

Волков В. Г.

ГЕНОФОНД ЮЖНЫХ СЕЛЬКУПОВ В КОНТЕКСТЕ ИСТОРИЧЕСКИХ И АРХЕОЛОГИЧЕСКИХ ДАННЫХ

В настоящее время сделаны лишь первые шаги в изучении генофонда южных селькупов. Полученные в результате экспедиций данные по составу мужских линий южных селькупов позволяют разрешить некоторые проблемы этногенеза этого народа. В статье дается описание структуры генофонда южных селькупов по данным полиморфизма Y-хромосомы. Делается вывод о связи генетических линий с определенными территориями и этнографическими группами южных селькупов. Выявляется территория возникновения этих генетических линий, дается приблизительная датировка появления этих линий на территории Нарымского Приобья. Высказываются предположения о связях генетических линий с носителями определенных археологических культур. Делается вывод о присутствии большинства генетических линий на территории Нарымского Приобья уже в докулайскую эпоху.

Ключевые слова: южные селькупы, Нарымское Приобье, генетика, история, археология.

Современные методы, применяемые в молекулярно-генетических исследованиях, позволяют выявить в составе популяции разные мужские Y-хромосомные группы, оценить степень родства между ними, а также установить наличие генетических связей между соседними популяциями. Наблюдаемые корреляции между географическим распределением генетических компонентов и географическим распространением этнокультурных и лингвистических групп дают возможность реконструировать некоторые моменты этногенеза определенного народа.

В последнее десятилетие ведется активное генетическое изучение популяций Сибири. Генофонды многих популяций, особенно популяций Саяно-Алтайского региона и Восточной Сибири изучены достаточно подробно (Балаганская, 2011; Харьков, 2012). Но, к сожалению, часть популяций Западной Сибири, в том числе популяции Среднего Приобья, до настоящего времени являются практически не изученными в генетическом аспекте. Это связано прежде всего со сложностями при сборе образцов на данной территории.

Одной из главных групп коренного населения на территории Среднего Приобья являются южные (нарымские) селькупы. Другая группа селькупов, северная, занимает территорию бассейна р. Таз. Исследование мужского генофонда северных (тазовских) селькупов началось уже в 1999 году (Karafet, 1999). В этой работе были опубликованы данные по частоте гаплогрупп в этой популяции. В 2002 г. появилась работа с уточненными данными (Karafet, 2002).

В настоящей работе представлены данные генотипирования южных селькупов. Образцы для исследования были получены в результате экспедиций 2012 и 2013 гг. в Парабельский и Верхнекетский районы Томской области. Были собраны образцы представителей разных этнотерриториальных групп южных селькупов. Места проживания предков исследуемых лиц были установлены по сведениям информантов, генеалогическим данным из личных архивов и данных о распределении фамилий из опубликованных работ (Тучкова, 2014). В начале 2015 г. было закончено генотипирование образцов выборки селькупов. Генотипирование проводилось в лаборатории эволюционной генетики НИИ медицинской генетики (Томск, Россия) и в кампании Family Tree DNA (Хьюстон, США).

Несмотря на то, что образцов получено немного (16), тем не менее выявленные в результате исследования генетические связи южных селькупов с определенными популяциями и территориями позволяют уточнить некоторые моменты этногенеза и этнокультурной истории этого народа.

В составе общей выборки южных селькупов представлены следующие мужские гаплогруппы: N1b, Q1a3, Q1a2 и R1b. Гаплогруппа Q1a3 у южных селькупов представлена двумя субкладами, имеющими разное территориальное происхождение и разделившимися чрезвычайно давно, не менее 20 000 лет назад. (Возраст гаплогрупп и субкладов, указанный здесь и далее в настоящей работе, был рассчитан по методу, учитывающему накопление однонуклеотидных мутаций (Адамов, 2015). Результаты датировок опубликованы на www.yfull.com/tree). Один из субкладов определяется SNP-маркером L330 (Q1a3-L330), другой субклад пока не получил собственной мутации и обозначается как Q1a3-L53* и характеризуется специфическими значениями Y-STR-маркеров. Гаплогруппа N1b также представлена двумя разными субкладами, обозначаемыми как N1b-A и N1b-E, имеющими разное происхождение и разную историю.

Таким образом, в настоящее время в составе генофонда южных селькупов можно выделить шесть мужских генетических групп: N1b-A – 31,25%; N1b-E – 6,25%; Q1a3-L330 – 25%; Q1a3-L53* – 18,75%; Q1a2 – 6,25%; R1b-M73 – 12,5%.

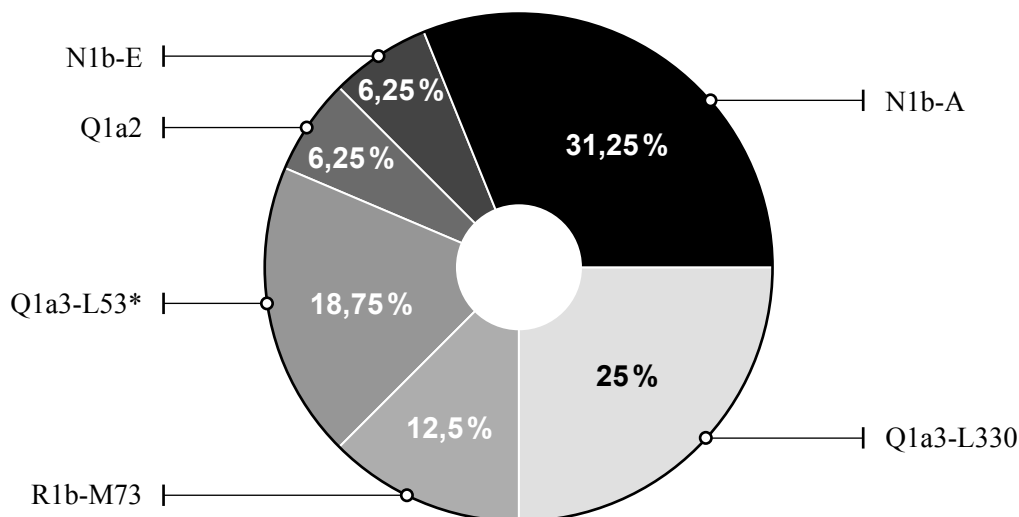


Рис. 1. Частота генетических линий у южных селькупов

Субклад N1b-A представлен у потомков жителей юрт Конкиных Нижней Подгородной волости (Парабельский район), жителей юрт Иванкиных и Чаршиных Пиковской волости (Колпашевский район) и юрт Максимкин Яр Иштановской волости (Верхнекетский район). Эту группу можно назвать северной группой.

Субклад Q1a3-L330 представлен у потомков жителей юрт Мулешкиных, Широковых и Карелиных Кашкинской волости и юрт Кондуковых Лелькинской волости (Верхнекетский район). Эту группу можно назвать восточной или кетской по р. Кеть.

Субклад Q1a3-L53* представлен у потомков жителей юрт Мунаковых и Соиспаевых 2-й Парабельской волости и юрт Ласкиных Верхней Подгородной волости (Парабельский район). Эти населенные пункты находятся на р. Парабель.

Гаплогруппа Q1a2 представлена у потомков тех же юрт Ласкиных. Эти две генетические линии (Q1a3-L53* и Q1a2) можно назвать юго-западной группой.

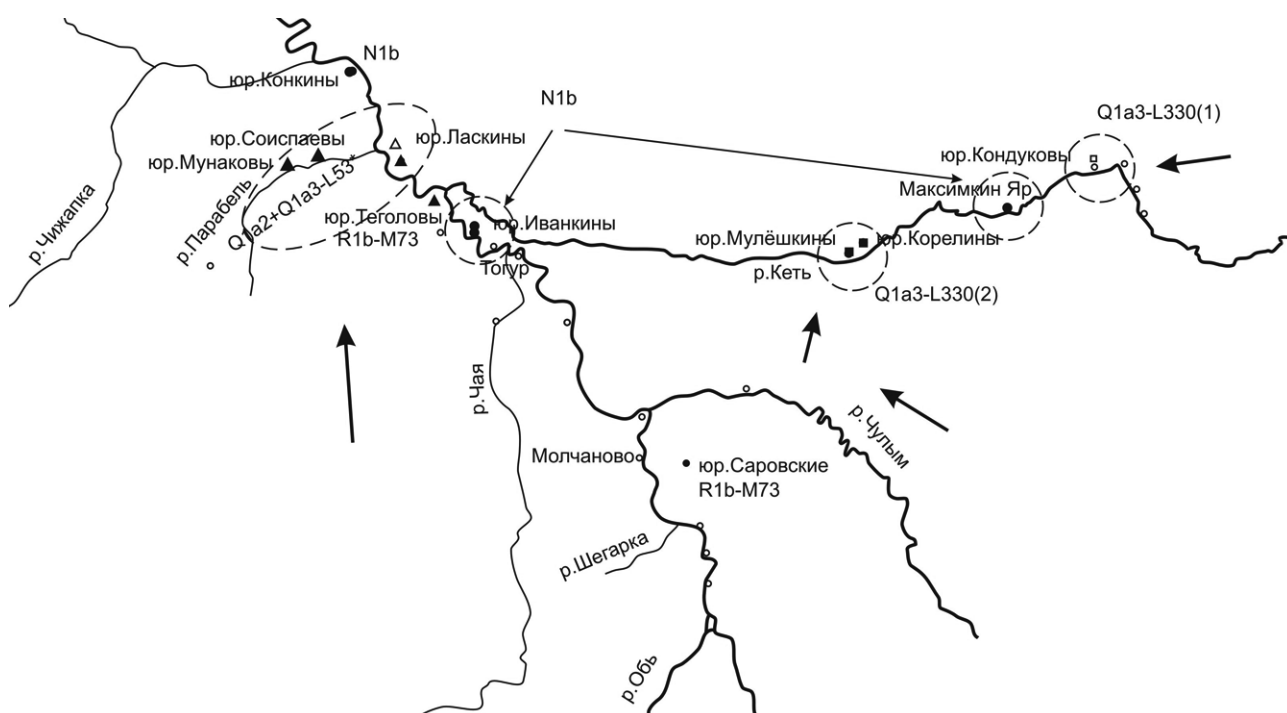


Рис. 2. Географическое распределение генетических групп южных селькупов

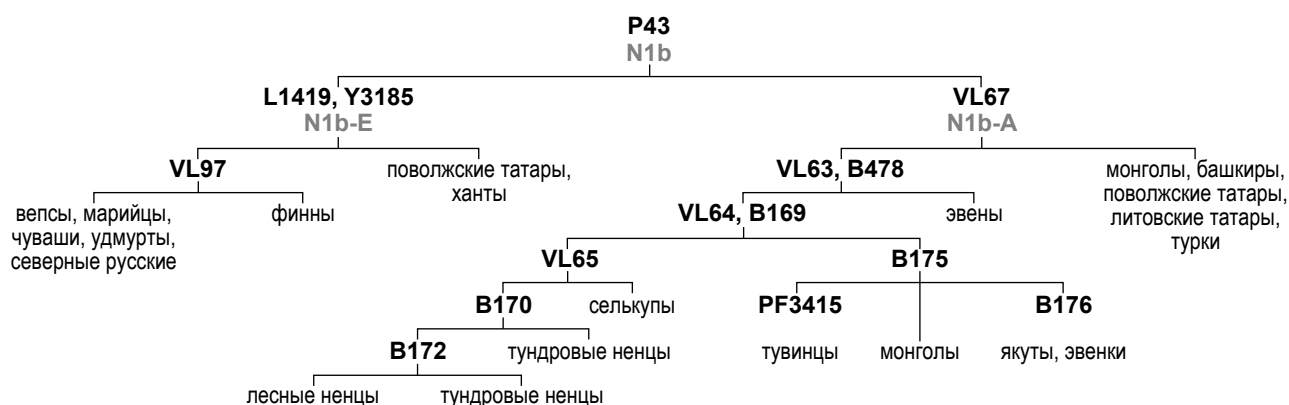


Рис. 3. Филогенетическое древо гаплогруппы N1b

Гаплогруппа R1b-M73 представлена у потомка князцов Тогурской волости, которые проживали в юртах Тёголовых Нижне-Тогурской волости (Колпашевский район), и потомка жителей юрт Саровских Малой Провской волости (Молчановский район). Эту группу можно назвать южной.

Каждая из этих генетических линий имеет отличное от других происхождение, которое можно связать с определенными территориями, этносами и лингвистическими группами.

Согласно научным данным, гаплогруппа N1b с наибольшей частотой представлена у северных самодийских народов: ненцев и нганасан (Генофонд; Tambets, 2004: 667). Гаплогруппа N1b разделяется на два кластера (ветви), характеризующиеся специфическими значениями Y-STR-маркёров – N1b-E (европейский) и N1b-A (азиатский) (Rootsi, 2007: 208; Derenko, 2007: 769; Балаганская, 2011: 20), один из которых (N1b-E) распространен у народов Поволжья (татары, марийцы, удмурты), на севере Европейской России (русские, коми-зыряне) и на севере Западной Сибири (ханты, манси), другой (N1b-A) представлен в основном у монголов, ненцев (лесных и тундровых), тувинцев, хакасов. Встречается этот субклад также у эвенов, башкир, поволжских и литовских татар, турок. Относительно недавно было установлено, что кластер N1b-E также определяется наличием SNP-маркёров L1419, Y3185, а N1b-A – VL67 (YFull).

Распространение части субклада N1b-A, ветви, определяемой SNP-маркёрами VL63 и B478, имеет прямые корреляции с ареалом проживания самодийских народов. Эта линия распространена среди современных самодийцев (ненцев, нганасан и селькупов), а также на тех территориях, где фиксируется самодийская топонимика и отмечается недавнее присутствие самодийцев (Саяны, Северный Алтай) (Дульзон, 1960: 293–295). Таким образом, линия N1b-VL67 с наибольшей вероятностью является маркёром миграций древних самодийцев.

Полное Y-хромосомное генотипирование образцов селькупов, ненцев и тувинцев, проведенное в начале 2015 года (EB; Karmin, 2015), во многом разрешило проблемы внутренней структуры разных ветвей гаплогруппы N1b.

Схема построена на основании данных, полученных в различных коммерческих и научных лабораториях (Family Tree DNA (США), Full Genomes Corporation (США), лаборатории эволюционной генетики НИИ медицинской генетики (Томск, Россия) и эстонского биоцентра (Тарту, Эстония). Значительная часть данных о статусе SNP-маркёров обработана командой YFull (<http://www.yfull.com>).

Южные селькупы, принадлежащие к гаплогруппе N1b, филогенетически ближе к ненцам той же гаплогруппы, чем к тувинцам. Ханты, судя по значениям Y-STR, близки к селькупам и ненцам. Можно полагать, что субклад N1b-A отражает вклад самодийцев в генофонд северных хантов и является своего рода генетическим субстратом этой популяции.

По специфическим значениям Y-STR-маркёров гаплотипы селькупов разделяются на две группы. Обе проявляют большую близость к ненцам, чем к северным хантам (TL). Требуется более точное генотипирование хантов, чтобы понять внутреннюю структуру родства между селькупам, ненцами и хантами. Особенно близки к ненцам потомки жителей юрт Конкиных, т. е. представители самой северной из исследуемых группы южных селькупов.

Разделение южных селькупов и ненцев, принадлежащих к субкладу N1b-A, по расчетам на основании накопления мутаций (SNP), произошло около 3 000 лет назад. Разделение предков селькупов и ненцев с предками тувинцев и монголов произошло в более раннее время.

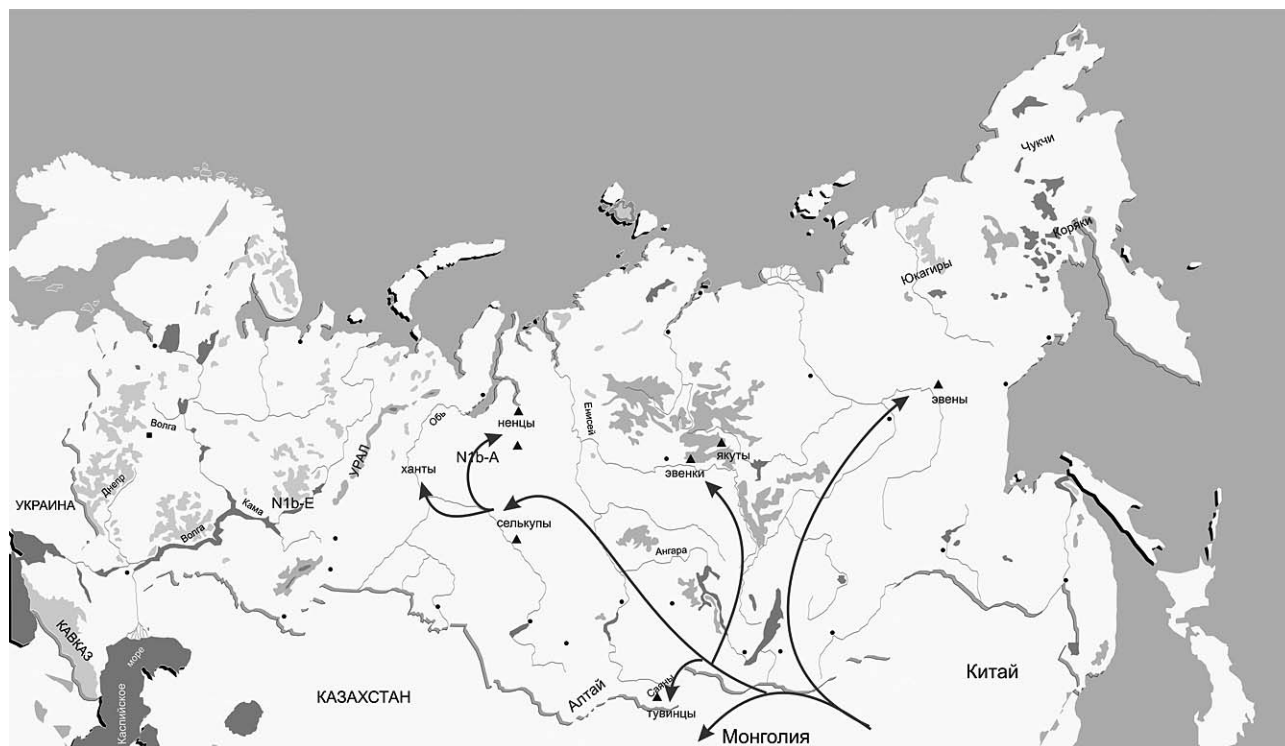


Рис. 4. Миграции представителей субклада N1b-A

На основании современного географического распределения и филогении можно обрисовать наиболее вероятный миграционный маршрут представителей этих линий.

Изначальное происхождение гаплогруппы N1b связано с территорией Китая. Данные по распространению предковых для N1b групп показывает, что это могли быть либо Центральный Китай (Ганьсу), либо Северо-Восточный Китай (Манчжурия) (Hu, 2015: Fig. 1). На этих территориях, возможно, и произошло разделение гаплогруппы N1b на два крупных субклада N1b-A и N1b-E. Разделение саянской и северно-самодийской линий N1b-A произошло, вероятнее всего, в Восточном Саяне. Этот регион носит название Тофалария (Нижнеудинский район Иркутской области) и здесь до сих пор проживают тофалары (карагасы), которые, по сведениям путешественников, еще в XVIII в. были «самоедоязычными» (Georgi 1777: 291; Pallas 1778: 279). М. А. Кастрен также предполагает «самоедское» происхождение тофаларов (карагасов) (Castren, 1856: 388–389). Ко всему этому следует добавить, что значительная часть генофонда тофаларов представлена гаплогруппой N1b (43,3%). Гаплотипы тофаларов N1b принадлежат, судя по специфическим значениям Y-STR-маркёров, к субкладу N1b-A, описанному выше и характерному для самодийских народов (Derenko, 2007: 764–766).

К северо-западу от Тофаларии находятся земли камасинцев (Саянский район Красноярского края), уже достоверно самоедоязычного народа. Также вся эта территория насыщена самодийскими топонимами (Дульзон, 1960; Матвеев, 1965). Изначальный ареал миграции генетических предков самодийцев достаточно хорошо вписывается в гипотезу о саянском происхождении народов этой языковой группы, высказанной еще в XVIII в. Фишером (Fisher, 1768: 120) и Палласом (Pallas, 1778: 279–280) и поддержанной в XIX в. М. А. Кастреном (Castren, 1856: 380).

Дальнейший миграционный путь видится следующим образом. Представители гаплогруппы N1b переместились из региона среднего Енисея к Оби и заняли восточную часть территории Нарымского Приобья. На данный момент южнее впадения р. Кети в Обь представители N1b не обнаружены, хотя миграция дальше на юг по Оби и Иртышу этой линии не исключена. В Нижнем Приобье линия N1b-A с высокой частотой представлена у современных северных хантов – 23% (TL) и манси – 36,6% (подсчитано по Feher, 2015). Относительно хантов выявлена принадлежность практически всех представителей субклада N1b-A к линии N1b-VL63, что сближает их с самодийцами. Субклад N1b-A распространен также у заболотных (ясколбинских) татар – 62% (Падюкова, 2014: 22) и встречается у коми-зырян – 15% (TL), что может указывать на миграцию представителей этого субклада из Нижнего Приобья на территорию Северного Приуралья.

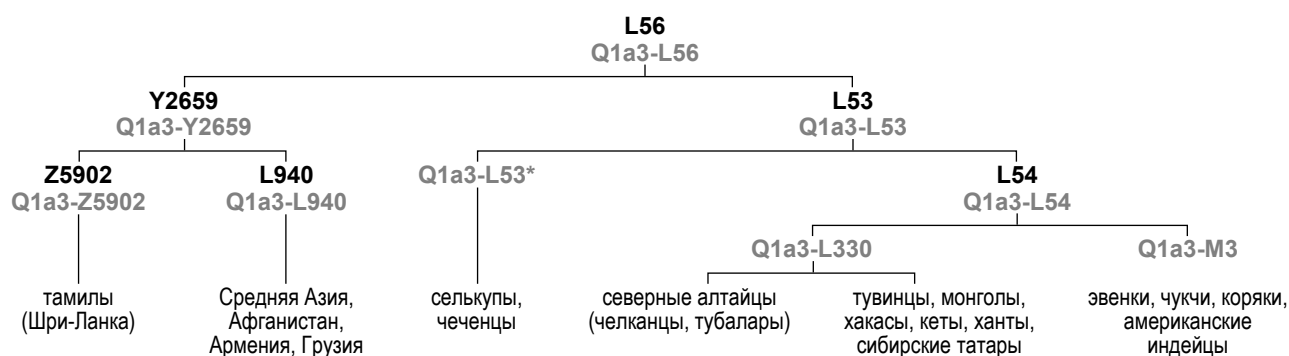


Рис. 5. Филогенетическое древо гаплогруппы Q1a3

Здесь стоит отметить определенную взаимосвязь между распространением линии N1b-VL63 и типа хозяйства, связанного с оленеводством. В районах, где этот субклад представлен со значительной частотой (тофалары, ненцы, нганасаны, ханты, манси), оленеводство с древнейших времен является основой хозяйства. Это еще раз указывает на связь данной группы с самодийцами, для которых, исходя из данных языка, характерно было наличие развитого оленеводства (Хелимский, 2000: 16; Напольских, 1997: 141). Наличие оленеводства у северных хантов и манси, угров по языку, при высокой частоте субклада N1b-A, лишней раз указывает на то, что значительную часть современных северных угров составляют генетические потомки самодийцев.

Предлагаемая гипотеза о миграции генетических предков селькупов, принадлежащих к гаплогруппе N1b, в будущем может быть скорректирована. Возможно, появятся новые данные, которые позволят более точно очертить миграционные пути. На данный момент можно уверенно говорить о тесной генетической связи между территориями, где проживают или проживали самодийцы и направления миграций представителей гаплогруппы N1b с юга на север.

Другим значимым компонентом генофонда южных селькупов является гаплогруппа Q1a3-L56, прежде всего представленная субкладом Q1a3-L330. Гаплогруппа Q1a3 с наибольшей частотой встречается у народов Сибири и на Американском континенте (Харьков, 2012: 13–14, Bortolini, 2003: 527). Эта гаплогруппа также обнаружена на территории Средней Азии, Пакистана, Индии и Китая с невысокой частотой (1–2%) (Sengupta, 2006: 207). Наиболее вероятной прародиной или территорией первоначального распространения гаплогруппы Q1a3 является регион Пакистана и Афганистана.

Производный от гаплогруппы Q1a3 субклад Q1a3-L330 с наибольшей частотой представлен у кетов (84%). Со значительной частотой этот субклад распространен у хантов (северных и васюганских), тувинцев, хакасов и северных алтайцев. С меньшей частотой встречается у монголов (Харьков, 2012: 13–14; TL; Uralic DNA Project).

Согласно последним расчетам, возраст Q1a3-L330 достаточно древний. Ближайшими «родственниками» кетов, селькупов, хантов, тувинцев, монголов, принадлежащих к этому субкладу, являются американские индейцы. Частота субклада Q1a3-M3 у коренных американцев составляет около 84% (Bortolini, 2003: 527; Zegura, 2004). Время жизни общего предка субкладов Q1a3-L330 и Q1a3-M3 рассчитывается в интервале близком к 15 500±1 000 лет назад (YFull). Вероятно, разделение этой линии произошло в Южной Сибири или западной части современного Китая.

Разделение двух основных ветвей Q1a3-L330 произошло примерно 8 000±1 000 лет назад (YFull), и, вероятно, это произошло на пограничье Казахстана, Российского Алтая, Монголии и Китая. Есть основания полагать, что у тубаларов и челканцев представлена самая древняя, рано отделившаяся линия Q1a3-L330. По данным исследования древней ДНК часть населения Монгольского Алтая эпохи бронзы принадлежала к субкладу Q1a3-L54 (Hollard, 2014: 21). К сожалению, авторами данной работы не было проведено генотипирование на SNP-маркёр L330. Так как в настоящее время на данной территории встречается только один производный от Q1a3-L54 субклад Q1a3-L330, можно предполагать, что древнее население этого региона относилось именно к этому субкладу.

Субклад Q1a3-L330 с наибольшей частотой встречается у кетов, народа, принадлежащего к енисейской языковой группе. Также данный субклад в основном встречается на территории распространения енисейской топонимики – Саяны, Северный Алтай, а также Омского Прииртышья (Дульзон, 1959: 97; Дульзон, 1960: 291). В связи с этим есть все основания полагать, что этот субклад является маркёром миграций енисейцев (Волков, 2013: 83).



Рис. 6. Миграции представителей субклада Q1a3-L330

Распространение данного субклада позволяет выявить два миграционных потока, исходной точкой которых была территория Саян. Один поток шел через Чулым с выходом к Васюгану и далее к Иртышу, другой поток шел на север по Енисею до мест нынешнего проживания кетов (см. рис. 6).

Селькупы Q1a3-L330 принадлежат к двум линиям. Судя по специфическим значениям Y-STR-маркёров потомки жителей юрт Кондуковых Лелькинской волости ближе к кетам, особенно к представителям фратрии богдэнг (TL). Близость селькупов, чьи предки проживали в восточной части Прикетья, к кетам вполне объяснима. Миграции генетических предков кетов проходили с юга на север по Енисею. Одна из близкородственных кетам групп вполне могла занять территорию верховьев Кети еще в глубокой древности. Известный исследователь Б. О. Долгих считал, что население верховьев Кети, проживающих в соседней с Лелькинской Натско-Пумпокольской волости «говорили на кетском языке» (Долгих, 1960: 188). И. Э. Фишер, сравнивая язык остяков верховьев Кети с селькупским, пришел к выводу, что в их языке нет ни малейшего сходства, и что «эти остяки верховьев Кети принадлежат к одному народу с аринами, котами, койбалами и ассанами» (Fischer, 1768: 138), т. е. относятся к енисейцам. По мнению А. П. Дульзона, Пумпокольская волость в первой половине XIX в. еще была кетской (Дульзон, 1959: 101–102). Б. О. Долгих предполагает, что местное население было ассимилировано мигрантами из Нарымского Приобья (Долгих, 1960: 188). Г. И. Пелих указывает на проживание в верховьях Кети этнической группы кайбангула (Пелих, 1981: 13). Ряд исследователей предполагали связь между кайбангула и саянскими койбалами (Малолетко, 1999: 218). Следует в этом контексте отметить, что саянские койбалы принадлежат к той же генетической линии Q1a3-L330, что и селькупы верховьев Кети и собственно кеты (Балаганская, 2011: 10; ML), а М. А. Кастрен указывал, что «койбалы одного происхождения с енисейскими остяками» (Castren, 1856: 203, 322, 360).

Г. И. Пелих, ссылаясь на письменные источники, сообщает о переселении в начале XVII в. на земли кайбангула пумпокольцев, которыми управлял князец Урунк (Пелих, 1981: 72). Таким образом, потомки жителей юрт Кондуковых могли быть как пумпокольцами, так и представителями группы кайбангула, также, видимо, родственной кетам.

Потомки жителей Кашкинской волости (юрты Мулешкины и Карелины) на средней Кети, судя по специфическим значениям Y-STR-маркёров ближе к тувинцам и монголам, чем к кетам. Вполне возможно, что изначально население этой волости было тюркским или, по крайней мере, часть населения имела тюркское происхождение. В 1640–1662 гг. среди князцов этой волости указан Ивашко Басандаев, в 1662–1690 гг. Алтабайко Ивашкин, а в 1691–1703 Широкой Алтабайкин (Малиновская, 2007: 135; РГАДА

1676/77: Л. 617 об. – 618). Наличие специфических имен, распространенных среди тюрков – Басандай, Алтабай может указывать на тюркское происхождение династии князцов Кашкинской волости. Также стоит отметить, что кроме имени родоначальника династии кашкинских князцов Басандая, которое совпадает с именем князца эуштинских татар, на территории Кашкинской волости С. У. Ремезов отметил населенный пункт Еушта (Ремезов, 1697–1711: 126). Не исключено, что потомки князца Басандая жили в этих местах.

Весьма вероятно, что генетические предки селькупов Кашкинской волости были выходцами с Чулыма и имели общее происхождение с одной из групп чулымских тюрков. К сожалению, в настоящее время нет данных о составе мужских линий чулымских тюрков, и делать какие-то определенные выводы еще рано. Однако именно Причулымье является наиболее вероятной территорией, по которой проходил миграционный маршрут предков жителей Кашкинской волости из региона Тувы до Средней Кети.

Третья значимая часть генофонда южных селькупов представлена субкладом Q1a3-L53*. Изначальное происхождение этой линии, так же как и линии Q1a3-L330, вероятно, связано с территорией Южной Азии или юга Средней Азии. Но разделение этих линий произошло в столь древние времена, что считать их родственными нет никаких оснований. Данная линия хорошо выделяется наличием специфических Y-STR-маркёров. Территория расселения представителей этой линии тяготеет к бассейну р. Парабели. Не исключено, что и эта линия также представлена у более южного населения. Для подтверждения этого необходимо провести исследование потомков населения Чаинской, Большой и Малой Чурубаровских и Шепецкой волостей.

Вопрос о связи этой генетической линии с носителями определенных этнонимов сложен, но какое бы имя ни носили представители линии Q1a3-L53*, населявшие бассейн р. Парабели, они составляют компактную юго-западную группу, и исходя из разнообразия гаплотипов можно предполагать, что эта группа появилась в данном регионе более 2 500 лет назад. Ближайшими генетическими родственниками селькупов из этой линии является группа чеченцев и один поляк (Q-M242). Разделение предков селькупов и чеченцев линии Q1a3-L53* могло произойти на юге Западной Сибири около 3 000 лет назад, и наиболее вероятными предками данной группы можно считать носителей одной из археологических культур бронзового века, происхождение которой связано с южными территориями. Возможно, субклад Q1a3-L53* связан с одним из компонентов кулайской культуры, который М. Ф. Косарев называет федоровским (Косарев, 1991: 21–22).

Другие генетические линии в составе южных селькупов являются минорными. На данный момент каждая линия представлена только одним человеком. Но, тем не менее, каждая из этих линий отражает процесс вхождения новых компонентов в состав предков селькупов.

Было проведено генотипирование образца потомка правителей Пегой Орды. У князя Кичея указан племянник Алешка Санбычев сын Алатай, ставший основателем рода Алатаевых, часть представителей которого сменили фамилию на Гуляевы и Мартемьяновы (Волков, 2009: 32). Генотипирование образца показало его принадлежность к субкладу N1b-E. Среди возможных близких генетических родственников потомки династии правителей Казымского княжества (Молдановы, Мултановы, Сенгеповы) (TL). Таким образом, есть вероятность, что правители Пегой Орды и Казымского княжества являются представителями одного рода. Окончательное установление родства между династиями может пролить связь на некоторые интересные моменты ранних государственных объединений селькупов и хантов.

Еще одна минорная линия представлена гаплогруппой Q1a2-L716. Ее представителем является потомок жителей юрт Ласкиных. Ближайших генетических родственников мы находим среди хантов и сибирских татар иштяк-тогузской группы, проживающих на р. Вагай (ML). Весьма вероятно, что эта линия по своему происхождению имеет отношение к тем же территориям, что и линия Q1a3-L53*.

Две другие минорные линии принадлежат к гаплогруппе R1b-M73, но к разным субкладам. Тем не менее обе эти линии не очень древние, каждая из них образовалась примерно 2 500 лет назад. Две эти линии, одна из которых определяется специфическим значением DYS390, равным 22, другая – 19, представлены почти исключительно у тюркских народов. Наиболее высокие частоты субклада R1b-M73 наблюдаются у юго-восточных башкир, телеутов, кумандинцев, карачаевцев и балкарцев (Балаганская, 2011: 10; Схалыхо, 2013: 15; Karachay-Balkar; ML).

Представителем первой линии (DYS390=22) является потомок князца Тогурской волости. Здесь следует отметить близость гаплотипа этого потомка с гаплотипами представителей сеока Тогоул, который входит в состав телеутов. Не исключено, что название волости (Тогурская) и этноним Тогоул имеют общее происхождение, и появление первого связано с миграцией тюрков с более южных территорий.

Представитель второй линии (DYS19=19) является потомком жителей Саровских юрт Малой Провской волости (ныне Верх Сор Молчановского района). Эта линия с высокой частотой представлена у кумандинцев (сеоки куманды и тон (ML, Кастаракова, Данилов)), юго-восточных башкир, казахских кып-

чаков, а также встречается среди башкирских и каракалпакских кыпчаков (Волков, 2014: 236; Сабитов, 2014: 314). Есть все основания полагать, что эта линия маркирует не просто миграции тюрков, а миграции именно кыпчаков или родственных к ним групп (Волков, 2014: 237). По материалам XVII–XVIII вв. Большая и Малая Провские волости указываются как татарские (Емельянов, 1980: 28). Г. Ф. Миллер указывает татарское название волости *buga-* или *buraning-aimak*, которое в русских документах было преобразовано в Провскую (Миллер, 1996: 177). Во многих тюркских языках слово *бура*, *бурэ*, *бори* обозначает волка (Севортян, 1978: 219–222). Не исключено, что название волости отражало самоназвание ее жителей, как и татарское название Шегарской волости – *Terenja-aimak*, население которой причисляло себя к роду *Terenja* (Миллер, 1996: 177). Следует отметить, что одним из главных племен кыпчаков был ильбари (Ахинжанов, 1995: 208, 235, 265, 286). Этот этноним также связывают со словом, обозначающим волка (Ахинжанов, 1976: 88–89). Хорошо известно о широком распространении культа волка у кыпчаков (Ахинжанов, 1976: 89; Голден, 2008: 312). По материалам переписи 1897 г. население Верхне-Саровских юрт состояло из «остяко-самоедов» (Патканов, 1911: 155), а не томских тюрков. Вопрос изменения этнической идентификации населения этой местности требует отдельного изучения.

Наличие представителей гаплогруппы R1b у северных селькупов (Tambets, 2004: 667) свидетельствует, что этот компонент вошел в состав селькупов достаточно давно, по крайней мере, раньше разделения южных и северных селькупов.

Таким образом, генофонд южных селькупов состоит из нескольких компонентов. Представители каждого из них занимают определенную территорию и в связи с этим эти компоненты можно условно обозначить как северный, юго-западный, южный и восточный. Каждый из этих компонентов генетически сближаются с географически близкими популяциями. Северный компонент с северными хантами и ненцами, восточный – с кетами, южный – с тюрками, юго-западный – с хантами. Формирование генофонда южных селькупов происходило под влиянием миграционных потоков с юго-запада, юга и востока. Генетические данные, которые имеются в настоящее время, не показывают миграции населения с территории Нарымского Приобья на юго-восток. В Саянах и на Северном Алтае мы встречаем только предковые группы для генетических линий, присутствующих у селькупов. Можно лишь отметить тесные генетические связи населения Васюганья, Прииртышья и Нижнего Приобья. Эти территории объединяет наличие одной из линий субклада Q1a3-L330, происхождение которой может быть связано с Причулымьем и Томским Приобьем (см. рис. 6). Генетические связи южных селькупов с северными хантами и ненцами проявляется вполне отчетливо, что указывает на древние этнокультурные связи территорий расселения этих популяций.

Представители трех наиболее значимых генетических компонентов в составе южных селькупов (северного, юго-западного и восточного), вполне вероятно, населяли территорию Нарымского Приобья еще в докулайскую эпоху. По мнению Л. А. Чиндиной, «кулайская культура частично формировалась как результат взаимодействия традиций еловской и молчановской культур» (Чиндина, 1984: 114). Возникновение еловской культуры связывается с проникновением в таежную зону андроновских (федоровских) племен. Распространение памятников федоровского типа на территорию Нарымского Приобья шло со стороны Барабы, т. е. с юго-запада. Молчановская культура формируется в результате взаимодействия еловской и самусьской культур (Косарев, 1974: 122). Исследователями отмечается определенная близость самусьской культуры к окуневской, памятники которой расположены на Верхнем Енисее. Эта близость позволяет говорить даже о существовании самусьско-окуневской общности (Матющенко, 2006: 313–314). Таким образом, один из основных компонентов, на основе которых сформировалась кулайская культура, связан своим происхождением с юго-западными территориями, другой – с юго-восточными.

М. Ф. Косарев выделяет в составе кулайской культуры три главных компонента, сформировавшихся под влиянием более ранних культур: гребенчато-ямочный, федоровский и самусьский (Косарев, 1991: 21–22). Первый компонент М. Ф. Косарев считает самодийским, второй угорским, а третий кетским (Косарев, 1991: 21–22). Ранние этапы самодийской предыстории связываются также с носителями севернотаежной среднеобской «крестовой» культурной традиции (атлымская культура) (Напольских, 1997: 181).

Северный генетический компонент, учитывая его связи с самодийцами, можно соотнести либо с миграциями носителей гребенчато-ямочной культуры, либо с миграциями носителей крестовой (крестовоструйчатой) традиции.

Восточный компонент связан с енисейцами, и кетами в частности. Исходя из распространения генетической линии Q1a3-L330 и присутствия этой линии в Прииртышье можно предполагать, что представители этой линии занимали территорию Молчановского Причулымья, Нижнего Притомья, а также северную часть Барабы. То есть могут быть связаны с носителями самусьской и молчановской культур, памятники которых занимают часть этой территории. Это предположение подкрепляется связями са-

муськой культуры с юго-восточными территориями, а конкретнее – с территорией верхнего Енисея, регион, который можно считать исходной точкой миграции тех групп Q1a3-L330, которые ушли на север и северо-запад (см. рис. 6). Еще в большей степени отмечаются корреляции между распространением линии Q1a3-L330 и распространением памятников молчановской культуры (Косарев, 1981: 201). Данный генетический компонент можно сопоставить с тем таежным населением, которое, по мнению М. Ф. Косарева, было родственным самусьскому и наряду с еловским определило состав носителей молчановской культуры (Косарев, 1981: 122). Е. А. Хелимский также делает интересное замечание, что развитое бронзолитейное производство у кулайцев скорее указывает на связь с предками енисейских народов, а не на связь с предками самодийцев (Хелимский, 2000: 21). Таким образом, генетические данные согласуются с мнением М. Ф. Косарева и Е. А. Хелимского о наличии в составе населения кулайской культуры енисейского (кетского) компонента.

Таким образом, генетика, так же как и археология и лингвистика, указывает на наличие в древности на территории Нарымского Приобья двух основных компонентов, в той или иной мере связанных с енисейским и самодийским населением и взаимодействие между ними, которое, несомненно, определило дальнейшую этнокультурную историю региона.

Юго-западный генетический компонент, учитывая связь с юго-западными территориями, а также связи с хантами, можно соотнести с культурами андроновского (федоровского) типа, имеющими южное происхождение. Последний компонент, хотя и роднит селькупов с хантами, вероятнее всего, не связан с языковыми предками угров, а имеет иное, неугорское происхождение. Представители выделенного юго-западного компонента занимают территорию северной части еловской культуры, и поэтому существует вероятность принадлежности этой группы к потомкам носителей данной культуры. Рассчитанные по количеству мутаций (Y-STR и SNP) возраста данных генетических компонентов не противоречат такому сопоставлению.

В результате исследования выявились также важные моменты, связанные с особенностями формирования отдельных микропопуляций селькупов. Генетические данные показывают, что потомки жителей одной волости принадлежат к одной генетической линии, т. е. являются генетическими родственниками и потомками одного родоначальника по мужской линии. Например, потомки жителей Пиковской волости и жителей Кашкинской волости. То же самое мы наблюдаем и на территории проживания томских тюрков, например, в Обско-Тутальской волости. Это, видимо, отражает особенности формирования ясачных волостей и их специфику. Исходя из этого можно считать, что волость – это обозначение не столько территориальной, сколько родо-племенной группы, за которой закреплена определенная территория.

В ближайшее время планируется дальнейшая работа по сбору и генотипированию образцов коренного населения Среднего Приобья. Дополнительный материал позволит на более высоком уровне провести анализ генофонда южных селькупов и сравнить эти данные с данными лингвистики, истории и археологии.

Выражаю безмерную благодарность Андрею Фильченко, Наталье Тучковой, Александру Тучкову, Наталье Поляковой, Зуфару Аюпову, Льву Ламберову, Нине Коробейниковой, Ребекке Канада (США), Владимиру Гурьянову, Дмитрию Адамову, Владимиру Таганкину, Елене Балановской, Владимиру Харьковцу, Олегу Балановскому, Марии Лавряшиной, Асие Падюковой и всем, кто помог в реализации проекта по генетическому исследованию южных селькупов.

Список литературы

- Адамов Д., Гурьянов В., Каржавин С., Таганкин В., Урасин В. Константа скорости SNP мутаций Y-хромосомы по данным полного секвенирования // The Russian Journal of Genetic Genealogy (Русская версия). Vol. 7. No. 1 (2015). Pp. 46–67.
- Ахинжанов С. М. Об этническом составе кипчаков средневекового Казахстана // Прошлое Казахстана по археологическим источникам. Алма-Ата, 1976. С. 81–93.
- Ахинжанов С. М. Кипчаки в истории средневекового Казахстана. Алматы: «Гылым», 1995. 296 с.
- Балаганская О. А. Полиморфизм Y-хромосомы у тюркоязычного населения Алтая, Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов Западной и Восточной Евразии: автореф. дис. ... канд. биол. наук. М., 2011. 26 с.
- Волков В. Г. Именная книга Нарыма // Нарым: Тобольск и вся Сибирь. Тобольск: Возрождение Тобольска, 2009. С. 31–40.
- Волков В. Г. Древние миграции самодийцев и енисейцев в свете генетических данных // Томский журнал лингвистических и антропологических исследований. 2013. Вып. 1 (1). С. 79–96.
- Волков В. Г. Кипчакский генетический компонент в составе средневекового населения юга Западной Сибири и Северного Казахстана // Этногенез казахов: историко-генетический аспект. Алматы: Shejire DNA, 2014. С. 234–245.

- Генофонд – Среднеэтнические частоты. Электронный ресурс. Доступ: <http://genofond.ru/default2.aspx?s=0&p=711>
- Голден П. Б. Религия кыпчаков средневековой Евразии // Степи Европы в эпоху Средневековья. Т. 6. Золотоордынское время. Сб. науч. работ. Донецк: Донецкий национальный ун-т, 2008. С. 309–340.
- Долгих Б. О. Родовой и племенной состав народов Сибири в XVII в. М.: Изд-во АН СССР, 1960. 622 с.
- Дульзон А. П. Кетские топонимы Западной Сибири // Уч. зап. Томского пед. ин-та. Т. 18. Томск, 1959.
- Дульзон А. П. Этнический состав древнего населения Западной Сибири по данным топонимики. М., 1960.
- Емельянов Н. Ф. Население Среднего Приобья в феодальную эпоху (Состав, занятия и повинности). Томск: Изд-во Том. ун-та, 1980. 251 с.
- Кастаракова В. М., Данилов В. М. Материалы по генеалогии кумандинцев. Личные архивы.
- Косарев М. Ф. Древние культуры Томско-Нарымского Приобья. М.: Наука, 1974. 220 с.
- Косарев М. Ф. Бронзовый век Западной Сибири. М.: Наука, 1981. 278 с.
- Косарев М. Ф. Древняя история Западной Сибири. Человек и природная среда. М.: Наука, 1991. 302 с.
- Малиновская С. М. Антропоники в этнокультурном воспитании (на материале антропонимов нарымских селькупов). Томск: Изд-во ТГПУ, 2007. 147 с.
- Малолетко А. А. Древние народы Сибири. Этнический состав по данным топонимики. Т. 1: Предыстория человека и языка. Уральцы. Томск: Изд-во Том. ун-та, 1999. 281 с.
- Матвеев А. К. Новые данные о камасинском языке и камасинской топонимике (предварительное сообщение) // Вопросы топониматики. Свердловск: [УрГУ], 1965. Вып. 2. С. 32–37.
- Матющенко В. И. О северо-западных границах самусьско-окуневской общности // Окуневский сборник-2. Культура и ее окружение. СПб.: Изд-во СПбГУ, 2006. С. 312–314.
- Миллер Г. Ф. Путешествие по воде вниз по Томи и Оби от Томска до Нарыма. 1740 г. // Сибирь XVIII века в путевых описаниях Г. Ф. Миллера. Новосибирск: Сибирский хронограф, 1996. С. 172–179.
- Напольских В. В. Введение в историческую уралоистику. Ижевск: Удмуртский ин-т ист., яз. и лит. УрО РАН, 1997. 268 с.
- Падюкова А. Д., Лавряшина М. Б., Ульянова М. В., Тычинских З. А., Кузнецова М. А., Агджоян А. Т., Схаляхо Р. А., Балановский О. П. Изучение генофонда ясколбинских тоболо-иртышских татар по данным STR-маркёров Y-хромосомы // Вестн. Кемеровского гос. ун-та. 2014. № 3 (59). Т. 3. С. 20–25.
- Патканов С. К. Статистические данные, показывающие племенной состав населения Сибири, язык и роды инородцев. (По переписи 1897 г.). Т. 2. СПб., 1911.
- Пелих Г. И. Селькупы XVII века: очерки социально-экономической истории. Новосибирск: Наука, 1981. 174 с.
- РГАДА. Ф. 214. Оп. 1. Кн. 643. Книга яшашная Кецкого острогу 1676/77. С. 613–625.
- Ремезов С. У. Хорографическая книга. 1697–1711. Электронный ресурс: Remezov S. U. 1642-ca. Khorograficheskaya kniga [cartographical sketchbook of Siberia] / MS Russ 72 (6). Houghton Library, Harvard University, Cambridge, Mass. Доступ: <http://pds.lib.harvard.edu/pds/view/18273155>
- Сабитов Ж. М. К вопросу о гаплогруппах кыпчаков // Этногенез казахов: историко-генетический аспект. Алматы: Shejire DNA, 2014. С. 102–107.
- Севортян Э. В. Этимологический словарь тюркских языков: Общетюркские и межтюркские основы на букву "Б" / АН СССР. Ин-т языковедения. М.: Наука, 1978. 349 с.
- Схаляхо Р. А. Геногеография тюркоязычных народов Кавказа: Анализ изменчивости Y-хромосомы: автореф. дис. ... канд. биол. наук. М., 2013. 24 с.
- Тучкова Н. А. Селькупская ойкумена. Обжитое пространство селькупов южных и центральных диалектных групп. Томск: Изд-во ТГПУ, 2014. 224 с.
- Харьков В. Н. Структура и филогенез генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы: автореф. дис. ... д-ра биол. наук. Томск, 2012.
- Хелимский Е. А. Самодийская лингвистическая реконструкция и праистория самодийцев // Хелимский Е. А. Компаративистика, уралоистика: Лекции и статьи. М., 2000. С. 13–25.
- Чиндина Л. А. Древняя история Среднего Приобья в эпоху железа. Кулайская культура. Томск: Изд-во ТГУ, 1984. 256 с.
- Bortolini M. C. et al. Y-Chromosome Evidence for Differing Ancient Demographic Histories in the Americas // Am. J. Hum. Genet. 2003. 73 (3). Pp. 524–39.
- Castren M. A. Reiseberichte und Briefe aus den Jahren 1845–1849 // Nordische Reise und Forschungen. St. Petersburg, 1856. Bd. 2. 527 S.
- Derenko M., Malyarchuk B., Denisova G. et al. Y-chromosome haplogroup N dispersals from south Siberia to Europe // J. Hum. Genet. 2007. Vol. 52 (9). Pp. 763–770.
- EB – Estonian Biocentre. Free data. Электронный ресурс. Доступ: <http://evolbio.ut.ee/>
- Fehér T., Németh E., Vándor A., Kornienko I. V., Csáji L. K., Pamjav H. Y-SNP L1034: limited genetic link between Mansi and Hungarian-speaking populations. Mol. Genet. Genomics. 2015. URL: <http://dx.doi.org/10.1007/s00438-014-0925-2>

Fischer J. E. Sibirische Geschichte von der entdeckung Sibiriens bis auf die Eroberung dieses Lands durch die Russische Waffen, in den Versammlungen der Akademie der Wissenschaften vorgelesen, und mit genehmhaltung derselben ans Licht gestellt. Th. 1. St. Petersburg: Gedruckt bey der Kaiserlichen Academie der Wissenschaften, 1768. S. 537–861.

Hollard C. et al. Strong genetic admixture in the Altai at the Middle Bronze Age revealed by uniparental and ancestry informative markers, *Forensic Science International: Genetics*, Available online 2 June. 2014. URL: [http://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973\(14\)00116-1/fulltext](http://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973(14)00116-1/fulltext)

Hu K. et al. The dichotomy structure of Y chromosome Haplogroup N. 2015. URL: <http://arxiv.org/abs/1504.06463>

Georgi J. G. Beschreibung aller Nationen des Russischen Reichs, ihrer Lebensart, Religion, Gebräuche, Wohnungen, Kleidungen und übrigen Merkwürdigkeiten. Ausg. 3. Samojedische, mandshurische und ostlichste sibirische Nationen. St. Petersburg: bey Carl Wilhelm Müller; Gedruckt bey Weitbrecht und Schnoor, 1777. S. 273–396.

Karachay-Balkar DNA Project. URL: <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA>

Karafet T. M. et al. Ancestral Asian Source (s) of New World Y-Chromosome Founder Haplotypes, *Am. J. Hum. Genet.* 64:817–831, 1999

Karafet 2002 – Karafet T. M. et al. High levels of Y chromosome differentiation among native Siberian populations and the genetic signature of a boreal hunter-gatherer way of life // *Human Biology: The International Journal of Population Genetics and Anthropology*. 2002, 74. Pp. 761–789.

Karmin 2015 – Karmin M. et al. A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture // *Genome Research* (2015). URL: <http://genome.cshlp.org/content/early/2015/03/13/gr.186684.114.abstract>.

ML – база данных лаборатории популяционной генетики человека Медико-генетического научного центра (Москва).

Q-M242 Haplogroup Project. URL: https://www.familytreedna.com/public/yDNA_Q

Pallas P. S. Reise durch verschiedene Provinzen des russischen Reichs in einem ausführlichen Auszuge. Dritter Theil in denen Jahren 1772–1773. Frankfurt; Leipzig: Johann Georg Fleischer, 1778.

Rootsi S., Zhivotovsky L. A., Baldovic M. et al. A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe // *Eur. J. Hum. Genet.* 2007. 15. Pp. 204–211.

Sengupta S., Zhivotovsky L. A., King R. et al. 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. Vol. 78. P. 202–221.

Tambets K. et al. The Western and Eastern Roots of the Saami – the Story of Genetic “Outliers” Told by Mitochondrial DNA and Y Chromosomes // *Am. J. Hum. Genet.* 2004, 74. Pp. 661–682.

TL – база данных лаборатории эволюционной генетики НИИ Медицинской генетики (Томск).

Uralic (Finno-Ugric-Samoedic) DNA Project. URL: <http://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA>

YFull – Электронный ресурс. URL: <http://www.yfull.com> На сайте исследовательской группы YFull представлены филогенетические деревья гаплогрупп и рассчитаны возраста разных субкладов. Деревья построены и возраста рассчитаны на основе данных полногеномного секвенирования значительного количества образцов.

Zegura S. L., Karafet T. M., Zhivotovsky L. A. et al. High-Resolution SNPs and Microsatellite Haplotypes Point to a Single, Recent Entry of Native American Y-Chromosomes into the Americas // *Mol. Biol. Evol.* 2004. Vol. 21. Pp. 164–175.

Приложение

12-маркерные гаплотипы селькупов, использованные в работе

[Порядок Y-STR-маркёров: DYS393, DYS390, DYS19, DYS391, DYS385, DYS426, DYS388, DYS439, DYS389i, DYS392, DYS389ii].

Selkup01. N1b-A 13-23-15-10-13-13-11-12-10-13-14-16
Selkup02. N1b-A 13-23-15-10-13-13-11-12-10-13-14-16
Selkup03. N1b-A 13-23-14-10-12-13-11-12-10-13-14-16
Selkup04. N1b-A 13-23-14-10-12-13-11-12-10-13-14-16
Selkup05. N1b-A 13-23-14-10-12-13-11-12-10-13-14-16
Selkup06. N1b-E 13-23-13-10-12-12-11-12-10-13-12-18
Selkup07. Q1a2-L716 14-23-15-10-14-19-12-14-13-14-16-16
Selkup08. Q1a3-L330 14-23-13-10-15-18-12-12-12-14-14-18
Selkup09. Q1a3-L330 13-23-13-10-15-16-12-12-13-13-14-18
Selkup10. Q1a3-L330 13-23-13-10-15-16-12-12-12-13-14-18
Selkup11. Q1a3-L330 13-23-13-10-15-16-12-12-13-13-14-18
Selkup12. Q1a3-L53* 14-24-13-10-13-17-12-12-13-14-14-15
Selkup13. Q1a3-L53* 14-24-13-10-13-18-12-12-12-11-14-15
Selkup14. Q1a3-L53* 14-23-13-10-13-17-12-12-12-13-14-15

Selkup15. R1b-M73 13-22-14-11-13-16-12-12-13-13-17

Selkup16. R1b-M73 13-19-14-10-13-14-12-12-12-13-13-16

Гаплотипы с расширенным набором Y-STR-маркёров опубликованы в проекте Uralic (Finno-Ugric-Samoedic) DNA Project. Электронный ресурс. Доступ: <http://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA> и содержатся в базе лаборатории эволюционной генетики НИИ медицинской генетики (Томск, Россия).

Волков В. Г., аспирант.

Томский государственный педагогический университет.

Ул. Киевская, 60, Томск, Россия, 634061.

E-mail: vladimirgenvolkov@yandex.ru

Материал поступил в редакцию 26 августа 2015.

Volkov V. G.

GENE POOL OF SOUTH SELKUPS IN A HISTORICAL CONTEXT

At the present time, population genetics has taken only the first steps in the study of the gene pool of the Southern Selkup. As a result of expeditions, data were obtained on the composition of male lineages of South Selkups. These data allow to solve some problems of the ethnogenesis of this people. This article describes the structure of the gene pool of the Southern Selkup from data on Y-chromosome polymorphism. It is concluded that the spread of genetic lineages showed near-perfect correspondence with certain territories and ethnic groups of Southern Selkup. The article reveals the territorial origin of the genetic lineages and gives an approximate dating of the emergence of these lineages on the territory of the Narym Ob. There are suggestions that genetic lineages connect with carriers of certain archaeological cultures. It is concluded that the presence of most of the genetic lineages in the territory of Narym Ob to be dated already in pre-Kulai era.

Key words: *South Selkup, Narym Ob, genetics, history, archeology.*

References

- Adamov D., Gur'yanov V., Karzhavin S., Tagankin V., Urasian V. Konstanta skorosti SNP mutatsiy Y-khromosomy po dannym polnogo sekvenorovaniya [The rate constant of SNP mutations of Y-chromosome according to the full sequencing]. *The Russian Journal of Genetic Genealogy (Russian version)*, vol 7, no. 1 (2015), pp. 46–67 (in Russian).
- Akhinzhanov S. M. Ob etnicheskom sostave kipchakov srednevekovogo Kazakhstana [Ethnic composition of Qipchaq medieval Kazakhstan] *Proshloe Kazakhstana po arkhеologicheskim istochnikam – The past of Kazakhstan according to archaeological sources*. Alma-Ata: Gylym Publ., 1976. Pp. 81–93 (in Russian).
- Akhinzhanov S. M. *Kypchaki v istorii srednevekovogo Kazakhstana*. Almaty, Gylym Publ., 1995. 296 p. (in Russian).
- Balaganskaya O. A. *Polimorfizm Y-khromosomy u tyurkoyazychnogo naseleniya Altaya, Sayan, Tyan-Shanya i Pamira v kontekste vzaimodeystviya genofondov Zapadnoy i Vostochnoy Evrazii*. Avtoref. dis. kand. ist. nauk [Y-chromosomal polymorphism in Turkic-speaking populations from Altai-Sayan, Tien-Shan and Pamir mountains in context of the interaction between western and eastern Eurasian gene pools. Abstract of thesis doct. of hist. sci.]. Moscow, 2011. 26 p. (in Russian).
- Volkov V. G. Imennaya kniga Naryma [Name Book of Narym]. *Narym: Tobolsk i vsya Sibir' – Narym: Tobolsk and whole Siberia*. Tobolsk: Vozrozhdenie Tobol'ska Publ., 2009. Pp. 31–40. (in Russian).
- Volkov V. G. Drevnie migratsii samodiytsev i eniseyitsev v svete geneticheskikh dannykh [Ancient migration of Samoyeds and Eniseians in the light of genetic data]. *Tomskiy zhurnal lingvisticheskikh i antropologicheskikh issledovaniy – Tomsk Journal of Linguistics and Anthropology*, 2013, no. 1, pp. 79–96 (in Russian).
- Volkov V. G. Kypchakskiy geneticheskii komponent v sostave srednevekovogo naseleniya yuga Zapadnoy Sibiri i Severnogo Kazakhstana [Kipchak genetic component as part of the medieval population of the south of Western Siberia and Northern Kazakhstan] *Etnogenez kazakhov: istoriko-geneticheskii aspekt – Ethnogenesis of Kazakhs: historical and genetic aspect*. Almaty: Shejire DNA Publ., 2014. Pp. 234–245. (in Russian).
- Genofond – Sredneetnicheskiye chastoty*. URL: <http://genofond.ru/default2.aspx?s=0&p=711> [Genofond – Average ethnicity frequency] URL: <http://genofond.ru/default2.aspx?s=0&p=711>
- Golden, P. B. Religion among the Qipchaq of Medieval Eurasia. *Central Asiatic Journal* 42 (1998): 180–86. (Russ. ed.: Golden P. B. *Religiya kypchakov srednevekovoy Evrazii. Stepi Evropy v epokhu srednevekov'ya. T.6. Zolotoordynskoye vremya*. Sb. nauchnykh rabot – Steppes of Europe in the Middle Ages. Vol. 6. Golden Horde period. Coll. scientific. works. Donetsk: Donetsk National University, 2008. Pp. 309–340.
- Dolgikh B. O. *Rodovoy i plemennyi sostav narodov Sibiri v XVII veke* [Tribal and clan structure of the peoples of Siberia in 17th century]. Moscow, AN SSSR Publ., 1960. 622 p. (in Russian).

- Dulson A. P. Ketskiye toponimy Zapadnoy Sibiri [Ket toponyms of Western Siberia]. *Uchenye zapiski Tomskogo gosudarstvennogo pedagogicheskogo instituta – Scientific Notes of Tomsk State Pedagogical Institute*, 1959, vol. 18, pp.91–111. (in Russian).
- Dulson A. P. *Etnicheskiy sostav drevnego naseleniya Zapadnoy Sibiri po dannym toponimiki* [The ethnic composition of the ancient population of Western Siberia according to toponymics]. Moscow, East Literature Publ. 10 p. (in Russian).
- Emelyanov N. F. *Naselenie Srednego Priob'ya v feodal'noy epokhu: (Sostav, zanyatiya i povinnosti)* [The population of the Middle Ob in feudal era]. Tomsk, Tomsk University Publ., 1980. 251 p. (in Russian).
- Kastarakova V. M., Danilov V. M. *Materialy po genealogii kumandintsev. Lichnye arkhivy* [Materials for genealogy of Kumandins. Personal archives.] (in Russian).
- Kosarev M. F. *Drevnie kul'tury Tomsko-Narymskogo Priob'ya* [Ancient cultures of Tomsk-Narym Ob]. Moscow, Nauka Publ., 1974. 220 p. (in Russian).
- Kosarev M. F. *Bronzovyy vek Zapadnoy Sibiri* [Bronze Age in Western Siberia]. Moscow, Nauka Publ., 1981. 278 p. (in Russian).
- Kosarev M. F. *Drevnyaya istoriya Zapadnoy Sibiri. Chelovek i prirodnyaya sreda* [The ancient history of Western Siberia. The man and the natural environment]. Moscow, Nauka Publ., 1991. 302 p. (in Russian).
- Malinovskaya S. M. *Antroponimika v etnokul'turnom vospitanii (na materiale antroponimov narymskikh selkupov)*. Tomsk, Tomsk State Pedagogical University Publ., 2007, 147 p. (in Russian).
- Maloletko A. A. *Drevnie narody Sibiri. Etnicheskiy sostav po dannym toponimiki. T.1. Predystoriya cheloveka i yazyka. Ural'tsy* [The ancient peoples of Siberia. Ethnic composition according to toponymics. Prehistory human and language. Uralians] Tomsk, Tomsk University Publ., 1999. 281 p. (in Russian).
- Matveev A. K. *Novye dannye o kamasinskom yazyke i kamasinskoy toponimike (predvaritel'noe soobshchenie)* [New data on Kamassian language and toponymy (Preliminary Report)]. *Voprosy toponomastiki – Questions of toponomastics*. Sverdlovsk: UrGU Publ. 1965. issue 2. P.32–37. (in Russian).
- Matyushenko V. I. *O severo-zapadnykh granitsakh samus'sko-okunevskoy obschnosti* [On the north-western borders of Samus-Okunev community] *Okunevskiy sbornik-2. Kul'tura i eyo okruzhenie – Okunev collection-2. Culture and its surroundings*. St. Petersburg, St. Petersburg State University Publ., 2006. Pp. 312–314 (in Russian).
- Miller G. F. *Puteshestvie po vode vnz po Tomi i Obi ot Tomsk do Naryma. 1740 goda* [The travel on the water down Ob and Tom from Tomsk to Narym. 1740 y.]. *Sibir' XVIII veka v putevykh opisaniyakh G. F. Millera – Siberia of 18th century in travel notes by G.F. Miller*. Novosibirsk, Sibirskiy khronograph Publ., 1996. Pp. 172–186 (in Russian).
- Napolskikh V. V. *Vvedenie v istoricheskuyu uralistiku* [Introduction to historical Uralistics]. Izhevsk: Udmurt Institute of History, Language and Literature, Ural Branch of Russian Academy of Sciences Publ., 1997. 268 p. (in Russian).
- Padyukova A. D., Lavryashina M. B., Ul'yanova M.V., Tychinskikh Z. A., Kuznetsova M. A., Agdzhoian A. T., Skhalyakho R. A., Balanovskiy O. P. *Izuchenie genofonda yaskolbinskikh tobolo-irtyshskikh tatar po dannym STR-markerov Y-khromosomy* [The study of the gene pool of Yaskolbins Tobol-Irtysh Siberian Tatars according to STR-markers of the Y-chromosome]. *Vestnik Kemerovskogo gosudarstvennogo universiteta – Bulletin of Kemerovo State University*, 2014, no. 3 (59), vol. 3, pp. 91–111. (in Russian).
- Patkanov S. K. *Statisticheskie dannye, pokazyvayushchie plemennyi sostav naseleniya Sibiri, yazyk i rody inorodtsev* (Po perepisi 1897 g.) [Statistical data showing the tribal composition of the population of Siberia, languages and generations of foreigners. According to the Census 1897]. Vol. 2. Sankt-Peterburg: Unknown Publ., 1911. 432 p. (in Russian).
- Pelikh G. I. *Selkupy XVII veka: ocherki sotsial'no-ekonomicheskoy istorii* [Selkups in XVII century: Essays on the social and economic history.] Novosibirsk, Nauka Publ., 1981. 174 p. (in Russian).
- RGADA, *Fondy Rossiyskogo gosudarstvennogo arkhiva drevnikh aktov* [Funds of the Russian State archives of ancient documents], F. 214. Op. 1. Kn. 643. 1676/77. Ll. 163–625 (in Russian).
- Remezov S. U. *Khorograficheskaya kniga 1697–1711*. Electronic resource: Remezov S. U. 1642-ca. 1720. *Khorograficheskaya kniga [cartographical sketch-book of Siberia] / MS Russ 72 (6)*. Houghton Library, Harvard University, Cambridge, Mass. URL: <http://pds.lib.harvard.edu/pds/view/18273155>
- Sabitov Zh.M. *K voprosu o gaplogruppakh kipchakov*. [On the question about haplogroups of Kipchaks]. *Etnogenez kazakhov: istoriko-geneticheskiy aspekt – Ethnogenesis of Kazakhs: historical and genetic aspect*. Almaty, Shejire DNA Publ., 2014. Pp. 102–107 (in Russian).
- Sevortyan E. V. *Etimologicheskii slovar' tyurkskikh yazykov: Obschetyurkskie i mezhtyurkskie osnovy na bukvu "B"* [Etymological dictionary of turkic languages: Common turkic and interturkic bases with the letter "B"]. Moscow, Nauka Publ., 1978. 349 p. (in Russian).
- Skhalyakho R. A. *Genogeografia tyurkoyazychnykh narodov Kavkaza: Analiz izmenchivosti Y-khromosomy*. Avtoref. dis. kand. ist. nauk [Genogeography of turkic-speaking peoples of the Caucasus: An analysis of the variability of the Y-chromosome. Abstract of thesis kand. of hist. sci.]. Moscow, 2013. 24 p. (in Russian).
- Tuchkova A. N. *Sel'kupsкая oikumena. Obzhitoe prostranstvo sel'kupov yuzhnykh i tsentral'nykh dialektnykh grupp* [Selkup oecumene. Habitable area of Selkups from southern and central dialect groups]. Tomsk, Tomsk State Pedagogical University Publ., 2014. 224 p. (in Russian).
- Kharkov V. N. *Struktura i filogeografia genofonda korennykh naseleniya Sibiri po markeram Y-khromosomy*. Avtoref. dis. kand. ist. nauk [Structure and phylogeography of the gene pool of the indigenous population of Siberia on markers of Y-chromosomes. Abstract of thesis doct. of hist. sci.]. Moscow, 2011. 26 p. (in Russian).

- Khelimskiy E. A. *Samodiyetskaya lingvisticheskaya rekonstruktsiya i praistoriya samodiytsev* [Samoyeds linguistic reconstruction and prehistory of Samoyeds] Khelimskiy E. A. *Komparativistika, uralistika: leksii i stat'i – Comparativistics, Uralic Studies: Lectures and articles*. Moscow: Languages of Russian Culture Publ. 2000. P. 13–25. (in Russian).
- Chindina L. A. *Drevnyaya istoriya Srednego Priob'ya v epokhu zheleza. Kulayskaya kultura* [The ancient history of the Middle Ob in the Iron Age. Kulai culture]. Tomsk, Tomsk State University Publ., 1984. 256 p. (in Russian).
- Bortolini M. C. et al. Y-Chromosome Evidence for Differing Ancient Demographic Histories in the Americas. *American Journal of Human Genetics*. 73 (3). S. 524–39.
- Castren M. A. *Reiseberichte und Briefe aus den Jahren 1845–1849. Nordische Reise und Forschungen*. St. Petersburg, 1856. Bd. 2. 527 p.
- Derenko M., Malyarchuk B., Denisova G. et al. *Y-chromosome haplogroup N dispersals from south Siberia to Europe* // *J. Hum. Genet.* 2007. V. 52 (9). P. 763–770.
- EB – *Estonian Biocentre*. Free data. URL: <http://evolbio.ut.ee/>
- Fehér T., Németh E., Vándor A., Kornienko I. V., Csáji L. K., Pamjav H. *Y-SNP L1034: limited genetic link between Mansi and Hungarian-speaking populations*. *Mol. Genet. Genomics*. 2015. URL: <http://dx.doi.org/10.1007/s00438-014-0925-2>
- Fischer, J. E. *Sibirische Geschichte von der entdeckung Sibiriens bis auf die Eroberung dieses Lands durch die Russische Waffen, in den Versammlungen der Akademie der Wissenschaften vorgelesen, und mit genehmhaltung derselben ans Licht gestellt*. Th. 1. – St. Petersburg: Gedruckt bey der Kaiserlichen Academie der Wissenschaften, 1768. 537–861 p.
- Hollard C. et al. Strong genetic admixture in the Altai at the Middle Bronze Age revealed by uniparental and ancestry informative markers, *Forensic Science International: Genetics*, Available online 2 June. 2014. URL: [http://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973\(14\)00116-1/fulltext](http://www.fsigenetics.com/article/S1872-4973(14)00116-1/fulltext)
- Hu K. et al. *The dichotomy structure of Y chromosome Haplogroup N*. 2015 URL: <http://arxiv.org/abs/1504.06463>
- Georgi J. G. *Beschreibung aller Nationen des Russischen Reichs, ihrer Lebensart, Religion, Gebräuche, Wohnungen, Kleidungen und übrigen Merkwürdigkeiten*. Ausg. 3. *Samojedische, mandshurische und ostlichste sibirische Nationen*. St. Petersburg: bey Carl Wilhelm Müller; Gedruckt bey Weitbrecht und Schnoor, 1777. – 273–396 p.
- Karachay-Balkar DNA Project*. URL: <https://www.familytreedna.com/public/KBalkarDNA>
- Karafet T. M., et al. *Ancestral Asian Source (s) of New World Y-Chromosome Founder Haplotypes*, *Am. J. Hum. Genet.* 64:817–831, 1999
- Karafet 2002 – Karafet T. M. et al. High levels of Y chromosome differentiation among native Siberian populations and the genetic signature of a boreal hunter-gatherer way of life // *Human Biology: The International Journal of Population Genetics and Anthropology*. 2002, 74. S. 761–789.
- Karmin 2015 – Karmin M. et al. A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture // *Genome Research* (2015). URL: <http://genome.cshlp.org/content/early/2015/03/13/gr.186684.114.abstract>.
- ML – *Database of laboratory of population genetics of human – Medical Genetic Research Center (Moscow)*.
- Q-M242 *Haplogroup Project*. URL: https://www.familytreedna.com/public/yDNA_Q
- Pallas P. S. *Reise durch verschiedene Provinzen des russischen Reichs in einem ausfuehrlichen Auszuge*. Dritter Theil in denen Jahren 1772–1773. Frankfurt; Leipzig: Johann Georg Fleischer, 1778.
- Rootsi S., Zhivotovsky L. A., Baldovic M. et al. *A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe* // *Eur. J. Hum. Genet.* 2007. 15. P. 204–211.
- Sengupta S., Zhivotovsky L. A., King R. et al. *Polarity and temporality of high resolution Ychromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of central Asian pastoralists* // *Am. J. Hum. Genet.* 2006. V.78. P. 202–221.
- Tambets K. et al. *The Western and Eastern Roots of the Saami – the Story of Genetic “Outliers” Told by Mitochondrial DNA and Y Chromosomes* // *American Journal of Human Genetics*. 2004, 74. P. 661–682.
- TL – *Database of laboratory of evolutionary genetics – Institute of Medical Genetics (Tomsk)*.
- Uralic (Finno-Ugric-Samoedic) DNA Project. URL: <http://www.familytreedna.com/public/Finno-UgricDNA>
- YFull – URL: <http://www.yfull.com>
- Zegura S. L., Karafet T. M., Zhivotovsky L. A. et al. *High-Resolution SNPs and Microsatellite Haplotypes Point to a Single, Recent Entry of Native American Y-Chromosomes into the Americas* // *Mol. Biol. Evol.* 2004. V. 21. P. 164–175.

Volkov V. G.,
Tomsk State Pedagogical University.
Ul. Kievskaya, 60, Tomsk, Russia, 634061.
E-mail: vladimirgenvolkov@yandex.ru