могилах XVIII–XIX вв. были обнаружены в основном носители Ht1 и Ht2 (табл. 3). Сниженный уровень разнообразия STR-гаплотипов указывает на то, что мужские захоронения были избирательными и это были главным образом представители доминирующей линии Ht1. Проведенные палеогенетиками тесты показали, что гипотетическое разнообразие гаплотипов в XVIII–XIX вв. должно было быть значительно выше наблюдаемых значений, следовательно доминирование линии Ht1 (и, возможно, Ht2) в археологическом материале является аномальным и не может быть результатом случайных захоронений в демографической истории этноса [8].

Следует отметить, что якутские погребения до конца XVII в. — это не традиционные кладбища, где обычно хоронят умерших, такая практика фактически не существовала в средневековой Якутии, где рытье могил для захоронения — сложная и трудоемкая задача из-за вечной мерзлоты. Погребальные памятники представлены одиночными грунтовыми могилами, которые располагаются на расстоянии десятков километров друг от друга. В силу объективных трудностей наиболее распространенным способом захоронения вплоть до массовой христианизации, т.е. до середины XVIII в., было так называемое воздушное захоронение — помещение тела в гроб, установленный на двух или четырех столбах (арангас). Тела покойников в таких арангасах обычно полностью разлагались всего за несколько лет. До конца XVII в. существовал также обычай кремации покойников [18]. В научной литературе высказывались противоречивые точки зрения о происхождении грунтового способа захоронения. Многие исследователи считали его навязанным русской администрацией в период христианизации якутов. Однако серия грунтовых погребений, датируемых ранее XVII в., дает основание отнести их к местным практикам захоронения [19].

Избирательность мужских грунтовых захоронений в XVIII–XIX вв. возможно свидетельствует о культурном влиянии русских на некоторые якутские роды после вхождения территории Яку-

тии в состав Российской империи в XVII в. [8]. В Центральной Якутии в этот период хоронили носителей линий Ht1 и Ht2. Линия Ht3 до прихода русских уже присутствовала, но ни один из ее носителей не был обнаружен в погребениях периода 1700–1900 гг., даже в Вилюйском регионе, где эта линия доминирует в настоящее время. Представителей линии Ht3, по-видимому, не хоронили в период господства линии Ht1 либо потому, что ее носители меньше сталкивались с русской культурой, либо потому, что им было отказано в привилегии быть захороненными, либо они предпочитали быть похороненными другим способом.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ДАННЫЕ В СРАВНЕНИИ С ИСТОРИЧЕСКИМИ ПРЕДАНИЯМИ НАРОДА САХА

Согласно историческим преданиям народа саха преобладающая часть крупных якутских родов (хангаласцы, мегинцы, батурсцы, борогонцы и др.) произошли от прародителя Эллэя [20, 21]. Эллэй Боотур этнически позиционируется в преданиях как сын татарского царя Татаар Таймы, который под напором врагов бежал с юга на Среднюю Лену. В долине Туймаада он встретил Омогой Баая – владельца многочисленной челяди и огромного количества коров и лошадей. От Эллэя и старшей дочери Омогой Баая родились множество сыновей (от 4 до 11 согласно разным вариантам легенды), от которых произошли большинство якутских родов [21]. По мнению этнографа Г.В. Ксенофонтова описанная в преданиях история народа саха может быть сравнима с историей еврейского народа, который согласно Ветхому Завету произошел от одного прародителя (Иакова, внука Авраама) и подразделялся по мужской линии на 12 колен Израилевых [22]. От Омогой Баая согласно некоторым единичным легендам происходят батутинцы, намцы, баягантайцы [20, 21, 23, 24]. Кроме того, часть родов народа саха (хоринцы или хоролоры) связывают с именем третьего прародителя Улуу Хоро, явившегося в Якутию с низовьев Амура верхом на быке [23, 24].

В ранних исследованиях нами было отмечено соответствие генетических данных историческим преданиям народа саха: выраженный эффект N3-основателя у современных якутов указывает на то, что в предковой популяции преобладали мужчины одного рода, прародителем которого мог быть человек, относящийся к верхушке социальной иерархии, у которого было много сыновей [13]. С другой стороны, демографические модели показывают, что доминирование какого-либо гаплотипа в популяции может быть не связано с какой-либо исторической личностью, имевшей социальные и культурные привилегии, но скорее является результатом естественного отбора [25].

В случае якутской популяции было проведено генетическое исследование с целью определить действительно ли существование конкретных исторических и/или описанных в преданиях якутских правителей может быть связано с событиями последних столетий в генетической истории этноса. В работе В. Звенигороски и соавт. [8] описан редкий пример исследования древней ДНК для установления личности отдельных индивидов и их роли в эволюции культуры и системы власти в Якутии в недавнем прошлом. В генетических исследованиях останков знатных людей из богатых захоронений в Центральной Якутии было доказано, что род Мазары Бозекова, предводителя хангаласцев, имел гаплотип Ht1. Известно, что Мазары Бозеков был внуком Тыгын Дархана, правителя якутов в конце XVI–первой трети XVII в., который в свою очередь, согласно преданиям, был прямым потомком Эллей Боотура. Таким образом, результаты генетического анализа подтвердили существование связи между линией Тыгын Дархана/Эллей Боотура и гаплотипом Ht1 [8].

У центральных якутов Лено-Амгинского междуречья (как древних, так и современных) доминируют две мужские линии: в большей степени Ht1 (гаплотип Тыгын Дархана/Эллей Боотура) и в меньшей – Ht2 (табл. 1). У северных якутов Ht1 имеет наибольшие частоты (47% в древней популяции, 40% в современной), тогда как Ht2 распространен с низкой частотой. Третий гаплотип Ht3 преобладает у вилюйских якутов. Поскольку в якутской этнографии предполагается существование трех якутских предков-основателей (Эллей, Омогой и Улуу Хоро), было высказано предположение, что эволюционно более древний гаплотип Ht2, распространенный в Центральной Якутии, может быть связан с Омогоем, а “вилюйский” гаплотип Ht3 – с Улуу Хоро, этнонимы которого часто встречаются у западных якутов [8]. По преданиям Улуу Хоро прибыл вначале в Центральную Якутию, откуда его потомки ушли на запад под натиском хангаласского вождя Тыгын Дархана и основали свои наследи в Верхневилуйском и Сунтарском улусах [26]. Однако гипотеза о связи Ht3 с потомками Улуу Хоро является дискуссионной и подлежит проверке по мере накопления новых генетических сведений. Распространение и доминирование гаплотипа Ht1 в XVIII–XIX вв., по мнению В. Звенигороски и соавт., является непосредственным результатом консолидации власти в Якутии вокруг рода хангаласцев, проживавших на довольно ограниченной территории в Центральной Якутии и на Вилюе в XVII в., но уже век спустя продвинувшихся до далеких северо-восточных районов.

Следует отметить, что в случае Омогой и Улуу Хоро прямых доказательств их связей с линиями Ht2 и Ht3 не получено и гипотеза В. Звенигороски основана на географическом распределении

могил и современных гаплотипов. По его мнению, Омогой мог быть легендарным прародителем мужских кланов, имеющих гаплотип Ht2, побежденных кланом Тыгына еще до прихода русских. Улуу Хоро мог представлять собой главу западного клана или племени (с гаплотипом Ht3), также находившегося в конфликте с Тыгыном Дарханом, запретившим их захоронения во время господства его сыновей и внуков [8]. С точки зрения Э. Крюбези, эти генетические реконструкции совместимы с некоторыми легендами о том, что Тыгын Дархан был потомком самого Элley Боотура и что он враждовал с потомками Омогой (намцами, баягантайцами и хоринцами, включая западные вилюйские кланы) [8, 27].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Сравнительный ДНК-анализ древней и современной якутской популяции показал преемственность линий Y-хромосомы и относительную стабильность характеристик мужского генофонда якутской популяции в течение последних веков. STR-гаплотипы древних и современных мужчин саха оказались либо идентичны, либо находились в тесном родстве. Филогенетически близкие к якутским STR-гаплотипы найдены у древних тюрков и монголов, современных бурят, монголов и хакасов, что указывает на тесные генетические связи саха с народами Южной Сибири по отцовским линиям.

Палеогенетическое исследование древней популяции якутов позволило установить, что в XVIII–XIX вв. выбор мужчин для грунтовых захоронений в значительной степени был неслучаен и определялся общественными предпочтениями. При детальном анализе N3-линий Y-хромосомы в древней и современной популяциях якутов были выявлены три доминирующих гаплотипа: Ht1, носителями которого является большинство мужчин; Ht2, распространенный в центральной части Якутии; и Ht3, преобладающий на западе Якутии в Вилюйском регионе. Распределение гаплотипов по четырем периодам (до 1700 г., 1700–1800 гг., 1800–1900 гг. и после 2000 г.) показывает доминирование гаплотипа Ht1 во все изученные периоды времени. Результаты исследований подтверждают существование связи между линией могущественного вождя якутов Тыгын Дархана, потомка Элley Боотура, и гаплотипом Ht1. По данным ДНК-анализа установлено, что члены других крупных древних кланов, предположительно связанные с именами двух других легендарных прародителей народа саха – Омогой (Ht2) и Улуу Хоро (Ht3), реже подвергались грунтовым захоронениям, хотя проживали в тех же регионах.

Таким образом, совместные исследования археологов и генетиков позволили частично реконструировать генетическую историю народа саха в

Восточной Сибири. На ее обширном пространстве еще остается множество необнаруженных захоронений, а новые геномные подходы несомненно предоставят больше доказательств и помогут лучше понять генетический аспект заселения Якутии в древности.

Работа выполнена в рамках Государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ (FSRG-2023-0003) “Генетические особенности населения Северо-Востока России: реконструкция генетической истории, механизмы адаптации и старения, возраст-зависимые и наследственные заболевания”, НИР ЯНЦ КМП “Изучение генетической структуры и груза наследственной патологии в популяциях Республики Саха (Якутия)”.

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с использованием в качестве объекта животных.

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с участием в качестве объекта людей.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Ricaut F.-X., Kolodesnikov S., Keyser-Tracqui C. et al. Genetic analysis of human remains found in two eighteenth century Yakut graves at At-Dabaan // *Int. J. Legal Med.* 2004. V. 118. P. 24–31. <https://doi.org/10.1007/s00414-003-0411-6>
2. Ricaut F.-X., Kolodesnikov S., Keyser-Tracqui C. et al. Molecular genetic analysis of 400-year-old human remains found in two Yakut burial sites // *Am. J. Phys. Anthr.* 2006. V. 129. P. 55–63. <https://doi.org/10.1002/ajpa.20195>
3. Федорова С.А., Степанов А.Д., Адоаян М. и др. Анализ линий древней митохондриальной ДНК в Якутии // *Мол. биология.* 2008. Т. 42. № 3. С. 445–453.
4. Crubézy E., Amory S., Keyser C. et al. Human evolution in Siberia: From frozen bodies to ancient DNA // *BMC Evol. Biol.* 2010. V. 10: 25. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-10-25>
5. Thèves C., Balaesque P., Evdokimova L.E. et al. Population genetics of 17 Y-chromosomal STR loci in Yakutia // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2010. V. 4. e129–e130. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2010.01.018>
6. Keyser C., Hollard C., Gonzalez A. et al. The ancient Yakuts: A population genetic enigma // *Phil. Trans. R. Soc. B.* 2015. V. 370: 20130385. <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0385>
7. Zvenigorosky V., Crubézy E., Gibert M. et al. The genetics of kinship in remote human groups // *Forensic Sci. Int. Genet.* 2016. V. 25. P. 52–62. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2016.07.018>
8. Zvenigorosky V., Duchesne S., Romanova L. et al. The genetic legacy of legendary and historical Siberian chieftains // *Communication Biology.* 2020. V. 3: 581. <https://doi.org/10.1038/s42003-020-01307-3>
9. Zvenigorosky V., Sabbagh A., Gonzalez A. et al. The limitations of kinship determinations using STR data in ill-defined populations // *Intern. J. Legal Med.* 2020.

- V. 134. P. 1981–1990.
<https://doi.org/10.1007/s00414-020-02298-w>
10. *Тоголев А.И.* Якуты: проблемы этногенеза и формирования культуры. Якутск: Национальное изд-во РС(Я), 1993. 136 с.
 11. *Алексеев А.Н.* Древняя Якутия. Железный век и эпоха средневековья. Новосибирск: Изд-во ИАЭТ СО РАН, 1996. 95 с.
 12. *Алексеев А.Н., Бравина Р.И.* Формирование якутского народа // История Якутии. Т. 1. Новосибирск: Наука, 2020. С. 223–230.
 13. *Федорова С.А.* Генетические портреты народов Республики Саха (Якутия): анализ линий митохондриальной ДНК и Y-хромосомы. Якутск: Изд-во ЯНЦ СО РАН, 2008. 235 с.
 14. *Fedorova S.A., Reidla M., Metspalu E. et al.* Autosomal and uniparental portraits of the native populations of Sakha (Yakutia): Implications for the peopling of Northeast Eurasia // BMC Evolutionary Biol. 2013. V. 13: 127.
<https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-127>
 15. *Ilumäe 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>
 16. *Федорова С.А., Барашков Н.А., Ушницкий В.В. и др.* Этнотерриториальные группы якутов: особенности генетической структуры // Якутский мед. журн. 2014. № 2. С. 28–31.
 17. *Pugach I., Matveev R., Spitsyn V. et al.* The complex admixture history and recent southern origins of siberian populations // Mol. Biol. Evol. 2016. V. 33(7). P. 1777–1795.
<https://doi.org/10.1093/molbev/msw055>
 18. Якуты. Саха. Серия Народы и культуры. М.: Наука, 2013. 599 с.
 19. *Бравина Р.И., Дьяконов В.М.* Раннеякутские средневековые погребения XIV–XVII вв.: совокупность отличительных признаков // Северо-Вост. гуманитарный вестник. 2015. № 3. С. 27–31.
 20. *Эргис Г.У.* Исторические предания и рассказы якутов: в 2 частях. М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1960. Ч. 1. 322 с.
 21. *Ксенофонов Г.В.* Элэйада: материалы по мифологии и легендарной истории якутов. Новосибирск: Наука, 1977. 245 с.
 22. *Ксенофонов Г.В.* Ураанхай-сахалар: Очерки по древней истории якутов. Иркутск: ОГИЗ Восточносиб. областное изд-во, 1937. Т. I. 576 с.
 23. *Алексеев Н.А., Емельянов Н.В., Петров В.Т.* Предания, легенды и мифы саха (якутов). Серия “Памятники фольклора народов Сибири и Дальнего Востока”. Новосибирск: Наука, 1995. 400 с.
 24. *Ушницкий В.В.* Легенды о прародителях якутского этноса как исторический источник // Монголоведение. 2014. № 7. С. 81–88.
 25. *Guillot E.G., Cox M.P.* High frequency haplotypes are expected events, not historical figures // F1000Res. 2015. V. 4: 666.
<https://doi.org/10.12688/f1000research.7023.2>
 26. *Зориктуев Б.Р.* Якутские хоролоры – кто они? (К проблеме этнической идентификации) // Археология, этнография и антропология Евразии. 2011. № 2(46). С. 119–127.
 27. *Боло С.И.* Прошлое якутов до прихода русских на Лену: по преданиям якутов бывшего Якутского округа. Якутск: Якутгосиздат, 1938. 227 с.

The Y-Chromosome Lineage Variation in Ancient and Modern Populations of the Sakha (Yakuts)

S. A. Fedorova^{a, b, *}, V. Zvenigorosky^c, and A. N. Alekseev^{a, d}

^a*Ammosov North East Federal University, Yakutsk, 677013 Russia*

^b*Yakut Science Center of Complex Medical Problems, Yakutsk, 677018 Russia*

^c*University of Strasbourg, Strasbourg, 67081 France*

^d*Institute for Humanities Research and Indigenous Studies of the North, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Yakutsk, 677027 Russia*

*e-mail: sardaanafedorova@mail.ru

This review presents the results of paleogenetic studies on the ancient population of Yakutia in the Middle Ages. The diversity of haplogroups and STR haplotypes of the Y chromosome of 74 men from Yakut burials from the 15th–19th centuries was considered and compared with the data on modern ethnogeographical groups of the Yakuts. A comparison of genetic reconstructions with historical data and the legends of the Sakha people was performed.

Keywords: ancient DNA, Sakha (Yakuts), Y chromosome.