

На правах рукописи

ЛАВРЯШИНА

Мария Борисовна

**КОМПЛЕКСНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ ДИНАМИКИ
ДЕМОГРАФИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ И СТРУКТУРЫ ГЕНОФОНДА
КОРЕННЫХ НАРОДОВ ЮЖНОЙ СИБИРИ**

03.02.07 – генетика

АВТОРЕФЕРАТ

**диссертации на соискание ученой степени
доктора биологических наук**

Москва – 2012

Работа выполнена в Федеральном государственном бюджетном учреждении «Медико-генетический научный центр» Российской академии медицинских наук и Федеральном государственном бюджетном образовательном учреждении высшего профессионального образования «Кемеровский государственный университет»

Научный консультант:

доктор биологических наук, профессор **Балановская Елена Владимировна**

Официальные оппоненты:

Спицын Виктор Алексеевич, доктор биологических наук, профессор
Федеральное государственное бюджетное учреждение
«Медико-генетический научный центр» Российской академии медицинских наук, заведующий лабораторией экологической генетики

Мовсесян Алла Арменовна, доктор биологических наук
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования
«Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова», научный сотрудник кафедры антропологии

Асанов Алий Юрьевич, доктор медицинских наук, профессор
Государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова Министерства здравоохранения и социального развития Российской Федерации, заведующий кафедрой медицинской генетики

Ведущая организация:

Федеральное государственное бюджетное учреждение
«Научно-исследовательский институт медицинской генетики»
Сибирского отделения Российской академии медицинских наук

Защита состоится «__» _____ 2012 г. в ___ часов на заседании Диссертационного ученого совета Д 001.016.01 при Федеральном государственном бюджетном учреждении «Медико-генетический научный центр» Российской академии медицинских наук (115478, Москва, ул. Москворечье, 1)

С диссертацией можно ознакомиться в библиотеке Федерального государственного бюджетного учреждения «Медико-генетический научный центр» Российской академии медицинских наук по адресу: 115478, Москва, ул. Москворечье, д.1.

Автореферат разослан «_____» _____ 2012 г.

Учёный секретарь
диссертационного совета Д 001.016.01
по защите докторских и кандидатских диссертаций,
доктор медицинских наук, профессор

Зинченко Рена Абульфазовна

І. ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

Актуальность проблемы. Современная динамика генетико-демографических процессов остро ставит проблему преобразований генетической структуры коренных народов Южной Сибири и их последствий для адаптационных ресурсов в условиях современных социально-экономических и техногенных трансформаций. На настоящем этапе этнической истории все коренные южносибирские народы подвержены активным ассимиляционным процессам в результате межэтнических браков как между коренными этносами, так и с многочисленными пришлыми народами. В обозримом будущем это может привести к необратимой трансформации уникальных южносибирских генофондов. Исследование динамики данного процесса в популяциях коренного населения обладает несомненной актуальностью как для фундаментальной науки, так и для ее практических приложений.

Фундаментальность данной проблемы определяется, прежде всего, тем, что Южная Сибирь является одним из ключевых регионов для понимания истоков формирования и расселения ряда народов Евразии и Северной Америки. Об этом свидетельствуют многочисленные антропологические (Алексеев В.П., 1989; Хить Г.Л., Долинова Н.А., 1990; Козинцев А.Г. и др., 1995; Багашев А.Н., 2000; Хить Г.Л., Долинова Н.А., 2002; Мовсисян А.А., 2005; Чикишева Т.А., 2010) и генетические (Рычков Ю.Г., 1969; Шереметова В.А., 1973; Перевозчиков И.В., 1976; Рычков Ю.Г., Балановская Е.В., 1986; Сукерник Р.И. и др., 1996; Наумова О.Ю. и др., 1997; Lell J.T. et al., 1997; Novick G.E. et al., 1998; Seielstad M.T. et al., 1998; Евсюков А.Н. и др., 2000; Semino O. et al., 2000; Деренко М.В. и др., 2002; Мальярчук Б.А., 2002; Степанов В.А., 2002; Storz J.F. et al., 2004; Starikovskaya E.V. et al., 2005; Battilana J., 2006; Федорова С.А. и др., 2008; Деренко М.В., 2009; Володько Н.В. и др., 2009; Mazieres S. et al., 2010; Балаганская О.А., 2011) исследования. Современное население данного региона многонационально. Кроме пришлых народов, активная миграция которых в Сибирь началась в конце XVII – начале XVIII веков, здесь проживают представители более пятнадцати коренных этносов – это народности Алтая, Тывы, Хакасии и Горной Шории. Данные антропологии и археологии свидетельствуют о древности этногенеза народов Южной Сибири, уходящего своими корнями в эпоху неолита или верхнего палеолита (Алексеев В.П., 1974; Тур С.С., 2003; Чикишева Т.А., 2010). Это обуславливает фундаментальную научную значимость исследования генофондов коренных южносибирских народностей, так как характер генетической изменчивости человечества определяется многократными процессами географического расселения, миграций, колонизаций, взаимодействия групп населения (Lahr, Foley, 1998). При этом генофонд выступает как источник сведений о происхождении народов и инструмент для изучения их древней истории, однако в результате метисации генофонд коренных этносов постепенно утрачивает информационную достоверность и научную значимость для реконструкции истории народонаселения.

Темпы метисации коренных народов, а следовательно, и темпы трансформации их генофондов различны даже в пределах одного региона. Причины этих различий обусловлены, прежде всего, особенностями ареалов популяций и генетико-демографических процессов в них, что требует комплексного изучения с привлечением широкой методологической базы. Демографический кризис конца XX – начала XXI веков стимулировал проведение исследований в этой области. В настоящее время накоплен значительный объем данных о генетико-демографической ситуации для различных территорий Сибири (Посух О.Л., 1991; Кышпанакон В.А.,

1996; Осипова Л.П. и др., 1997; Кучер А.Н. и др., 1999; Григоричев К.В., 2000; Кучер А.Н., 2001; Спицына Н.Х., 2004; Кучер А.Н. и др., 2004; Кучер А.Н. и др., 2005; Коробка В.И., 2006; Тарская Л.А., 2006; Тарская Л.А. и др., 2009; Еремина Е.Р., Кучер А.Н., 2010; Мердешева Е.В., 2010; Ульянова М.В., 2010). К сожалению, в большинстве исследований, нацеленных на характеристику современной демографической ситуации, не рассматривается динамика генетико-демографических процессов с параллельным анализом изменения структуры генофондов народов. Однако комплексное исследование динамики демографической и генетической структуры дает возможность не только констатировать современное состояние, но и увидеть направленность процессов, охарактеризовать их интенсивность, проанализировать причины наблюдаемых трансформаций. Анализ этих характеристик необходим для формирования долгосрочного научно-обоснованного прогноза состояния этносов, который представляет несомненный практический интерес, так как трансформация генофондов приведет к утрате эволюционно сложившихся адаптивных генных комплексов, к изменению структуры и уровня заболеваемости, то есть окажет влияние на качество жизни населения.

Генофонд коренных народов Южной Сибири широко исследован по данным о *классических генетических маркерах* (Рычков Ю.Г., 1965; Сукерник Р.И., Осипова Л.П., 1976; Сукерник Р.И. и др., 1977; Спицын В.А., 1984; Лузина Ф.А., 1987; Калабушкин Б.А. и др., 1988; Спицын В.А., Титенко Н.В., 1991; Липатов П.И. и др., 1997; Кучер А.Н. и др., 2000; Абдина А.С., 2000; Лотош Е.А. и др., 2005; Лузина Ф.А. и др., 2011); *антропогенетических признаках* (Гладкова Т.Д., Хить Г.Л., 1968; Гладкова Т.Д., Битадзе Л.О., 1979; Битадзе Л.О., 1986; Долинова Н.А. и др., 2002); *аутосомных ДНК маркерах* (Степанов В.А., 2001; Кучер А.Н., 2001; Хитринская И.Ю., 2003; Апрятин С.А. и др., 2005; Balanovsky O.P. et al., 2005; Ахматьянова В.Р. и др., 2007; Ульянова М.В., 2010); *митохондриальных ДНК маркерах* (Салюков В.Б. и др., 1998; Воевода М.И. и др., 2000; Голубенко М.В. и др., 2002; Деренко М.В. и др., 2002; Шахтшнейдер Е.В. и др., 2003; Денисова Г.А., 2008; Деренко М.В., 2009; Губина М.А. и др., 2010); *маркерах Y хромосомы* (Степанов В.А., Пузырев В.П., 2000; Степанов В.А., 2001; Karafet T.M. et al., 2002; Харьков В.Н., 2005; Derenko M.V. et al., 2006; Харьков В.Н. и др., 2007; Харьков В.Н. и др., 2009; Харьков В.Н., Степанов В.А., 2010; Волков В.Г. и др., 2010; Балаганская О.А. и др., 2011); *квазигенетических маркерах – фамилиях* (Челухоева И.В., 1994; Кучер А.Н. и др., 2002; 2004; 2005; Ульянова М.В., 2010). При несомненной ценности проведенных исследований, в них, как правило, не принимались во внимание генофонды малых народностей, слагающих крупные этнотерриториальные объединения алтайцев, хакасов и шорцев. Однако в недавнем прошлом именно малые народности отражали особенности народонаселения Южной Сибири, поэтому анализ генофондов малых народов может открыть новые страницы в его этнической истории и микроэволюции его популяций. Исследования генофондов, как и генетико-демографические исследования коренного населения Южной Сибири, были нацелены на получение оценки современного состояния этносов без изучения связи состояния генофондов и динамики генетико-демографических процессов во времени.

Цель работы. Исследовать динамику генетико-демографических процессов в коренном населении Южной Сибири и оценить влияние ведущих факторов микроэволюции на структуру генофондов южносибирских народов по данным фонда фамилий, по аутосомным ДНК, классическим генетическим маркерам, гаплогруппам Y хромосомы.

Задачи исследования.

1. Провести массовый генетико-демографический скрининг населения Южной Сибири (более 100 тыс. чел., более 20 тыс. браков) в пределах этнических ареалов коренных народов.

2. Проанализировать подразделенность коренных южносибирских популяций различного иерархического уровня (этнотерриториальные объединения, малые народности, субэтнические подразделения, локальные популяции) по данным о трех системах генетических маркеров: 9 аутомных ДНК маркеров (CCR2Val64Ple, CCR5del32, ALU: ACE1, TPA25, A25, PV92, ApoA1, B65, F13B), 6 классических генетических маркеров (ABO, RH, MN, Kell, HP, GC) и 42 гаплогрупп Y хромосомы (K, F, P, C, C3, N1, N1b, N1c1, Q, R, R1b, R1a1a, C2, C3c, D, E, E1b1b1, E1b1b1a, G2a, G2a1a, G2a3b1, J, J1, J2, H, I, I1, I2a, D2, L, L1, L2, L3, O2, O3, O3a3, O3a3a, O3a3b, O3a3c, R1b1b2, R1b1b1, T).

3. Определить положение в генетическом пространстве и оценить генетическое своеобразие малых народностей Южной Сибири (алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, тубаларов, челканцев, качинцев, койбалов, кызыльцев, сагайцев, абаканских и горных шорцев) по данным об аутомных ДНК маркерах, классических генетических маркерах, гаплогруппах Y хромосомы.

4. Проанализировать в трех поколениях (1940, 1970, 2000 гг.) динамику генетико-демографических процессов и ведущих факторов микроэволюции (дрейфа генов, миграции генов и отбора) в популяциях коренных южносибирских народностей: алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, тубаларов, челканцев, качинцев, койбалов, кызыльцев, сагайцев, абаканских и горных шорцев.

5. Рассмотреть динамику за три поколения (1940, 1970, 2000 гг.) популяционно-генетической структуры коренных малых народностей Южной Сибири (кумандинцев, тубаларов, челканцев, качинцев, койбалов, кызыльцев, сагайцев, абаканских и горных шорцев) по данным о фонде фамилий; оценить применимость фамилий в популяционных исследованиях коренных южносибирских этносов.

6. Исследовать роль ведущих факторов микроэволюции и динамику популяционно-генетической структуры в трех поколениях (1940, 1970, 2000 гг.) по данным о фонде фамилий; в двух поколениях (1970, 2000 гг.) по данным дерматоглифики и по классическим генетическим маркерам на модельном объекте (усть-анзасские горные шорцы).

7. Проанализировать отражение динамики демографических процессов в структуре генофондов коренных народностей Южной Сибири по данным об аутомных ДНК и классических генетических маркерах.

Научная новизна.

✓ Впервые выявлено различие в темпах межэтнического смешения коренного населения Южной Сибири для локальных популяций одной народности (алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, тубаларов, качинцев, сагайцев, горных шорцев), определены границы элементарных популяций и проанализирована динамика границ элементарных популяций малых южносибирских народностей (1970-2009 гг.).

✓ Впервые оценена генетическая подразделенность южносибирских популяций разного иерархического уровня (этнотерриториальные объединения, малые народности, субэтнические подразделения, локальные популяции) по данным о 9 аутомных ДНК, 6 классических генетических маркерах, 42 гаплогруппах Y хромосомы. Показано, что генетическая дифференциация генофондов Южной Сибири задается малыми народностями: алтай-кижи, теленгитами, кумандинцами,

тубаларами, челканцами, качинцами, койбалами, кызыльцами, сагайцами, абаканскими и горными шорцами.

✓ Впервые изучена структура генофондов южносибирских народов с учетом малых народностей Южной Сибири (алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, тубаларов, челканцев, качинцев, койбалов, кызыльцев, сагайцев, абаканских и горных шорцев) по четырем системам признаков: по данным о фонде фамилий, 9 аутосомных ДНК, 6 классических генетических маркерах, 42 гаплогруппах Y хромосомы. Показано, что на современном этапе сохраняются выраженные генетические различия между малыми коренными сибирскими народностями, которые находят отражение в изменчивости коэффициента родства по изонимии и генетических расстояний.

✓ Впервые получена комплексная оценка динамики генетико-демографических процессов, ведущих факторов микроэволюции (дрейфа генов, миграции генов, отбора) и популяционно-генетической структуры (данные фонда фамилий) малых народностей Южной Сибири за три поколения (1940, 1970, 2000 гг.). Выявлена общность черт динамики генетико-демографических характеристик, отражающих процессы депопуляции в коренном населении Южной Сибири, при различном вкладе ведущих факторов популяционной динамики. Установлено, что изменение фамильного состава в ряду поколений малых народностей отражает динамику и интенсивность процессов метисации.

✓ Впервые по данным об аутосомных ДНК маркерах продемонстрирована подразделенность генофондов локальных популяций шорских субэтнических групп: абаканских (матурских) и горных (кызыл-шорских, усть-анзасских, усть-кабырзинских) шорцев. Показано сохранение генетического своеобразия локальных популяций шорцев, которое целесообразно учитывать при изучении шорского генофонда.

✓ Впервые на модельном объекте (усть-анзасские шорцы) сопоставлена динамика ведущих факторов микроэволюции и структуры генофонда по данным о фонде фамилий за три поколения (1940, 1970, 2000 гг.) и по данным о дерматоглифических признаках и классических генетических маркерах за два поколения (1970, 2000 гг.). Установлено, что усиление дрейфа генов и высокий уровень инбридинга находят отражение в уменьшении разнообразия состава фамилий, снижении гетерозиготности по данным классических генетических маркеров и уменьшении фенетического разнообразия дерматокомплекса.

Теоретическая и практическая значимость. Исследование динамики генофондов и ретроспективный анализ генетико-демографических процессов в коренном населении Южной Сибири имеют важное теоретическое и практическое значение. Полученные результаты могут быть применены в разных областях фундаментальной науки и ее практических приложений: в генетике, медицине, антропологии, истории, этнографии. Собранные в ходе многолетних экспедиций в Южную Сибирь уникальные архивы (демографические анкеты, перекопированные записи похозяйственных книг и актов ЗАГС, ДНК коллекции и др.) и созданная в процессе работы база данных о генофонде коренных южносибирских народов могут послужить основой для генетико-демографического, популяционно-генетического и медико-генетического мониторинга коренного населения Южной Сибири. Выявленная по данным молекулярно-генетических маркеров, классических генетических маркеров и фонда фамилий дифференциация генофондов коренных народов Южной Сибири на разных уровнях популяционной

иерархии позволила получить детальную оценку генетической подразделенности южносибирских этносов и выработать научно-обоснованные критерии вычленения объективно значимых выборок, позволяющих корректно описывать генофонд народов Южной Сибири. Полученные в ходе исследования результаты востребованы научными коллективами (Учреждение Российской академии медицинских наук Медико-генетический научный центр РАМН, Москва; Учреждение Российской академии наук Институт экологии человека СО РАН, Кемерово), учебными коллективами (ФГБОУ ВПО «Кемеровский государственный университет», ГБОУ ВПО «Кемеровская государственная медицинская академия»), государственными и общественными организациями (региональные ассоциации и общины коренных народов Алтай, Хакасии и Кемеровской области).

Основные положения, выносимые на защиту.

1. Анализ частоты межэтнических браков и показателей темпов метисации свидетельствует об отличии динамики межэтнического смешения коренного населения Южной Сибири в пределах локальных популяций одной народности: алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, тубаларов, качинцев, сагайцев, горных шорцев.

2. Генетическая структура коренного населения Южной Сибири определяется межпопуляционными различиями малых народностей: алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, тубаларов, челканцев, качинцев, койбалов, кызыльцев, сагайцев, абаканских и горных шорцев в пределах их этнотерриториальных объединений (северные и южные алтайцы, хакасы, шорцы); матурские, кызыл-шорские, усть-анзасские, усть-кабырзинские шорцы на уровне локальных популяций субэтнических подразделений. Данные об аутосомных ДНК, классических генетических маркерах и гаплогруппах Y хромосомы свидетельствуют о том, что объективно значимыми для описания структуры южносибирских генофондов являются выборки из малых народностей.

3. Аутосомные ДНК, классические генетические маркеры и гаплогруппы Y хромосомы дают сходную характеристику паттерна генетических взаимоотношений южносибирских народностей. Генетические расстояния минимальны между следующими народностями: алтай-кижи и теленгитами, тубаларами и челканцами, качинцами и койбалами, шорцами абаканскими и горными. Кумандинцы характеризуются максимальным показателем удаленности от всех изученных популяций.

4. Констатированы процессы депопуляции в коренном населении Южной Сибири (1940-2009 гг.): снижение доли дорепродуктивного класса, смена типа воспроизводства с расширенного на простой и суженный, усиление дисбаланса в структуре полов в сторону увеличения доли мужчин, постарение коренного сельского населения.

5. Соотношение вклада основных факторов микроэволюции – дрейфа генов, миграции, отбора – в популяционную динамику южносибирских народностей различно. Миграция генов усиливается во всех популяциях, достигая максимума у кумандинцев и абаканских шорцев, минимума – у алтай-кижи и теленгитов. Роль естественного отбора уменьшается в популяциях хакасов и южных алтайцев, но возрастает у северных алтайцев и шорцев. Эффекты дрейфа генов являются ведущими факторами популяционной динамики у челканцев и усть-анзасских шорцев.

6. Динамика фамильного состава северных алтайцев, хакасов и шорцев отражает динамику демографической и генетической структуры коренных народностей. По данным о распространении фамилий зафиксирована максимальная динамика популяционно-генетической структуры в поколениях (1940, 1970, 2000 гг.) у качинцев и кумандинцев, минимальная – у челканцев и усть-анзасских шорцев, что согласуется с данными исследования брачно-миграционной структуры.

7. Влияние ведущих факторов микроэволюции находит отражение в генетическом разнообразии южносибирских популяций. У алтай-кижи и теленгитов на фоне низкого индекса миграций и высокой доли однонациональных браков отмечен рост гомозиготности. У койбалов, кызыльцев и абаканских шорцев выявлена тенденция к увеличению гетерозиготности при высоких значениях индекса миграций и высокой доли межэтнических браков; у челканцев гетерозиготность снижается на фоне усиления дрейфа генов и высокого уровня инбридинга.

8. В модельной локальной популяции усть-анзасских шорцев на фоне усиления эффекта дрейфа генов и высокого уровня инбридинга за одно поколение изменились частоты дерматоглифических признаков (11 параметров), классических генетических маркеров (система ABO), снизился уровень гетерозиготности (системы HP и GC) и уменьшилось фенетическое разнообразие дерматокомплекса.

Апробация работы. Материалы диссертационного исследования представлены на международной научно-практической конференции «Этнография Алтая и сопредельных территорий» (Барнаул, 2003); III антропологических чтениях к 75-летию академика В.П. Алексеева «Экология и демография человека в прошлом и настоящем» (Москва, 2004); межрегиональной научно-практической конференции «Этносы развивающейся России: проблемы и перспективы» (Абакан, 2006); IX Всероссийском популяционном семинаре «Особь и популяция – стратегии жизни» (Уфа, 2006); II международной научно-практической конференции «Этносы развивающейся России: проблемы и перспективы» (Абакан, 2007); V Съезде ВОГиС (Москва, 2009); на VIII Конгрессе этнографов и антропологов России (Оренбург, 2009); VI съезде Российского общества медицинских генетиков (Ростов-на-Дону, 2010); IV Алексеевских чтениях, посвященной 80-летию академика РАН В.П. Алексеева (Москва, 2010); IX конгрессе этнографов и антропологов России (Петрозаводск, 2011), международной научно-практической конференции «Культура, язык, институты гражданского общества коренных народов России» (Бийск, 2011).

Работа выполнена при поддержке программы National Geographic – The Genographic Project 2005-2011, грантов РФФИ 01-06-80446-а, 03-06-88003-к, 04-06-80260-а, 06-06-80369-а, 07-04-00340-а, 07-04-96031 р_урал_а, 07-07-00089-а, 10-04-01603-а, 10-04-98002-р_сибирь_а, 10-06-00451-а, 10-04-10-04-10101-к и Государственного контракта № 02.512.11.2233 в рамках ФЦП «Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2007–2012 годы».

Личный вклад автора. Автор исследования являлся руководителем и участником 16 экспедиций по изучению населения Алтайского края, Кемеровской области, Республики Алтай и Республики Хакасия. Обследованим охвачено коренное население 13 районов, 36 сельских администраций. Собраны архивы, характеризующие демографическую (65607 человек), брачную (6203 брака), фамильную (2363 фамилии у 44576 человек) структуру коренного сельского населения Южной Сибири в динамике за три поколения (1940, 1970, 2000 гг.). Проведено выделение образцов ДНК и генотипирование 9 аутосомных диаллельных

ДНК маркеров (70% материала), типирование 6 эритроцитарных систем крови (100%), анализ фонда фамилий (100%). В сотрудничестве с коллегами изучен дерматокомплекс, сывороточные протеины и гаплогруппы Y хромосомы.

Автором осуществлен весь объем статистического анализа диссертационных материалов, включая изучение динамики генетико-демографических характеристик, исследование фонда фамилий и анализ популяционно-генетической структуры десяти народов Южной Сибири. Создан банк данных о распределении генетических маркеров в коренном населении Южной Сибири, содержащий информацию о распределении частот 33 аллелей 15 локусов (классических биохимических и аутосомных ДНК маркеров) и 42 гаплогрупп Y хромосомы. Создана база данных о квазигенетических маркерах – фамилиях – у коренных южносибирских этносов (679 фамилий у северных алтайцев, 1374 фамилии у хакасов, 310 фамилий у шорцев).

Публикации. По теме диссертационного исследования опубликовано 40 печатных работ, в том числе 15 статей в журналах, рекомендованных ВАК Минобрнауки для опубликования основных научных результатов диссертации на соискание ученой степени доктора биологических наук, 12 статей в сборниках и коллективных монографиях, 13 тезисов.

Структура и объем диссертации. Диссертация изложена на 315 страницах машинописного текста, по монографическому типу. Состоит из введения, пяти основных глав, заключения, выводов, списка литературы и приложения. Работа иллюстрирована 90 таблицами и 20 рисунками. Библиографический указатель содержит 400 источников (из них 300 отечественных и 100 зарубежных).

II. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

2.1. СТРУКТУРА КОРЕННОГО НАСЕЛЕНИЯ ЮЖНОЙ СИБИРИ ПО ДАННЫМ СМЕЖНЫХ НАУК

Современное коренное население Южной Сибири представлено крупными этнотерриториальными объединениями – алтайским, хакасским и шорским, определяемыми по географическому положению и включающими множество малых народностей. На протяжении XX-XXI веков в популяциях коренного южносибирского населения идут интенсивные этнические процессы, что нашло свое отражение в особенностях их этнической самоидентификации.

«**Алтайцы**» – собирательное название тюркоязычных народностей, населяющих предгорья и горы Алтая. Географический термин «алтайцы» в виде этнотермина в середине XIX века использовал П.А. Чихачев (1971). В.И. Вербицкий (1893) по признакам языка, культуры и быта разделил племена Алтая на северных и южных алтайцев, и эта классификация получила широкое признание в научной среде благодаря исследованиям Л.П. Потапова (1969). К южным алтайцам в настоящее время традиционно относят малые народности *алтай-кижи* и *теленгитов*, а к северным алтайцам – *кумандинцев*, *челканцев* и *тубаларов*. Кумандинцы, теленгиты, тубалары и челканцы в 2000 году получили статус коренных малочисленных народов Севера и были учтены как самостоятельные народы Всероссийской переписью населения 2002 г. По данным переписи численность алтай-кижи составляла 67 тыс. 239 человек, кумандинцев – 3 тыс. 114 человек, теленгитов – 2 тыс. 399 человек, тубаларов – 1 тыс. 565 человек, челканцев – 855 человек (www.perepis2002.ru).

«**Хакасы**». Появление этого этнотермина и обоснованность его использования в качестве самоназвания южносибирских тюрков Хакасско-

Минусинской котловины вызывает дискуссии в историко-этнографической среде (Бутанаев В.Я., 1992; Кызласов Л.Р., 1992; Кляшторный С.Г., 1992 и др.). Деление хакасов на *качинцев*, *сагайцев*, *койбалов* и *кызыльцев* возникло под влиянием русской администрации в начале XVIII века и базировалось на названиях крупных хакасских сеоков: хасха, сагай, хойбал, хызыл (Бутанаев В.Я., 1990; 1992). В настоящее время хакасам свойственна значительная консолидация входящих в их состав малых народностей, а также общая тенденция к утрате самоназваний «качинцы», «кызыльцы», «койбалы», «сагайцы». Всероссийская перепись населения 2002 года не учитывала принадлежность хакасов к качинцам, кызыльцам, койбалам и сагайцам, фиксируя лишь их принадлежность к хакасскому народу. Общая численность хакасов на 2002 год составляла 75 тыс. 622 человека (www.perepis2002.ru).

«Шорцы». Этот этнотермин в качестве общего обозначения абинцев, мрасских и кондомских бирюсинцев был предложен в середине XIX века В.В. Радловым (1989). Термин базировался на названиях крупных сеоков ак-шор, кара-шор, сары-шор и закрепился в среде тюркоязычных племен Кузнецкого уезда Томской губернии в качестве этнонима только в первой половине XX века. Проживавшие в XIX – начале XX веков в верховьях реки Томь и ее притоков племена предков шорцев этнографы объединяют в две группы: северную лесостепную «абинскую» и южную горно-таежную «бирюсинскую» (Кимеев В.М., 1981; 1986). Предположительно в XVIII веке часть абинских и бирюсинских переселенцев (Потапов Л.П., 1936) основала в Абаканской долине, по рекам Абакан, Таштып и Сея, новую локальную популяцию и субэтнос – абаканские шорцы. В настоящее время сохранились *абаканская* и *горно-таежная* (горная по А.Н. Багашеву) шорские группы. Современные шорцы имеют статус коренных малочисленных народов Севера. Согласно переписи населения 2002 года в России проживало 13 тыс. 975 шорцев, из них 11 тыс. 554 человека в Кемеровской области и 1 тыс. 78 человек в Республике Хакасия (www.perepis2002.ru).

Антропологически все коренные южносибирские народы принадлежат к североазиатской малой расе большой монголоидной расы. По классификации А.Н. Багашева северные алтайцы и горные шорцы относятся к *североалтайскому варианту*, а хакасы, абаканские шорцы и одна из народностей подгруппы южных алтайцев – теленгиты – к *алтае-саянскому варианту южносибирского типа* (Очерки культурогенеза народов..., 1998). Систематическое положение физического типа алтай-кижи продолжает оставаться дискуссионным: его относят к южносибирскому типу либо к саянскому варианту центральноазиатского типа (Аксянова Г.А., 2006).

В тюркологии имеется более 20 классификационных схем (Баскаков Н.А., 1969). **По лингвистической классификации** Н.А. Баскакова (1952) хакасы, шорцы и северные алтайцы (кумандинцы, тубалары и челканцы) относятся к *хакасской подгруппе уйгурской группы восточнохуннской ветви тюркских языков*, а южные алтайцы (алтай-кижи и теленгиты) – к *киргизско-кыпчакской группе восточнохуннской ветви тюркских языков алтайской языковой семьи*.

2.2. ИСТОЧНИКИ И ОБЪЕМЫ ИССЛЕДОВАННЫХ ДАННЫХ

Данные о генетико-демографических процессах

Записи похозяйственных книг. Скопировано 129636 записей о коренном и пришлом сельском населении 13 районов четырех регионов Южной Сибири: 17023 в

Алтайском крае (АК), 48605 в Республике Алтай (РА), 53206 в Республике Хакасия (РХ) и 10802 в Кемеровской области (КО). Из них **65607** записей относилось к коренному населению, в том числе к семьям с потомками от межэтнических браков. В Красногорском и Солтонском районах АК – 4447; в Кош-Агачском, Онгудайском, Турочакском, Улаганском и Чойском районах РА – 24592; в Аскизском, Бейском, Орджоникидзевском, Таштыпском, Ширинском районах РХ – 29202; в Таштагольском районе КО – 7366.

Акты ЗАГС о заключении брака. Скопировано **22237** актов о заключении брака в архивах 11 районных ЗАГС четырех регионов Южной Сибири: 835 в Алтайском крае, 5671 в Республике Алтай, 10732 в Республике Хакасия и 4999 в Кемеровской области. Из них **6203** акта о браках с участием коренного населения, в том числе, в Солтонском районе АК – 95; в Кош-Агачском, Онгудайском, Турочакском и Улаганском районах РА – 2366; в Аскизском, Бейском, Орджоникидзевском, Таштыпском, Ширинском районах РХ – 3345; в Таштагольском районе КО – 397.

Демографические анкеты. Заполнено **856** анкет на женщин завершеного репродуктивного периода (старше 45 лет) в 13 районах четырех регионов Южной Сибири: 35 в Алтайском крае, 345 в Республике Алтай, 390 в Республике Хакасия и 86 в Кемеровской области.

Принадлежность обследуемого лица к малой народности у шорцев и алтайцев (алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, тубаларов и челканцев) в 2000 годы устанавливалась по национальности, указанной в архивных документах, в 1940, 1970 годы, по сведениям, полученным от информаторов; у хакасов (качинцев, койбалов, кызыльцев и сагайцев) – по фамильной принадлежности (Бутанаев В.Я., 1994) и сведениям, полученным от информаторов. Объемы собранной информации по каждой малой коренной народности представлены в таблице 1.

Данные о генофонде

Аутосомные ДНК маркеры. CCR2Val64Ile (SNP-полиморфизм); CCR5del32 (инсерционно-делеционный полиморфизм); ACE1, TPA25, A25, PV92, ApoA1, B65, F13B (Alu-полиморфизм) генотипированы в **1073** образцах ДНК (527 алтайцев, 349 хакасов, 197 шорцев: из них у горных шорцев Усть-Анзасского ТУ – 49, Усть-Кыбырзинского ТУ – 74, Кызыл-Шорского ТУ – 26; абаканских шорцев Матурского сельсовета – 38).

Классические генетические маркеры. ABO, Rhesus (DCcEe), MN, Kell генотипированы в **1384** образцах (603 алтайцев, 522 хакасов, 259 шорцев). Кроме того, систему ABO типировали у 376 горных шорцев Усть-Анзасского ТУ, в том числе в 1970 годы у 272 (Битадзе Л.О., 1986), в 2000 годы у 104; систему Rhesus – у 230 человек, в том числе в 1970 годы у 148 (Лавряшин Б.В., Платунова Е.И., 1976), в 2000 году у 82; систему гаптоглобина (HP) – у 169 горных шорцев Усть-Анзасского ТУ, в том числе в 1970 годы 84 (Битадзе М.О., 2000), в 2000 годы – у 85; группоспецифический компонент (GC) – у 142 человек, в том числе в 1970 годы у 57 (Битадзе М.О., 2000), а в 2000 годы у 85.

Дерматоглифические признаки. Фенотипы главных ладонных линий, ладонные зоны, осевой и дополнительные трирадиусы, пальцевые узоры, тотальный фенотип по пальцам, дельтовый индекс и индекс Камминса проанализированы у **312** усть-анзасских шорцев, в том числе в 1970 годы у 103 мужчин и 143 женщин (Битадзе Л.О., 1986) и в 2000 годы – у 31 мужчины и 35 женщин.

Таблица 1. Источники информации и объемы собранных демографических данных о коренных южносибирских народностях

Объединение народов	Территориальная группа	Малые народности	Записи похозяйственных книг архивов сельских территорий			Акты о заключении брака районных архивов ЗАГС				
			Всего	Поколение (годы)		Всего	Поколение (годы)			
				1940	1970		2000	1940	1970	2000
АЛТАЙЦЫ	ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ	Алтай-кижи	7347	1731	1791	3825	1543	94	303	1146
		Теленгиты	5692	1310	1592	2790	672	69	230	373
	СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ	Кумандинцы	4135	1161	1842	1132	175	63	77	35
		Тубалары Челканцы	4304 2247	1221 676	1636 960	1447 611	144 95	25 21	54 42	65 32
	Всего	23725	6099	7821	9805	2629	272	706	1651	
ХАКАСЫ	Качинцы	7302	1787	3142	2373	309	107	175	27	
	Койбалы	1926	785	741	400	128	29	84	15	
	Кызыльцы	971	361	334	276	77	26	31	20	
	Сагайцы	15971	4189	5123	6659	2821	630	1124	1067	
	Всего	26170	7122	9340	9708	3335	792	1414	1129	
ШОРЦЫ	Абаканские шорцы	683	288	218	177	90	10	48	32	
	Горные шорцы	7160	3272	2285	1603	392	63	190	139	
	Всего	7843	3560	2503	1780	482	73	238	171	

Маркеры Y хромосомы. 42 гаплогруппы Y хромосомы (SNP маркеры указаны в скобках) – K(M9), F(M89), P(M45), C(M130), C3(M217), N1(LLY22g), N1b(P43), N1c1(M178), Q(M242), R(M207), R1b(M343), R1a1a(M198), C2(M38), C3c(M48), D(M174), E(M96), E1b1b1(M35), E1b1b1a(M78), G2a(P15), G2a1a(P18), G2a3b1(P303), J(M304), J1(M267), J2(M172), H(M69), I(M170), I1(M253), I2a(P37), D2(P37.1), L(M20), L1(M27), L2(M317), L3(M357), O2(P31), O3(M122), O3a3(P201), O3a3a(M159), O3a3b(M7), O3a3c(M134), R1b1b2(M269), R1b1b1(M73), T(M70) – генотипированы в 728 образцах ДНК (406 алтайцев, 185 хакасов, 137 шорцев).

Квазигенетические маркеры (фамилии). Проведен анализ 2 363 фамилий у 44 576 представителей коренных южносибирских этносов: выявлено 976 фамилий северных алтайцев, 1374 хакасов, 310 шорцев. Фамилии южных алтайцев не анализировались вследствие недавней истории их распространения (начало XX века).

2.3. МЕТОДЫ ТИПИРОВАНИЯ И СТАТИСТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА

Статистический анализ демографических данных

Анализ демографических данных проведен стандартными биометрическими методами (Лакин Г.Ф., 1990; Боровиков В., 2003) и специальными методами генетической демографии. Для определения границ элементарной популяции вычисляли индекс эндогамии (Gavalli-Sforza L.L., Bodmer W.F., 1971). Оценку уровня метисации проводили на основе показателя интенсивности метисации (t) (Gavalli-Sforza L.L., Bodmer W.F., 1971). Для оценки параметров численности рассчитывали репродуктивный объем (Nr) и эффективно-репродуктивный объем (Ne) (Wright S., 1931). Дрейф генов рассчитывали как величину обратно пропорциональную Ne (Ли Ч., 1978). Для исследования роли фактора миграций анализировали динамику брачной структуры, вычисляли индекс миграции (Рычков Ю.Г., 1979) и показатель этнической брачной ассортативности (A') (Курбатова О.Л и др., 1996). Параметры естественного отбора (I_{TOT}) оценивали по методу, предложенному Кроу (Crow J.F., 1958). Парное сравнение частот проводили на основе Т-критерия для выборочной доли (Лакин Г.Ф., 1990). При множественном сравнении средних значений в трех и более группах использовали апостериорный критерий LSD (Боровиков В., 2003).

Анализ генетических и квазигенетических маркеров

Материалом для исследования аутомомных ДНК маркеров и гаплогрупп Y хромосомы послужила геномная ДНК, выделенная из цельной крови стандартным методом фенол-хлороформной экстракции (Johns M.V.Jr., Paulus-Thomas J.E., 1989). Результаты амплификации аутомомных ДНК маркеров оценивали при помощи электрофореза в агарозном геле. Для детекции ДНК использовали окраску гелей бромистым этидием с последующей визуализацией ДНК в УФ-свете. При генотипировании CCR2 Val64Ile ПЦР-продукт подвергался предварительной рестрикции. Анализ SNP маркеров Y хромосомы проводили методом TaqMan (Applied Biosystems) на приборе ABI 7900. Типирование эритроцитарных систем групп крови ABO, Rhesus, MN и Kell осуществляли при помощи цоликлонов методом агглютинации на плоскости (Шевченко Ю.Л., Жибурт Е.Б., 2000). Сывороточные белки гаптоглобин (HP) и группоспецифический компонент (GC) исследовались методом вертикального электрофореза в полиакриламидном геле с гистохимическим окрашиванием электрофореграмм по методу Н. Harris et al. (1976). Отпечатки

пальцевых и ладонных узоров брались методом Т.Д. Гладковой (1966) и интерпретировались по стандартной схеме (Cummins H., Midlo C., 1943).

По данным о частотах аллелей аутосомных ДНК и классических генетических маркеров рассчитывали наблюдаемую (H_O), теоретически ожидаемую (H_E) гетерозиготности и их отклонение – коэффициент гетерозиготности (K_H). По данным о частотах аллелей, гаплогрупп и фамилий вычисляли генетические расстояния (d) между популяциями (Nei M., 1975). На основе матриц генетических расстояний создавались дендрограммы по Уорду и графики многомерного шкалирования в программе STATISTICA. Качество результатов шкалирования оценивали с помощью показателя стресса (S_O) и коэффициента отчуждения – алиенации (K_O) (Дерябин, 2004). Подразделенность популяций оценивали по усредненным генетическим расстояниям между популяциями (\bar{d}), нормированной дисперсии F_{ST} , AMOVA (Excoffier L., Lischer H.E.L., 2010) и показателю межпопуляционной подразделенности G_{ST} (Nei M., 1975). Подразделенность популяций разного иерархического уровня анализировали с использованием подходов, изложенных в работах (Рычков Ю.Г., Ящук Е.В., 1980, 1983, 1985, 1986).

Для количественного определения меры генетического различия между поколениями шорцев по частоте аллелей классических генетических маркеров и дерматоглифических признаков рассчитывали показатель сходства (r) и критерий идентичности (I) (Животовский Л.А., 1983). Внутрипопуляционное разнообразие оценивали по усредненным показателям гетерозиготности и фенетическому разнообразию (μ) (Животовский Л.А., 1980).

Данные о распространении фамилий анализировали методом изонимии (Crow J.F., Mange, 1965; Crow J.F., 1980) с использованием подходов, изложенных в работе Г.И. Ельчиновой и Н.В. Кривенцовой (2004). На основе числа общих фамилий рассчитывали коэффициент родства по изонимии (R_i) (Lasker G.W., 1977).

III. ОСНОВНЫЕ ПРИНЦИПЫ ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ КОРЕННЫХ НАРОДОВ ЮЖНОЙ СИБИРИ

Популяционно-генетическое изучение коренного населения Сибири сопряжено с объективными проблемами, которые можно выразить в следующих терминах:

✓ **проблема выбора оптимальных модельных объектов** – в этнических ареалах коренных народностей присутствует территориальная специфика популяционно-генетической структуры, которая определяется такими факторами, как численность, дисперсность расселения коренных народов, полиэтничность окружающей среды, географическое положение этнических ареалов, что необходимо принимать во внимание при организации и проведении исследований;

✓ **проблема отсутствия объективных критериев формирования выборок** – несовершенство этнических классификаций, сложный, многоступенчатый и незавершенный этногенез остро ставят вопрос об объективности деления либо объединения сибирских народностей при популяционных исследованиях и определяют противоречивость результатов, полученных в многочисленных работах по изучению генофондов коренного населения Сибири. В настоящем исследовании данные проблемы были учтены, разработаны и обоснованы основные пути их решения (табл. 2).

Таблица 2. Основные проблемы организации и проведения исследований коренных народностей Южной Сибири

<i>ПРОБЛЕМЫ</i>		
ОТЛИЧИЕ ТЕМПОВ МЕЖЭТНИЧЕСКОГО СМЕШЕНИЯ КОРЕННЫХ НАРОДНОСТЕЙ	НЕОДНОРОДНОСТЬ НАЦИОНАЛЬНОГО СОСТАВА И РАСПОЛОЖЕНИЯ ЭТНИЧЕСКИХ АРЕАЛОВ	НЕСОВЕРШЕНСТВО ЭТНИЧЕСКИХ ДЕФИНИЦИЙ КОРЕННЫХ НАРОДНОСТЕЙ
<i>ПОДХОДЫ К РЕШЕНИЮ ПРОБЛЕМ</i>		
СБОР ДЕМОГРАФИЧЕСКИХ ДАННЫХ И АНАЛИЗ ГЕНЕТИКО-ДЕМОГРАФИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ		ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ
<p>Оценка интенсивности процессов межэтнического смешения:</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ по уровню и структуре межнациональных браков (данные актов ЗАГС и записей похозяйственных книг) в динамике за три поколения (1940, 1970, 2000 гг.); ✓ по уровню этнической брачной ассортативности в динамике за три поколения (данные актов ЗАГС); ✓ по величине индекса метисации в динамике за три поколения; ✓ по динамике состава фамилий за три поколения. 	<p>Оценка специфики этнических ареалов:</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ по национальному составу и доле коренных народов в структуре населения (данные записей похозяйственных книг) в динамике за три поколения (1940, 1970, 2000 гг.); ✓ по уровню индекса эндогамии (данные актов ЗАГС) в динамике за два поколения (1970, 2000 гг.); ✓ по географическому положению и состоянию транспортной инфраструктуры. 	<p>Оценка гетерогенности генофондов коренных народов на трех уровнях популяционной иерархии (анализ генетических маркеров и фонда фамилий):</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ этнотерриториальные объединения (алтайцы: южные и северные, хакасы, шорцы); ✓ малые народности (алтай-кижи, теленгиты, кумандинцы, тубалары, челканцы, качинцы, койбалы, кызыльцы, сагайцы; горные и абаканские шорцы); ✓ локальные популяции (модельный объект – шорцы).
<i>ИТОГИ</i>		
Определение оптимальных модельных объектов для исследования генофондов коренного населения Южной Сибири		Определение принципов формирования выборок для анализа структуры генофонда

3.1. ВЫБОР МОДЕЛЬНЫХ ОБЪЕКТОВ

Проблема определения оптимальных для целей настоящего исследования модельных объектов решалась на основе анализа генетико-демографической информации о коренном населении Южной Сибири (табл. 2). Сбор демографических данных проводился тотально в границах этнических ареалов коренных народностей с учетом данных об истории поселений. Было изучено три временных среза (1940, 1970, 2000 гг.) с интервалом между ними в среднем в 30 лет, что соответствует у коренных сибирских народностей неперекрывающимся поколениям (Rychkov Yu.G., Sheremetyeva V.A., 1977; Битадзе Л.О., 1986; Ульянова М.В., 2010). Данный подход позволил оценить не только современное состояние анализируемых этносов, но и проанализировать динамику ряда важных параметров во времени.

Границы элементарной популяции коренных народностей

Индекс эндогамии – доля браков, заключенных между уроженцами данной популяции (Cavalli-Sforza L.L., Bodmer W.F., 1971) – рассчитывался для трех иерархических популяционных уровней (регион, район, поселок) на основе актов ЗАГС (табл. 3).

Таблица 3. Обобщенные показатели индекса эндогамии у коренного населения Южной Сибири (по данным актов ЗАГС о заключении браков)

Популяции	Поколение (годы)	Индекс эндогамии в популяциях		
		РЕГИОН	РАЙОН	ПОСЕЛОК
Южные алтайцы	1970	0.864	0.602	0.253
	2000	0.941	0.682	0.299
Алтай-кижи	1970	0.868	0.541	0.244
	2000	0.943	0.639	0.290
Теленгиты	1970	0.878	0.617	0.266
	2000	0.936	0.732	0.284
Северные алтайцы	1970	0.679	0.548	0.066
	2000	0.789	0.563	0.211
Кумандинцы	1970	0.662	0.558	0.065
	2000	0.714	0.571	0.171
Тубалары	1970	0.833	0.630	0.074
	2000	0.815	0.523	0.185
Челканцы	1970	0.548	0.476	0.048
	2000	0.844	0.719	0.281
Хакасы	1970	0.815	0.544	0.188
	2000	0.803	0.551	0.236
Качинцы	1970	0.777	0.287	0.242
	2000	0.852	0.259	0.074
Койбалы	1970	0.917	0.441	0.214
	2000	1.000	0.200	0.133
Кызыльцы	1970	0.889	0.407	0.222
	2000	0.900	0.450	0.200
Сагайцы	1970	0.822	0.563	0.171
	2000	0.859	0.555	0.184
Шорцы	1970	0.697	0.603	0.150
	2000	0.682	0.512	0.135
Шорцы абаканские	1970	0.438	0.292	0.104
	2000	0.594	0.344	0.156
Шорцы горные	1970	0.758	0.679	0.158
	2000	0.719	0.554	0.115

Сравнение индекса эндогамии в двух поколениях (1970 и 2000 гг.) коренных народностей Южной Сибири выявило разнонаправленность тенденций в изменении границ элементарной популяции, определяемых по индексу эндогамии >0.5 (Gavalli-Sforza L.L., Bodmer W.F., 1971). Так, у большинства народностей горного и степного Алтая (алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, челканцев) и у абаканских шорцев индекс внутриселковой, внутрирайонной и внутрирегиональной эндогамии в поколении 2000 годов возрастает по сравнению с поколением 1970 годов, выявляя тенденцию к снижению интенсивности брачных миграций. При этом величины индекса эндогамии существенно варьируют: у кумандинцев, тубаларов и абаканских шорцев он оказывается значительно ниже, чем у алтай-кижи и теленгитов. Подчеркнем, что полученные нами оценки эндогамии алтай-кижи и челканцев поколения 2000 годов полностью сопоставимы с данными, приведенными ранее А.Н. Кучер с соавторами (2005).

Что касается коренных народностей Кузнецкого Алатау и Хакасско-Минусинской котловины, то у них наблюдаются иные процессы. У горных шорцев доля эндогамных браков, заключенных между уроженцами одного поселка, района и региона в 2000 годы снижается. У качинцев и койбалов на современном этапе возрастает доля эндогамных браков, заключенных между уроженцами региона (Республика Хакасия). Это указывает на увеличение дальности брачных миграций качинцев и койбалов вследствие снижения их численности в местах компактного расселения. В целом, анализ показателей эндогамии свидетельствует о том, что у большинства исследованных народов на современном этапе элементарной популяцией является район. Для абаканских шорцев, качинцев, койбалов и кызыльцев элементарной популяции соответствует регион – Республика Хакасия.

Межэтнические браки в локальных популяциях

Сравнение частоты межэтнических браков и показателя интенсивности метисации (t) демонстрирует территориальные различия в темпах межэтнического смешения в локальных популяциях одной и той же народности (табл. 4). Так, у алтай-кижи в моноэтнической Куладинской с/а РА частота межэтнических браков оказалась в четыре раза ниже, чем в полиэтнической Онгудайской с/а. У теленгитов Улаганского района РА частота межэтнических браков в два раза выше, чем у теленгитов Кош-Агачского района РА. Указанные популяции теленгитов характеризуются различным спектром межэтнических браков, оказывающим влияние на этническую брачную ассортативность в изученных популяциях; в Кош-Агачском районе 54.8% населения составляют казахи (Макошева А.А. и др., 2006), а в Улаганском районе, кроме теленгитов, проживают алтай-кижи. Варьирование показателя частоты межэтнических браков также было отмечено в локальных популяциях кумандинцев, тубаларов, качинцев, сагайцев и горных шорцев (табл. 4).

Показатель интенсивности метисации или времени смешения (t) позволяет прогнозировать сколько потребуется поколений, чтобы при сохранении данного уровня межэтнических браков популяция достигла заданного уровня межэтнического смешения (M). Например, частота представителей народности, несущих «чужие» гены, достигнет конкретной величины – 50%. Показатель (t) наглядно иллюстрирует различие темпов межэтнического смешения в локальных популяциях коренных южносибирских народностей (табл. 4). Так, при средней длине поколения в 30 лет и при сохранении частоты межэтнических браков у онгудайских алтай-кижи 50% уровень смешения можно прогнозировать через 144 года, а у куладинских алтай-кижи

Таблица 4. Частота межэтнических браков и интенсивность метисации (t) в локальных южносибирских популяциях (по данным похозяйственных книг, 2000 годы)

Народность	Регион	Район	Локальная популяция	Н браков	Частота межэтнических браков (%±ошибка)	Интенсивность метисации (t , $M=90\%$)
Алтай-кижи	Республика Алтай	Онгудайский	Куладинская	276	3.9 ± 1.17	58.0
			Онгудайская	306	13.4 ± 1.95*	16.0
Теленгиты	Республика Алтай	Кошагачский Улаганский	Белтырская	78	15.4 ± 4.08	12.5
			Улаганская Чибилинская	283	29.9 ± 2.72*	6.6
Кумандинцы	Алтайский край	Красногорский	Красногорская, Калташинская, Усть-Кажинская Новозыковская	99	68.7 ± 4.66	2.0
			Солтонский	Солтонская Сузопская Нижне-Ненинская Кумандинская	140	75.0 ± 3.66
Тубалары	Республика Алтай	Турочакский Чойский	Артыбышская	72	68.1 ± 5.49	2.0
			Кебезенская	129	56.4 ± 4.36	2.8
			Ыныргинская	65	73.8 ± 5.45*	1.7
Качинцы	Республика Хакасия	Бейский Орджоникидзевский Ширинский	Куйбышевская	78	43.6 ± 5.61	4.0
			Новомарьясовская	130	38.5 ± 4.27	4.7
			Спиринская	101	37.6 ± 4.82	4.9
			Ефремкинская	54	25.9 ± 4.96*	7.7
Сагайцы	Республика Хакасия	Аскизский Таштыпский	Аскизская	716	26.0 ± 1.63	7.6
			Таштыпская	253	47.4 ± 3.14*	3.6
Шорцы горные	Кемеровская область	Таштагольский	Кызыл-Шорская	48	29.2 ± 6.56	6.7
			Усть-Кабырзинская	69	31.9 ± 5.61	6.0
			Усть-Анзасская	41	7.3 ± 4.06*	30.4

Примечание: * – статистически значимые отличия между локальными популяциями одной народности (по данным Т-критерия Стьюдента)

– через 522 года.

С учетом выявленных локальных особенностей нами определена оптимальная для цели настоящей работы стратегия выбора модельных объектов и сбора генетико-демографической информации. Она основана на следующих принципах.

1. Сбор данных о малочисленных народностях: теленгитах, кумандинцах, тубаларах, челканцах, качинцах, койбалах, кызыльцах и шорцах целесообразно проводить тотально во всех местах компактного проживания коренных этносов, которые находятся в границах выявленной у народности элементарной популяции.

2. Сбор данных о более многочисленных народностях – алтай-кижи и сагайцах – целесообразно осуществлять одновременно в локальных популяциях двух типов: моно- и полиэтничных. Данный подход позволяет нивелировать территориальную специфику и получить обобщенные генетико-демографические оценки состояния этноса.

В целом, в результате отбора оптимальных модельных объектов нашим обследованием охвачено коренное население 29 сельских территорий 13 районов 4 регионов: Алтайского края, Кемеровской области, республик Алтай и Хакасия.

3.2. ОБОСНОВАНИЕ ПРИНЦИПОВ ФОРМИРОВАНИЯ ВЫБОРОК

Формирование выборок объективно значимых для описания структуры генофондов коренного населения Южной Сибири проводилось на основе изучения подразделенности ($G_{ST} \approx F_{ST}$) южносибирских популяций разного иерархического уровня (табл. 2) и анализа соответствия полученных значений принципу эквидистантности (Балановская, 1998). За *верхний* уровень была принята совокупная популяция коренных этносов Южной Сибири. За *средний* – этнотерриториальные объединения южносибирских народностей – северные алтайцы, южные алтайцы, хакасы и шорцы. *Базовый* уровень включал алтайские народности: алтай-кижи, теленгитов, кумандинцев, тубаларов, челканцев; хакасские народности: качинцев, койбалов, кызыльцев, сагайцев; субэтноты и локальные популяции шорцев: шорцы абаканские (Матурский сельсовет), шорцы горные (Усть-Анзасское, Усть-Кабырзинское, Кызыл-Шорское территориальные управления).

Межпопуляционная подразделенность генофондов коренного населения Южной Сибири

Полученные нами значения коэффициента родства по изонимии (R_i) оказались ниже (табл. 5), чем у тувинцев (Санчат Н.О. и др., 1998) и якутов (Данилова Л.П. и др., 2004), указывая на гетерогенность исследованных южносибирских народностей. При этом коэффициенты $\overline{R_i}$ у хакасов и шорцев находятся в соответствии с результатами изучения молекулярно-генетических и классических генетических маркеров (табл. 6). Так, $\overline{R_i}$ у шорцев оказался на порядок выше, чем у хакасских народностей, что говорит о генетическом сходстве субэтноты абаканских и горных шорцев и гетерогенности хакасских народностей. Такая же картина обнаружена по генетическим расстояниям (\overline{d}) и показателям межпопуляционной подразделенности ($G_{ST} \approx F_{ST}$), полученным по классическим, аутосомным ДНК маркерам и гаплогруппам Y хромосомы (табл. 6).

Несоответствие между данными о фамилиях и генетических маркерах обнаружено только для северных алтайцев, у которых $\overline{R_i}$ сопоставимо с $\overline{R_i}$ у шорцев,

Таблица 5. Число общих фамилий и коэффициент родства по изонимии (Ri) у коренных южносибирских народностей (данные похозяйственных книг: 2000 годы)

Народность	Северные алтайцы			Хакасы				Шорцы	
	Кумандинцы	Тубалары	Челканцы	Качинцы	Койбалы	Кызыльцы	Сагайцы	Абакан.	Горные
Кумандинцы		43	19	4	3	1	5	1	10
Тубалары	.00003863		26	2	0	1	3	2	10
Челканцы	.00001390	.00000304		3	0	0	3	1	13
Качинцы	.00000075	.00000029	.00000104		10	5	45	4	6
Койбалы	.00000334	0	0	.00000527		1	15	0	0
Кызыльцы	.00000162	.00000127	0	.00000385	.00000456		10	1	0
Сагайцы	.00000033	.00000016	.00000037	.00000143	.00000282	.00000274		19	12
Шорцы абак.	.00000251	.00000392	.00000465	.00000477	0	.00001030	.00000807		11
Шорцы горн	.00000278	.00000216	.00000667	.00000079	0	0	.00000056	.00001938	

Примечание: сверху над диагональю указано число общих фамилий, снизу – величина коэффициента Ri

Таблица 6. Подразделенность популяций коренного населения Южной Сибири по данным четырех маркеров

Энотерриториальные объединения	Аутосомные ДНК маркеры		Гаплогруппы Y хромосомы		Классические генетические маркеры		Фамилии
	\bar{d}	G_{ST} (%)	\bar{d}	F_{ST} (%)	\bar{d}	G_{ST} (%)	\bar{Ri}
СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ	0.0180	1.75	0.800	20.03	0.0160	2.74	0.00001852
ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ	0.0039	0.33	0.092	3.16	0.0013	0.12	-
ХАКАСЫ	0.0162	2.10	0.850	30.27	0.0098	1.31	0.00000344
ШОРЦЫ	0.0037	0.36	0.092	4.67	0.0036	0.36	0.00001938

Примечание: \bar{d} – усредненные генетические расстояния в пределах группы; G_{ST} – показатель межпопуляционных различий Нея; F_{ST} – AMOVA; \bar{Ri} – усредненное значение коэффициента родства по изонимии

что должно свидетельствовать о гомогенности северных алтайцев. Однако по данным о генетических маркерах выявлены значительные отличия между генофондами североалтайских народностей. Можно предполагать, что усиливающееся межэтническое смешение северных алтайцев уже отразилось в их семейной структуре, но еще не оказало выраженного влияния на генофонд. По всей видимости, фамилии, как маркеры, в популяционно-генетических исследованиях оказываются более чутким индикатором и, соответственно, дают более быстрый «отклик» при трансформации популяционной структуры. Это заключение подтверждается расчетом генетических расстояний (d) между поколениями усть-анзасских горных шорцев (раздел VI), которые при анализе фонда фамилий оказываются в 2.5 раза больше ($d=0.053$), чем по данным классических генетических маркеров ($d=0.020$).

В целом, при сравнении показателей G_{ST} , полученных по данным об аутосомных ДНК и классических генетических маркерах (табл. 5), обращает на себя внимание сходная характеристика межпопуляционной подразделенности южносибирских народностей. Показатель F_{ST} AMOVA, рассчитанный по гаплогруппам Y хромосомы, несмотря на более высокий на порядок уровень изменчивости, также отражает тот же паттерн различий между народностями Южной Сибири.

Для обоснования принципов формирования выборок из генофондов Южной Сибири важно подчеркнуть, что анализ подразделенности южносибирских популяций разного иерархического уровня продемонстрировал нарушение принципа эквидистантности. С позиций популяционной генетики, если принцип объединения популяций в группы (классификация) соответствует их реальному родству и общности происхождения, то вклад каждого иерархического уровня в суммарную межпопуляционную изменчивость должен быть примерно одинаков, то есть сохраняется принцип эквидистантности – равновеликий вклад различных уровней популяционной системы (Балановская Е.В., 1998). Однако по данным аутосомных ДНК и классических генетических маркеров межпопуляционная изменчивость на уровне малых народностей составила 2.8%, а на уровне этнических объединений – 1.1%, то есть различия между народностями в 2.5 раза выше, чем различия на уровне их объединений (табл. 7). Аналогичное соотношение получено и по гаплогруппам Y-хромосомы. Межпопуляционная изменчивость на уровне малых народностей составила 12.0%, а на уровне этнических объединений – 3.0%, то есть вновь обнаруживается резкое нарушение принципа эквидистантности в иерархической структуре популяций.

Таблица 7. Генетическая подразделенность коренных южносибирских популяций разного иерархического уровня

Популяция	Аутосомные ДНК маркеры G_{ST} (%)	Гаплогруппы Y хромосомы F_{ST} (%)	Классические генетические маркеры G_{ST} (%)
Южная Сибирь	3.99	15.0	4.01
Уровень объединений (средние различия между объединениями)	1.14	3.0	1.13
Уровень народностей (средние различия между народностями)	2.85	12.0	2.89

Таким образом, все три типа генетических маркеров выявляют нарушение принципа эквидистантности. Это говорит о том, что объединение малых народностей в крупные этнотерриториальные группы не соответствует исторической модели их формирования, и если анализ опирается на этнотерриториальные объединения, а не на малые народности, то происходит занижение реальной изменчивости генофондов Южной Сибири в 2-4 раза (табл. 7). Следовательно, именно малыми народностями задается основной размах изменчивости генофонда Южной Сибири, и поэтому именно на них, а не на территориальные объединения, должен делаться основной акцент при формировании выборок в популяционно-генетических исследованиях.

IV. ГЕНОФОНДЫ КОРЕННЫХ НАРОДНОСТЕЙ ЮЖНОЙ СИБИРИ И ИХ ПОЛОЖЕНИЕ В СТРУКТУРЕ ГЕНОФОНДОВ НАРОДОВ СЕВЕРНОЙ АЗИИ

С момента введения А.С. Серебровским (1928) в научную терминологию понятия «генофонд» его всестороннее изучение, исследование закономерностей сохранения и преобразования генетической структуры популяций – одна из ключевых задач популяционной генетики. В настоящей работе полиморфизм и генетическое разнообразие коренных народностей Южной Сибири были исследованы на основе 9 аутосомных ДНК маркеров (CCR2Val64Ile, CCR5del32, ALU: ACE1, TPA25, A25, PV92, ApoA1, B65, F13B), 6 классических генетических маркеров (ABO, RH, MN, Kell, HP, GC) и 42 гаплогрупп Y-хромосомы (K, F, P, C, C3, N1, N1b, N1c1, Q, R, R1b, R1a1a, C2, C3c, D, E, E1b1b, E1b1b1a, G2a, G2a1a, G2a3b1, J, J1, J2, H, I, I1, I2a, D2, L, L1, L2, L3, O2, O3, O3a3, O3a3a, O3a3b, O3a3c, R1b1b2, R1b1b1, T).

Генетическое своеобразие малых коренных народностей Южной Сибири

Аутосомные ДНК маркеры. Исследование полиморфизма CCR2Val64Ile, CCR5del32, ACE1, TPA25, A25, PV92, ApoA1, B65, F13B выявило своеобразие генофондов десяти малых народностей Южной Сибири. У горных и абаканских шорцев выявлена высокая частота аллеля CCR5 del32 (0.184 и 0.149 соответственно), что согласуется с данными литературы (Шахтшнейдер Е.В. и др., 2003), ALU-инсерции в гене PLAT (TPA25, 0.630 и 0.581) и в гене ACE (0.709 и 0.647). У сагайцев оказалась высокой частота SNP G→A в гене CCR2 (0.589), а у койбалов – ALU-F13B (0.814). У более монголоидных по данным антропологии народностей – алтай-кижи, теленгитов и кызыльцев – выявлена повышенная частота расоводиагностирующего маркера ALU-PV92 (0.607, 0.645 и 0.577 соответственно). Повышенная частота ALU-ACE, TPA25 и ApoA1 у южных алтайцев по сравнению с северными алтайцами согласуется с данными литературы (Степанов В.А., 2002).

Генетические расстояния (d) между коренными народностями Южной Сибири, рассчитанные по аутосомным ДНК маркерам, хорошо согласуются с данными антропологии и этнографии. Минимальные расстояния выявлены между алтай-кижи и теленгитами ($d=0.004$), тубаларами и челканцами ($d=0.006$), шорцами абаканскими и горными ($d=0.004$). Отмечены неожиданно большие генетические различия между хакасскими народностями ($\bar{d}=0.058$). Максимальные значения усредненной удаленности от всех изученных популяций зарегистрированы у кумандинцев ($\bar{d}=0.030$) и сагайцев ($\bar{d}=0.024$). В целом, наиболее высокий уровень генетических различий оказался у малых народностей Алтая ($G_{ST}=2.84\%$), в том числе у северных

алтайцев ($G_{ST}=1.75\%$), а также у хакасов ($G_{ST}=2.10\%$). Для шорцев и южных алтайцев характерен более низкий уровень подразделенности ($G_{ST}=0.36$ и 0.33%) (табл. 6), сопоставимый с подразделенностью восточнославянских народов – русских, украинцев белорусов – ($G_{ST}=0.36\%$, идентичная панель, данные сайта www.genofond.ru).

Дендрограмма и график многомерного шкалирования отражают сближение сагайцев и качинцев с северными алтайцами, а кызыльцев и койбалов – наиболее монголоидных из хакасских народов – с южными алтайцами, для которых также характерна большая выраженность монголоидных черт (рис. 1).

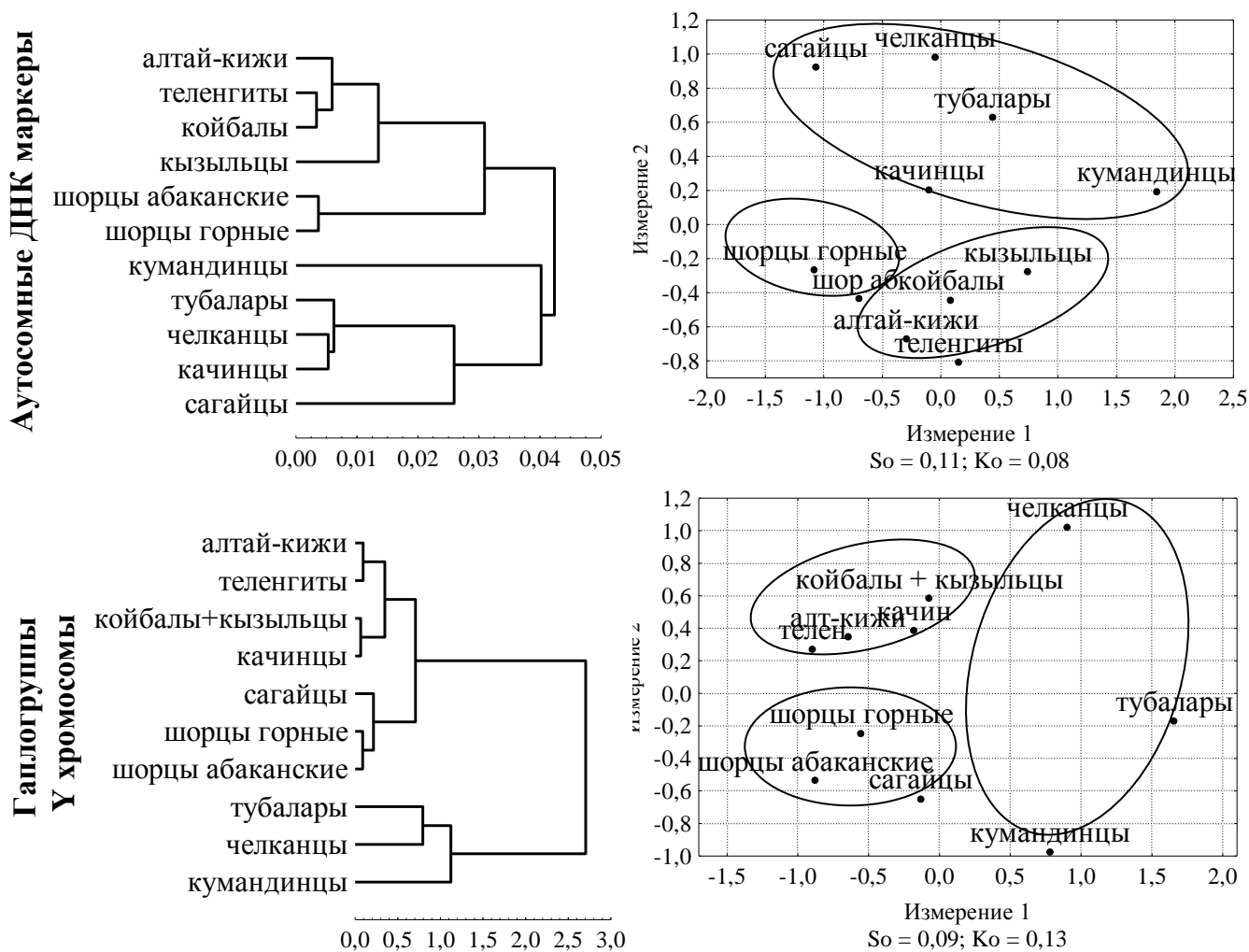


Рис. 1. Генетические взаимоотношения между коренными народностями Южной Сибири (молекулярно-генетические маркеры)

Гаплогруппы Y хромосомы. Генотипирование 42 гаплогрупп Y хромосомы выявило среди народностей Южной Сибири 21 гаплогруппу: C3, N1, N1b, N1c1, Q, R1a1a, C3c, D, E1b1b1a, G2a3b1, J2, H, I1, I2a, D2, L2, O2, O3, O3a3c, R1b1b2, T. Из них с частотой более 5% отмечены гаплогруппы R1a1a, Q, N1c1, N1b, R1b1b1. Гаплогруппа R1a1a широко распространена среди горных и абаканских шорцев (0.607 и 0.531 соответственно), тубаларов (0.506), алтай-кижи (0.579), теленгитов (0.443), сагайцев (0.333) и в совокупной выборке кызыльцев и койбалов (0.382). Гаплогруппа N1b с максимальной частотой регистрируется у качинцев (0.793). Гаплогруппа N1c1

является второй по распространенности у сагайцев (0.377) и у абаканских шорцев (0.438), притом, что у горных шорцев ее частота невысока (0.187). Не исключено, что это либо результат «сагайского влияния» на генофонд абаканских шорцев, либо следствие вклада бирюсинцев в генофонд обеих народностей. Гаплогруппа Q с высокой частотой выявлена в генофонде челканцев (0.545) и в совокупной выборке койбалов и кызыльцев Хакасии (0.441). Гаплогруппа R1b1b1 составляет половину генофонда кумандинцев (0.491).

Гетерогенность южносибирских народностей по данным о гаплогруппах Y хромосомы в целом соответствует результатам, полученным по аутосомным ДНК маркерам (табл. 6). Наименьшая дифференциация отмечена у южных алтайцев ($F_{ST} = 3.16\%$) и шорцев ($F_{ST} = 4.67\%$), наибольшая – у хакасов ($F_{ST} = 30.27\%$) и северных алтайцев ($F_{ST} = 20.03\%$). Дендрограмма и график многомерного шкалирования по гаплогруппам Y хромосомы (рис. 1) демонстрируют картину, близкую к соотношениям генофондов коренных народностей Южной Сибири по аутосомным ДНК маркерам. Однако наблюдаются и некоторые отличия. Если по данным обеих систем генетических маркеров на дендрограммах выявляются кластеры южных алтайцев, северных алтайцев и шорцев, то хакасские же народности (качинцы, койбалы и кызыльцы) образуют отдельный кластер только по данным о гаплогруппах Y хромосомы. По аутосомным ДНК маркерам основная часть хакасов присоединяется к южным алтайцам, а сагайцы – к кластеру шорцев.

Классические генетические маркеры. Результаты исследования классических генетических маркеров (ABO, Rhesus, MN, Kell) в целом согласуются с данными анализа ДНК маркеров. Минимальные генетические расстояния выявлены между алтай-кижи и теленгитами ($d=0.001$); тубаларами и челканцами ($d=0.014$); качинцами и сагайцами ($d=0.009$); шорцами абаканскими и горными ($d=0.004$), а кумандинцы характеризуются максимальной усредненной удаленностью от всех исследованных популяций ($\bar{d}=0.024$). Уровень межпопуляционной подразделенности (табл. 6) у алтайцев ($G_{ST} = 2.53\%$) и хакасов ($G_{ST} = 1.31\%$), в том числе и в подгруппе северных алтайцев ($G_{ST} = 2.74\%$), оказывается на порядок выше, чем у шорцев и южных алтайцев ($G_{ST} = 0.36$ и 0.12% соответственно).

Дендрограмма и график многомерного шкалирования (рис. 2) выявляют два кластера южносибирских народностей, различающихся по выраженности монголоидных черт: шорцы, северные алтайцы и сагайцы, характеризующиеся большей европеоидностью, образуют один кластер, а более монголоидные алтай-кижи и теленгиты – другой.

В целом, матрицы генетических расстояний по данным о молекулярно-генетических и классических генетических маркерах обнаруживают близкие паттерны соотношений генофондов коренного населения Южной Сибири. Выявляются общие кластеры народностей горного и степного Алтая (южных и северных алтайцев), Кузнецкого Алатау (шорцев), что свидетельствует об этногенетическом родстве входящих в их состав малых народностей. Обращают на себя внимание резкие различия в положении народностей Хакасско-Минусинской котловины (хакасов), что, возможно, отражает их формирование на основе общего субстрата с алтайцами и шорцами, но при участии различных этнических компонентов, участвовавших в этногенезе хакасов. Исследование этого вопроса требует привлечения возможностей филогенетического анализа Y хромосомы и расширения спектра изученных этносов Северной Азии.

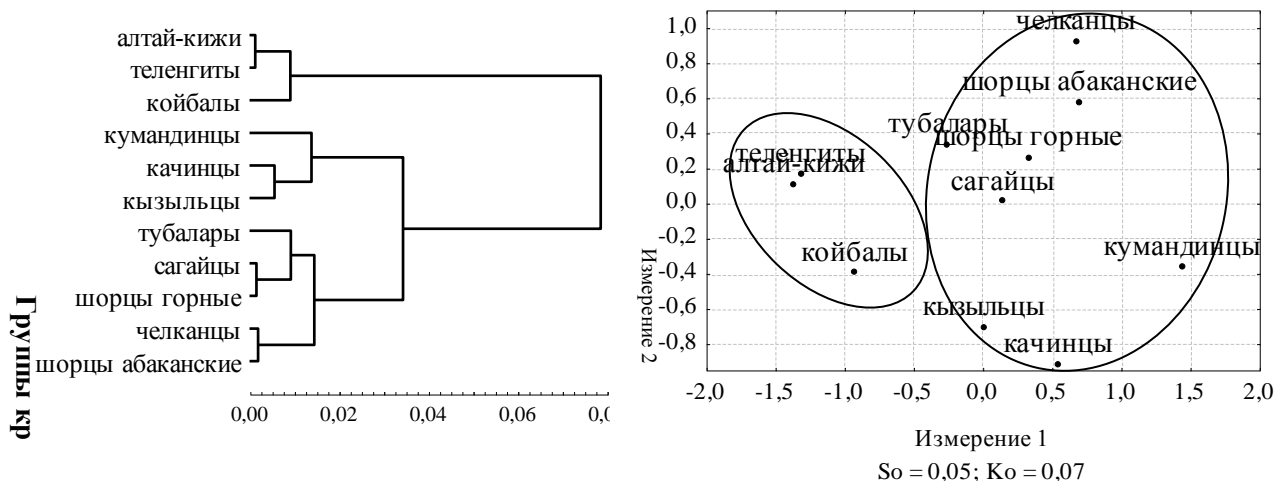


Рис. 2. Генетические взаимоотношения между коренными народами Южной Сибири (данные классических генетических маркеров)

Положение генофондов коренных народностей Южной Сибири в генетическом пространстве коренных народов Северной Азии

Для сравнительного анализа генофондов Южной Сибири и Северной Азии привлечены литературные данные о бурятах, казахах, киргизах, уйгурах, тувинцах и якутах, исследованных по идентичной панели из 8 аутосомных ДНК и 4 классических генетических маркеров (Генофонд и геногеография..., 2000; Степанов В.А., 2002; Хитринская И.Ю. и др., 2003; интернет-ресурсы www.genofond.ru; www.alfred.med.yale.edu). Анализ 17 сибирских народностей по данным двух типов аутосомных маркеров дал сходные результаты. Средние генетические расстояния (\bar{d}) от всех изученных популяций максимальны для кумандинцев (аутосомные ДНК маркеры – $\bar{d}=0.0408$, классические маркеры – $\bar{d}=0.0363$) и тувинцев ($\bar{d}=0.0312$, $\bar{d}=0.0462$ соответственно). На дендрограмме (рис. 3), отражая этногенетическое родство, изученные народности Южной Сибири объединяются в единые кластеры с народностями Северной Азии.

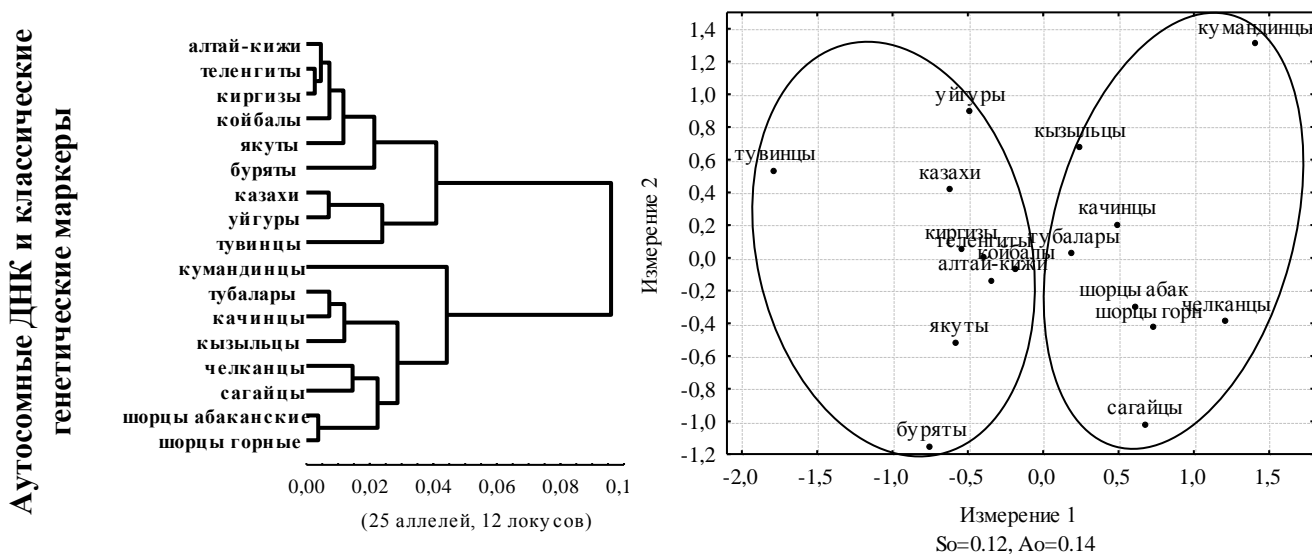


Рис. 3. Визуализация генетических взаимоотношений народов Северной Азии (данные аутосомных ДНК и классических генетических маркеров)

В соответствии с антропологической типологией выявлены два основных кластера, объединяющие этносы в зависимости от выраженности у них монголоидных черт. Нижний кластер объединяет народности, относящиеся к южносибирскому типу, что может указывать на общность исходного субстрата до периода тюркизации или же на общий тюркизирующий компонент. В верхнем кластере группируются популяции центральноазиатской расы, за исключением теленгитов и койбалов, которые согласно классификации А.Н. Багашева (1998) принадлежат к алтае-саянскому варианту южносибирского типа. В отношении койбалов известно, что их корни до тюркизации восходили к самодийскому пласту и, следовательно, они должны быть ближе к северным алтайцам. Однако причины такого «исключительного» положения современных койбалов, выявляемого на всех полученных дендрограммах (рис. 1-3), частично могут быть объяснены и межэтническим смешением, так как в результате угона хакасов в 1703 году в Джунгарию часть койбалов оказалась в составе южных алтайцев (Бутанаев В.Я., 1994).

В целом соотношения генофондов малых народностей, формирующих этнотерриториальные объединения алтайцев, хакасов и шорцев, и их положение в системе генофондов Северной Азии позволяют сделать обобщающий вывод о сохранившейся на современном этапе выраженной генетической гетерогенности южносибирских этносов, которая находит отражение в больших генетических различиях между малыми коренными сибирскими народностями.

V. ГЕНЕТИКО-ДЕМОГРАФИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ И ВЕДУЩИЕ ФАКТОРЫ МИКРОЭВОЛЮЦИИ В КОРЕННЫХ ЮЖНОСИБИРСКИХ ПОПУЛЯЦИЯХ (1940-2009 гг.)

Демографические и генетические изменения являются сторонами единого процесса и протекают одновременно, поэтому любые колебания в динамике численности, соотношения полов, типов браков, брачных миграций, структуры родства и других параметров неизбежно сопровождаются изменениями генофонда популяции (Динамика популяционных генофондов..., 2004). Нашим обследованием охвачено три поколения коренных народностей Южной Сибири в период с 1940 по 2009 гг. с интервалом между ними в одно поколение – в среднем в 30 лет (1940, 1970, 2000 годы). Первая временная граница – 1940 год – определялась датой, с которой в Южной Сибири стал производиться постоянный учет сельского населения в форме записей похозяйственных книг и регистрация актов гражданского состояния.

Половозрастная структура и параметры численности коренных народностей

Половозрастная структура определяет репродуктивный потенциал поколения, а значит, оказывает влияние на воспроизводство генов в ходе смены поколений и формирование генетического разнообразия популяций. Изучение средневозрастных характеристик в южносибирских популяциях продемонстрировало территориальные, временные, этнические и гендерные различия по данному параметру (табл. 8). Так, в 1940 и 1970 годы максимальный показатель *средний возраст* характерен для северных алтайцев, а в 2000 годы – для хакасов. Средний возраст женщин у всех южносибирских народностей во все изученные временные интервалы выше, чем у мужчин. Сравнение динамики среднего возраста в трех поколениях коренных

народностей Южной Сибири выявило общую тенденцию к «постарению» населения. Статистически значимая динамика роста среднего возраста обнаружена у всех южносибирских этносов без исключения. Наиболее интенсивный процесс роста среднего возраста характерен для народностей Хакасии.

Таблица 8. Динамика показателя «средний возраст» в коренном населении Южной Сибири (по данным похозяйственных книг)

Популяция	Пол	Поколение (годы)		
		1940	1970	2000
ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ	Σ	23.46 ± 0.32^{2,3}	24.43 ± 0.30^{1,3}	27.86 ± 0.23^{1,2}
	♂	21.11 ± 0.46	21.04 ± 0.38	26.33 ± 0.32
	♀	25.25 ± 0.43	27.34 ± 0.44	29.26 ± 0.33
Алтай-кижи		25.76 ± 0.49 ^{2,3}	27.53 ± 0.48 ^{1,3}	30.90 ± 0.33 ^{1,2}
Теленгиты		21.95 ± 0.51 ³	22.10 ± 0.47 ³	24.28 ± 0.34 ^{1,2}
СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ	Σ	27.57 ± 0.40³	28.29 ± 0.32³	31.03 ± 0.38^{1,2}
	♂	26.25 ± 0.58	26.45 ± 0.45	29.19 ± 0.50
	♀	28.62 ± 0.54	29.87 ± 0.46	32.85 ± 0.56
Кумандинцы		27.77 ± 0.66 ^{2,3}	30.77 ± 0.55 ^{1,3}	32.85 ± 0.65 ^{1,2}
Тубалары		27.07 ± 0.64 ³	26.90 ± 0.52 ³	29.82 ± 0.55 ^{1,2}
Челканцы		27.85 ± 0.78 ³	26.42 ± 0.65 ³	30.92 ± 0.83 ^{1,2}
ХАКАСЫ	Σ	25.56 ± 0.24^{2,3}	27.14 ± 0.21^{1,3}	33.01 ± 0.21^{2,3}
	♂	24.07 ± 0.36	24.46 ± 0.29	31.10 ± 0.28
	♀	26.85 ± 0.33	29.54 ± 0.31	34.72 ± 0.30
Качинцы		26.26 ± 0.51 ^{2,3}	28.47 ± 0.39 ^{1,3}	36.04 ± 0.47 ^{2,3}
Койбалы		25.35 ± 0.76 ^{2,3}	28.10 ± 0.78 ^{1,3}	34.58 ± 1.07 ^{1,2}
Кызыльцы		27.11 ± 1.14 ^{2,3}	32.89 ± 1.27 ¹	34.06 ± 1.45 ¹
Сагайцы		25.17 ± 0.32 ³	25.93 ± 0.28 ³	31.97 ± 0.25 ^{1,2}
ШОРЦЫ	Σ	26.85 ± 0.39³	26.90 ± 0.47³	31.37 ± 0.52^{1,2}
	♂	25.30 ± 0.56	25.07 ± 0.64	30.88 ± 0.71
	♀	28.33 ± 0.57	28.75 ± 0.68	31.88 ± 0.80
Шорцы абаканские		26.69 ± 1.33	26.02 ± 1.39	29.73 ± 1.48
Шорцы горные		27.05 ± 0.40 ³	27.77 ± 0.48 ³	33.01 ± 0.54 ^{1,2}

Примечание: правый верхний индекс показывает наличие статистически значимых ($p < 0.05$) отличий между поколениями (1 – 1940; 2 – 1970; 3 – 2000 гг.) по данным критерия LSD

К числу важных параметров, отражающих внутреннюю организацию популяций и характеризующих перспективы ее развития, относится также репродуктивный и эффективно-репродуктивный размер. Исследование динамики **параметров численности** свидетельствует о росте за три поколения тотального (Nt) и репродуктивного (Nr) размера популяций южных алтайцев и сагайцев (табл. 9 и 10). У качинцев, койбалов, кызыльцев, шорцев и северных алтайцев обнаружена тенденция к снижению параметров численности. Отношение эффективного размера к репродуктивной части населения (Ne/Nr) за три поколения снижается как в этнотерриториальных объединениях алтайцев, хакасов и шорцев, так и на уровне малых народностей. Исключение составляет только популяция теленгитов (табл. 9).

Таблица 9. Динамика параметров численности в популяциях алтайцев (по данным похозяйственных книг)

Популяция	Поколение (годы)	Параметры численности		
		<i>Nt/СП</i>	<i>Nr/СП</i>	<i>Ne/Nr</i>
СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ N = 10858	1940	3086 / 0.790	1224 / 0.883	0.9959
	1970	4574 / 0.845	1668 / 1.166	0.9940
	2000	3198 / 0.985	1515 / 1.356	0.9769
Кумандинцы N = 4135	1940	1161 / 0.741	441 / 0.917	0.9977
	1970	1842 / 0.909	655 / 1.298	0.9832
	2000	1132 / 1.043	515 / 1.696	0.9340
Тубалары N = 4304	1940	1221 / 0.905	456 / 1.027	1.0
	1970	1636 / 0.861	577 / 1.263	0.9861
	2000	1447 / 0.974	685 / 1.217	0.9898
Челканцы N = 2247	1940	676 / 0.690	314 / 0.653	0.9554
	1970	960 / 0.724	395 / 0.863	0.9949
	2000	611 / 0.915	315 / 1.172	0.9937
ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ N = 15020	1940	3645 / 0.769	1468 / 0.705	0.9700
	1970	4288 / 0.857	1655 / 0.968	0.9994
	2000	7087 / 0.908	3454 / 1.074	0.9988
Алтай-кижи N = 7347	1940	1731 / 0.731	716 / 0.701	0.9693
	1970	1791 / 0.911	754 / 1.100	0.9973
	2000	3825 / 0.911	1901 / 1.150	0.9953
Теленгиты N = 5692	1940	1310 / 0.840	518 / 0.774	0.9846
	1970	1592 / 0.843	571 / 0.860	0.9947
	2000	2790 / 0.916	1334 / 0.982	1.0

Обращает также на себя внимание динамика индекса *соотношения полов* (*СП*), которая отражает усиливающийся дисбаланс половой структуры в сторону увеличения доли мужского населения (см. табл. 9 и 10), что подтверждает тезис о более высокой миграционной активности современных женщин (Кривоногов В.П., 1998; Захаров С.В., Сурков С.В., 2009). Подобная диспропорция полов в пользу мужчин отмечалась по данным литературы и у других коренных сибирских этносов – ненцев Ямала (Волжанина Е.А., 2010).

Таким образом, анализ половозрастной структуры и параметров численности выявляет негативную динамику генетико-демографических процессов в коренном населении южной Сибири: постарение коренного населения, сдвиг показателя соотношения полов в сторону увеличения доли лиц мужского пола, снижение с 1940 по 2009 годы значения соотношения (*Ne/Nr*), то есть уменьшения эффективно-репродуктивного объема репродуктивной части населения. Все это позволяет прогнозировать снижение уровня рождаемости в коренных сельских популяциях и уменьшение численности изученных народностей. Данный прогноз уже находит подтверждение. За поколение среднее число беременностей и живорождений у южносибирских народностей снизилось, причем у алтайцев и шорцев выявленные различия уровня рождаемости носят статистически значимый характер ($p < 0.001$) (табл. 13).

Таблица 10. Динамика параметров численности в популяциях хакасов и шорцев (по данным похозяйственных книг)

Популяция	Поколение (годы)	Параметры численности		
		$Nt/СП$	$Nr/СП$	Ne/Nr
ХАКАСЫ N = 27629	1940	7540 / 0.854	3059 / 0.871	0.9951
	1970	9619 / 0.894	3809 / 1.134	0.9961
	2000	10470 / 0.896	5298 / 1.195	0.9921
Качинцы N = 7302	1940	1787 / 0.905	723 / 0.918	0.9986
	1970	3142 / 0.877	1315 / 1.181	0.9932
	2000	2373 / 0.918	1129 / 1.333	0.9796
Койбалы N = 1926	1940	785 / 0.772	326 / 0.940	1.0
	1970	741 / 0.786	282 / 1.120	0.9965
	2000	400 / 1.020	203 / 1.603	0.9458
Кызыльцы N = 971	1940	361 / 0.736	150 / 0.667	0.9600
	1970	334 / 0.866	138 / 1.421	0.9710
	2000	276 / 0.828	102 / 1.429	0.9706
Сагайцы N = 15971	1940	4189 / 0.863	1705 / 0.861	0.9947
	1970	5123 / 0.927	1965 / 1.095	0.9980
	2000	6659 / 0.895	3487 / 1.159	0.9946
ШОРЦЫ N = 7843	1940	3560 / 0.938	1408 / 0.994	1.0
	1970	2503 / 0.954	877 / 1.155	0.9943
	2000	1780 / 1.082	874 / 1.428	0.9680
Шорцы абаканские N = 683	1940	288 / 0.895	117 / 1.017	0.9915
	1970	218 / 1.057	91 / 1.116	0.9890
	2000	177 / 1.269	94 / 1.350	0.9787
Шорцы горные N = 7160	1940	3272 / 0.942	1291 / 0.992	1.0
	1970	2285 / 0.945	786 / 1.159	0.9949
	2000	1603 / 1.063	780 / 1.438	0.9679

Примечание: $СП$ – соотношение полов, Nt – тотальный, Nr – репродуктивный, Ne/Nr – доля эффективно-репродуктивный размера репродуктивной части популяции

Неблагоприятные тенденции генетико-демографических процессов в исследованных популяциях отражает и динамика соотношения фертильных классов (табл. 11 и 12). По данному соотношению определяют **тип воспроизводства** в популяции: расширенный, простой или суженный. Демографы выделяют три типа возрастных структур населения: прогрессивный, стационарный и регрессивный (Sundbärg A.G., 1904). Прогрессивный тип характеризуется высокой долей детей и низкой долей старшего поколения во всём населении. В основе его формирования лежит расширенный тип воспроизводства. При стационарном типе, в основе которого лежит простой тип воспроизводства, доли детских и старческих возрастных групп почти уравновешены. Суженный тип воспроизводства приводит к формированию регрессивного типа. Для него характерна высокая доля пожилых и старых людей и низкая – детей. Наше исследование показало, что у всех южносибирских народностей за изученный период (1940-2009 гг.) произошла смена типа воспроизводства: с расширенного у поколения 1940 годов на простой и суженный у поколения 2000 годов. Статистически значимое ($p < 0.05$) снижение в ряду поколений (1940, 1970, 2000 гг.) доли дорепродуктивного

фертильного класса зафиксировано во всех исследованных популяциях без исключения.

Таблица 11. Динамика частоты фертильных классов в популяциях алтайцев (по данным похозяйственных книг)

Популяция	Поколение (годы)	Фертильные классы		
		Дорепродуктивный	Репродуктивный	Пострепродуктивный
СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ	1940	42.16 ± 0.89³	39.97 ± 0.89^{2,3}	17.86 ± 0.69
	1970	43.75 ± 0.74³	36.62 ± 0.71^{1,3}	19.63 ± 0.59
	2000	33.18 ± 0.83^{1,2}	47.60 ± 0.89^{1,2}	19.23 ± 0.70
Кумандинцы	1940	43.24 ± 1.46 ³	38.45 ± 1.44 ³	18.31 ± 1.14 ^{2,3}
	1970	40.70 ± 1.15 ³	35.83 ± 1.12 ³	23.47 ± 0.99 ¹
	2000	31.23 ± 1.38 ^{1,2}	45.82 ± 1.49 ^{1,2}	22.95 ± 1.25 ¹
Тубалары	1940	44.33 ± 1.42 ³	37.44 ± 1.39 ³	18.23 ± 1.11
	1970	46.47 ± 1.23 ³	35.38 ± 1.31 ³	18.15 ± 0.95
	2000	35.34 ± 1.26 ^{1,2}	47.47 ± 1.31 ^{1,2}	17.19 ± 0.99
Челканцы	1940	37.07 ± 1.87 ^{2,3}	46.94 ± 1.93 ²	15.99 ± 1.42
	1970	43.54 ± 1.60 ^{1,3}	41.15 ± 1.59 ^{1,3}	15.31 ± 1.16
	2000	30.59 ± 1.87 ^{1,2}	51.81 ± 2.03 ²	17.60 ± 1.54
ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ	1940	46.92 ± 0.83³	40.60 ± 0.82³	12.42 ± 0.55³
	1970	48.13 ± 0.76³	38.60 ± 0.74³	13.27 ± 0.52³
	2000	35.71 ± 0.60^{1,2}	48.76 ± 0.59^{1,2}	15.53 ± 0.43^{1,2}
Алтай-кижи	1940	42.83 ± 1.20 ³	42.07 ± 1.20 ³	15.10 ± 0.87 ³
	1970	40.98 ± 1.16 ³	42.10 ± 1.17 ³	16.92 ± 0.89 ³
	2000	30.43 ± 0.74 ^{1,2}	49.74 ± 0.81 ^{1,2}	19.83 ± 0.64 ^{1,2}
Теленгиты	1940	49.77 ± 1.38 ^{2,3}	39.54 ± 1.35 ³	10.69 ± 0.85
	1970	54.46 ± 1.25 ^{1,3}	35.87 ± 1.20 ³	9.67 ± 0.74
	2000	41.86 ± 0.93 ^{1,2}	47.81 ± 0.95 ^{1,2}	10.32 ± 0.58

Примечание: индекс показывает наличие статистически значимых (Т-критерий, $p < 0.05$) отличий от поколения (1 – 1940; 2 – 1970; 3 – 2000 гг.)

Выявленная смена типа воспроизводства (вкуче со снижением доли дорепродуктивной части населения) также будет способствовать уменьшению численности популяций коренных народностей. Кроме того, проведенный анализ показал, что четыре коренных народности Южной Сибири уже перешагнули порог демографической старости согласно шкале Боже-Гарнье – Россета (Медков В.М., 2003) – доля лиц в популяции в возрасте 60 лет и старше превысила рубеж в 12%: у кызыльцев 14.0%, у кумандинцев 12.8%, у качинцев 12.8%, у горных шорцев (12.1%). К порогу демографической старости приблизились сельские популяции койбалов (10.8%) и абаканских шорцев (10.2%). Постарение населения, смена типа воспроизводства у всех исследованных южносибирских народов и «демографическая старость» их части позволяет сделать заключение о процессах депопуляции в коренном населении Южной Сибири.

Таблица 12. Динамика частоты фертильных классов у хакасов и шорцев (по данным похозяйственных книг)

Популяция	Поколение (годы)	Фертильные классы		
		Дорепродуктивный, %	Репродуктивный, %	Пострепродуктивный, %
ХАКАСЫ	1940	44.50 ± 0.57³	40.76 ± 0.57³	14.74 ± 0.41^{2,3}
	1970	43.06 ± 0.51³	39.72 ± 0.50³	17.23 ± 0.39^{1,3}
	2000	26.80 ± 0.43^{1,2}	50.93 ± 0.49^{1,2}	22.27 ± 0.41^{1,2}
Качинцы	1940	44.00 ± 1.18 ^{2,3}	40.73 ± 1.17 ³	15.27 ± 0.85 ^{2,3}
	1970	39.00 ± 0.87 ^{1,3}	42.04 ± 0.88 ³	18.96 ± 0.70 ^{1,3}
	2000	24.19 ± 0.89 ^{1,2}	48.56 ± 1.04 ^{1,2}	27.25 ± 0.92 ^{1,2}
Койбалы	1940	43.30 ± 1.77 ³	41.63 ± 1.76 ³	15.07 ± 1.28 ^{2,3}
	1970	42.14 ± 1.82 ³	38.21 ± 1.79 ³	19.65 ± 1.46 ¹
	2000	25.00 ± 2.17 ^{1,2}	50.75 ± 2.50 ^{1,2}	24.25 ± 2.14 ¹
Кызыльцы	1940	41.94 ± 2.60 ^{2,3}	41.67 ± 2.60	16.39 ± 1.95 ^{2,3}
	1970	32.42 ± 2.58 ¹	41.82 ± 2.72	25.76 ± 2.41 ¹
	2000	34.18 ± 2.86 ¹	37.09 ± 2.91	28.73 ± 2.73 ¹
Сагайцы	1940	45.04 ± 0.77 ³	40.85 ± 0.76 ^{2,3}	14.11 ± 0.54 ³
	1970	46.13 ± 0.70 ³	38.41 ± 0.68 ^{1,3}	15.46 ± 0.51 ³
	2000	27.32 ± 0.55 ²	52.48 ± 0.61 ^{1,2}	20.20 ± 0.49 ²
ШОРЦЫ	1940	42.34 ± 0.83^{2,3}	39.80 ± 0.82^{2,3}	17.86 ± 0.64³
	1970	47.89 ± 1.00^{1,3}	35.18 ± 0.96^{1,3}	16.93 ± 0.75³
	2000	29.18 ± 1.08^{1,2}	49.24 ± 1.19^{1,2}	21.58 ± 0.98^{1,2}
Шорцы абаканские	1940	42.36 ± 2.91 ³	40.63 ± 2.89 ³	17.01 ± 2.21
	1970	41.12 ± 3.35 ³	41.74 ± 3.34 ³	15.14 ± 2.43
	2000	31.25 ± 3.49 ^{1,2}	53.41 ± 3.76 ^{1,2}	15.34 ± 2.72
Шорцы горные	1940	42.34 ± 0.87 ^{2,3}	39.72 ± 0.86 ^{2,3}	17.94 ± 0.67 ³
	1970	48.35 ± 1.05 ^{1,3}	34.55 ± 1.00 ^{1,3}	17.10 ± 0.79 ³
	2000	28.96 ± 1.13 ^{1,2}	48.78 ± 1.25 ^{1,2}	22.26 ± 1.04 ^{1,2}

Примечание: индекс показывает наличие статистически значимых (Т-критерий, $p < 0.05$) отличий от поколения (1 – 1940; 2 – 1970; 3 – 2000 гг.)

Исследование динамики репродуктивных параметров коренных народностей Южной Сибири

Репродукция – универсальный индикатор социального и биологического состояния общества, реагирующий на любые изменения (Спицына Н.Х., 2004) и определяющий перспективы развития популяции. Особенности репродукции в популяциях коренного населения Южной Сибири оценивались на основе изучения параметров возраста начала половой жизни, менархе и менопаузы. Анализировались также витальные статистики: число беременностей и их исходы (живорождения, мертворождения, спонтанное прерывание беременности, медицинские аборт). Сравнительный анализ выявил территориальные, временные и этнические особенности репродуктивных параметров у коренного населения Южной Сибири (табл. 13). Так, при достоверно не различающейся продолжительности физиологического репродуктивного периода (в среднем 33 года) реальный

репродуктивный период у хакасов (7.9 лет) оказался короче, чем у северных (10.7 лет, $p < 0.001$) и южных алтайцев (10.5 лет, $p < 0.001$) и шорцев (9.6 лет, $p < 0.05$).

Таблица 13. Показатели репродукции в популяциях алтайцев, хакасов и шорцев (по данным демографических анкет)

Популяция	Возрастная группа	Беременности	Медицинские аборты	Репродуктивный период		Потери	
				Физиологический	Реальный	Пренатальные	Дорепродуктивные
СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ N = 203	Σ	7.62	3.20	33.3	10.7	0.46	0.53
	45-64	6.56*	2.47*	33.1	10.0	0.40*	0.52
	>65 лет	12.21	6.34	33.7	13.5	0.74	0.53
Кумандинцы	N=35	8.54	3.06	34.6	10.3	0.22	0.55
Тубалары	N=87	6.69	2.76	32.9	9.8	0.28	0.35
Челканцы	N=81	8.22	3.73	33.2	11.0	0.75	0.71
ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ N = 177	Σ	5.00	0.61	33.0	10.5	0.42	0.34
	45-64	4.76*	0.64	32.5	9.8	0.42	0.35
	≥ 65	5.94	0.47	34.5	12.9	0.42	0.31
Алтай-кижи	N=97	5.20	0.78	31.9	10.6	0.51	0.44
Теленгиты	N=80	4.75	0.39	33.8	11.9	0.30	0.22
ХАКАСЫ N = 355	Σ	7.15	3.59	33.5	7.9	0.46	0.19
	45-64	7.15	3.70	33.9	7.9	0.42	0.17
	≥ 65	7.16	3.22	32.4	8.2	0.52	0.26
Качинцы	N=91	6.53	3.04	33.5	7.7	0.46	0.24
Койбалы	N=35	6.60	3.66	34.9	8.1	0.33	0.07
Кызыльцы	N=63	8.05	4.53	31.6	5.9	0.74	0.16
Сагайцы	N=166	7.41	3.87	34.0	8.7	0.41	0.20
ШОРЦЫ N = 121	Σ	8.09	3.00	32.9	9.6	0.71	0.59
	45-64	7.23*	2.99	31.8	9.0	0.55*	0.57
	≥ 65	9.45	3.02	34.4	10.7	0.96	0.64
Шорцы абаканские	N=35	7.63	3.40	32.1	9.45	0.23	0.63
Шорцы горные	N=86	8.28	2.84	33.1	9.68	0.90	0.58

Примечание: * – статистически значимые (Т-критерий для сравнения средних) различия между возрастными группами

Сопоставление двух возрастных групп женщин завершено репродуктивного периода (от 45 до 64 лет; от 65 лет и старше) продемонстрировало сокращение продолжительности физиологического репродуктивного периода у более молодого поколения шорцев ($p < 0.05$) и южных алтайцев ($p < 0.05$). В территориальных объединениях южных ($p < 0.01$) и северных ($p < 0.001$) алтайцев выявлено

сокращение реального репродуктивного периода, который, тем не менее, остается более продолжительным, чем у хакасов ($p < 0.001$) и шорцев. Показатели, характеризующие среднее число беременностей и живорождений, отражают общую у коренных южносибирских народностей тенденцию к снижению рождаемости и переходу к малодетности. Так, у более молодого поколения южных, северных алтайцев и шорцев выявлено статистически значимое снижение ($p < 0.05$) среднего числа беременностей, а самый низкий показатель отмечен у южных алтайцев – алтай-кижи и теленгитов.

Изучение витальных статистик показало повышенный ($p < 0.05$) средний уровень пренатальных и дорепродуктивных потерь в популяции шорцев. Необходимо отметить, что практически во всех южносибирских популяциях наблюдается благоприятная тенденция к снижению пренатальных и дорепродуктивных потерь в более молодой возрастной группе (от 45 до 65 лет). Только у южных алтайцев отмечен рост дорепродуктивных потерь ($p < 0.05$). Самыми неблагоприятными среди исследованных народностей Южной Сибири по пренатальным и дорепродуктивным потерям, несмотря на снижение показателей, оказываются горные шорцы ($p < 0.05$) и челканцы ($p < 0.05$). Для этих народностей, как будет показано ниже, свойственен повышенный уровень инбридинга, что, вкупе с недоступностью квалифицированной медицинской помощи из-за проживания в отдалении от административных центров, и обуславливает выявленные особенности.

Таким образом, проведенное исследование коренных народностей Южной Сибири выявило территориальные, временные и этнические особенности таких параметров репродукции, как продолжительность реального репродуктивного периода, среднее число беременностей и живорождений, пренатальных и дорепродуктивных потерь; выявило общую тенденцию к снижению уровня рождаемости и переходу к малодетности; показало широкое распространение у хакасских народностей практики планирования семьи и контроля рождаемости, в том числе посредством медицинских абортот.

Динамика процесса межэтнического смешения в популяциях коренных народностей

Межэтническое смешение оценивали, анализируя браки двух типов: *тип 1* – браки с пришлыми, преимущественно славянскими народами, *тип 2* – межэтнические браки между коренными алтайскими, хакасскими и шорскими народностями (табл. 14). В целом, у северных алтайцев ($p < 0.05$), хакасов ($p < 0.05$) и шорцев ($p < 0.05$) показано усиление в ряду поколений (1940, 1970, 2000 гг.) метисации за счет браков с пришлым населением (*тип 1*), однако у южных алтайцев обнаружена тенденцию к снижению этого типа браков ($p < 0.05$). Частота межэтнических браков между представителями разных коренных южносибирских народностей (*тип 2*) различна у разных народностей. У кумандинцев и тубаларов их частота в среднем составляет около 20% с тенденцией к нарастанию в поколении 2000 годов. Очень высока частота браков данного типа у хакасских народностей, а у койбалов в 2000 годы она достигает 80%, отражая завершение процессов ассимиляции этой народности более многочисленными группами хакасов. Среди шорских субэтнических групп межэтнические браки между коренным населением (*тип 2*) распространены у абаканских шорцев, в то время как у горных шорцев за исследованный период времени более чем в два раза увеличилась частота браков с пришлым населением (*тип 1*).

Таблица 14. Динамика показателей структуры браков в популяциях алтайцев, хакасов и шорцев (по данным актов ЗАГС)

Популяция	Поколение (годы)	Однонациональные браки	Межэтнические браки	
			<i>тип 1</i>	<i>тип 2</i>
СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ N = 396	1940	31.00 ± 4.62³	54.00 ± 4.98	15.00 ± 3.57²
	1970	28.28 ± 3.20³	43.43 ± 3.52³	28.28 ± 3.20^{1,3}
	2000	18.75 ± 3.45^{1,2}	63.28 ± 4.26²	17.97 ± 3.39²
Кумандинцы N = 175	1940	23.81 ± 5.37	57.14 ± 6.23	19.05 ± 4.95
	1970	22.78 ± 4.62	61.04 ± 5.56	18.18 ± 4.40
	2000	0	74.29 ± 7.39	25.71 ± 7.39
Тубалары N = 145	1940	28.00 ± 8.98 ³	40.00 ± 9.80	32.00 ± 9.34
	1970	50.00 ± 6.80 ³	29.63 ± 6.21 ³	20.37 ± 5.48
	2000	29.23 ± 5.64 ²	49.23 ± 6.20 ²	21.54 ± 5.10
Челканцы N = 95	1940	42.86 ± 10.80 ³	33.33 ± 10.29 ³	23.81 ± 9.24
	1970	30.95 ± 7.13 ¹	45.24 ± 7.68	23.81 ± 6.57
	2000	15.63 ± 6.42 ¹	65.62 ± 8.40 ¹	18.75 ± 6.90
ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ N = 2120	1940	70.30 ± 3.56^{2,3}	27.27 ± 3.47^{2,3}	2.42 ± 1.20²
	1970	72.69 ± 1.99³	17.87 ± 1.72¹	9.44 ± 1.31^{1,3}
	2000	81.54 ± 1.02^{1,2}	13.66 ± 0.90¹	4.80 ± 0.56²
Алтай-кижи N = 1544	1940	64.89 ± 4.92 ³	31.92 ± 4.81 ^{2,3}	3.19 ± 1.81 ²
	1970	68.42 ± 2.67 ³	18.42 ± 2.22 ¹	13.16 ± 1.94 ^{1,3}
	2000	79.32 ± 1.20 ^{1,2}	14.75 ± 1.05 ¹	5.93 ± 0.69 ²
Теленгиты N = 672	1940	75.36 ± 5.19	21.74 ± 4.97 ³	2.90 ± 2.02 ^{2,3}
	1970	66.96 ± 3.10 ³	14.35 ± 2.31	18.69 ± 2.57 ¹
	2000	74.80 ± 2.25 ²	10.46 ± 1.58 ¹	14.74 ± 1.83 ¹
ХАКАСЫ N = 3118	1940	77.08 ± 1.54^{2,3}	16.22 ± 1.35^{2,3}	6.70 ± 0.91²
	1970	59.91 ± 1.36^{1,3}	28.64 ± 1.26¹	11.45 ± 0.87^{1,3}
	2000	66.94 ± 1.43^{1,2}	28.61 ± 1.38¹	4.45 ± 0.63²
Качинцы N = 309	1940	55.14 ± 4.81 ^{2,3}	18.69 ± 3.77 ²	26.17 ± 4.25 ³
	1970	27.43 ± 3.37 ^{1,3}	37.14 ± 3.65 ¹	35.43 ± 3.62 ³
	2000	7.41 ± 5.04 ^{1,2}	33.33 ± 9.07	59.56 ± 9.46 ^{1,2}
Койбалы N = 128	1940	27.29 ± 8.30	17.24 ± 7.01	55.17 ± 9.23
	1970	19.04 ± 4.28	14.29 ± 3.81	66.67 ± 5.14
	2000	13.33 ± 8.78	6.67 ± 6.44	80.00 ± 10.33
Кызыльцы N = 77	1940	23.08 ± 8.26	38.46 ± 9.54	38.46 ± 9.54
	1970	9.68 ± 5.31	35.48 ± 8.59	54.84 ± 8.94
	2000	10.00 ± 6.71	55.00 ± 11.12	35.00 ± 10.67
Сагайцы N = 2821	1940	79.84 ± 1.60 ^{2,3}	14.45 ± 1.40 ^{2,3}	5.71 ± 0.92 ²
	1970	62.99 ± 1.44 ^{1,3}	25.09 ± 1.29 ¹	11.92 ± 0.97 ^{1,3}
	2000	67.48 ± 1.43 ^{1,2}	28.02 ± 1.37 ¹	4.50 ± 0.63 ²
ШОРЦЫ N = 482	1940	63.01 ± 5.65³	24.66 ± 5.04³	12.33 ± 3.85
	1970	61.11 ± 3.19³	26.50 ± 2.88³	12.39 ± 2.14
	2000	44.12 ± 3.81^{1,2}	45.29 ± 3.82^{1,2}	10.59 ± 2.36
Шорцы абаканские N = 90	1940	10.00 ± 9.49 ²	30.00 ± 14.49	60.00 ± 15.49
	1970	41.67 ± 7.12 ¹	22.92 ± 6.07	35.41 ± 6.90
	2000	25.00 ± 7.65	34.37 ± 8.40	40.63 ± 8.68
Шорцы горные N = 392	1940	71.43 ± 5.69 ³	23.81 ± 5.37 ³	4.76 ± 2.68
	1970	64.74 ± 3.47 ³	28.95 ± 3.29 ³	6.31 ± 1.76
	2000	48.20 ± 4.24 ^{1,2}	48.20 ± 4.24 ^{1,2}	3.60 ± 1.58

Примечание: индекс показывает наличие статистически значимых (Т-критерий, $p < 0.05$) отличий от поколения (1 – 1940; 2 – 1970; 3 – 2000 гг.); *тип 1* – межэтнические браки с пришлым населением, *тип 2* – межэтнические браки между коренными народностями

Что касается однонациональных браков, то статистически значимое увеличение ($p < 0.05$) их доли выявлено только в популяциях южных алтайцев – алтай-кижи и теленгитов. У северных алтайцев ($p < 0.05$), качинцев ($p < 0.05$), койбалов и шорцев ($p < 0.05$) частота однонациональных браков, напротив, снижается, а у сельских кумандинцев поколения 2000 годов нам вообще не удалось зарегистрировать ни одного однонационального брака. Таким образом, анализ структуры браков показывает снижение частоты однонациональных браков во всех исследованных группах коренных народностей (за исключением группы южных алтайцев) при увеличении распространения межэтнических браков, что свидетельствует о нарастании за изученный период (1940-2009 гг.) процессов метисации коренного населения Южной Сибири.

Оценка роли факторов микроэволюции в популяциях коренных народностей Южной Сибири (1940-2009 гг.)

На основе анализа параметров численности, особенностей брачно-миграционной структуры, параметров воспроизводства и характера распространения фамилий была оценена динамика ведущих факторов микроэволюции – дрейфа генов, миграции генов и отбора в ряду поколений (1940, 1970, 2000 гг.) коренных народностей Южной Сибири (табл. 15).

Фактор отбора оценивали на основе показателя максимального потенциально возможного отбора (I_{TOT}) и его компонентов. Временная динамика I_{TOT} отражает тенденцию к снижению данного показателя у южных алтайцев и хакасов. У северных алтайцев и шорцев величина I_{TOT} возрастает, причем в популяции шорцев почти в два раза. В целом, максимальная компонента тотального отбора среди исследованных популяций выявлена у шорцев (0.580), в том числе у абаканских шорцев (0.617), и у челканцев (0.650).

Фактор дрейфа генов при небольших различиях по приспособленности между генотипами и малой интенсивности миграций приобретает решающее значение в популяциях. Увеличение роли дрейфа генов отмечено у койбалов, кызыльцев и шорцев, а максимальные величины показателя в поколении 2000 годов выявлены у абаканских шорцев (1.11%), кызыльцев (1.01%), койбалов (0.52%) и челканцев (0.32%).

Оценки разнообразия фамилий рассчитаны через показатель случайной изонимии (I_R), характеризующий **уровень инбридинга** в популяции. У всех исследованных народов I_R демонстрирует тенденцию к снижению, оставаясь высоким в поколении 2000 годов у абаканских шорцев (0.116), койбалов (0.081), челканцев (0.061) и кызыльцев (0.038).

Действие дрейфа генов ведет, с одной стороны, к уменьшению генетического разнообразия внутри популяций, а с другой – к увеличению различий между популяциями. Однако дрейфу противодействует другой микроэволюционный фактор – **миграция генов**, которая у южносибирских народностей была исследована по данным актов ЗАГС о заключении браков на основе индекса миграций и показателя этнической брачной ассортативности (A'). Динамика индекса миграций (табл. 15) отражает снижение интенсивности межрайонных брачных миграций у алтайцев и хакасов и рост данного показателя у шорцев. Однако если у алтайцев регистрируется снижение всех типов миграций (межрегиональных, межрайонных и внутрирайонных), то у хакасов и шорцев на современном этапе возрастает роль дальних межрегиональных брачных миграций (0.099 и 0.159 соответственно). Наибольшая

Таблица 15. Динамика ведущих факторов микроэволюции в популяциях народностей Южной Сибири

Объединение	Народность	Индекс тотального отбора (I_{TOT})			Дрейф генов, %			Случайная изонимия (I_R)			Этническая брачная ассортативность (A'), %			Индекс миграции*	
		старше 65 лет	от 45 до 65	общая группа	Поколение (годы)			Поколение (годы)			Поколение (годы)			Поколение (годы)	
					1940	1970	2000	1940	1970	2000	1940	1970	2000	1970	2000
ЮЖНЫЕ АЛТАЙЦЫ	Алтай-кижи	0.389	0.347	0.431	0.14	0.13	0.05	-			79.9	85.2	87.4	<u>0.066</u>	<u>0.028</u>
	Теленгиты			0.264	0.20	0.18	0.07	-			89.5	83.4	86.3	<u>0.061</u>	<u>0.032</u>
СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ	Кумандинцы	0.344	0.407	0.338	0.23	0.15	0.21	.027	.023	.019	41.1	36.1	-	<u>0.169</u>	<u>0.143</u>
	Тубалары			0.217	0.22	0.18	0.21	.015	0.14	.009	49.8	65.7	53.9	<u>0.083</u>	<u>0.092</u>
	Челканцы			0.650	0.33	0.25	0.32	.163	0.122	.061	69.1	56.4	29.2	<u>0.226</u>	<u>0.078</u>
ХАКАСЫ	Качинцы	0.393	0.314	0.350	0.14	0.08	0.09	.047	.025	.020	75.1	44.2	31.0	<u>0.112</u>	<u>0.074</u>
	Койбалы			0.133	0.31	0.36	0.52	.070	.083	.081	56.9	34.7	8.3	<u>0.042</u>	<u>0.0</u>
	Кызыльцы			0.258	0.69	0.75	1.01	.054	.052	.038	39.8	27.2	10.3	<u>0.056</u>	<u>0.050</u>
	Сагайцы			0.370	0.05	0.05	0.03	.019	.020	.013	89.7	77.1	81.5	<u>0.089</u>	<u>0.070</u>
ШОРЦЫ	Абаканские	0.382	0.720	0.617	0.86	1.11	1.11	.157	.190	.116	24.9	68.9	46.9	<u>0.281</u>	<u>0.203</u>
	Горные			0.567	0.08	0.13	0.13	.056	.034	.025	91.7	81.7	65.9	<u>0.121</u>	<u>0.140</u>
														<u>0.161</u>	<u>0.223</u>

Примечание: * – в числителе индекс миграций «регион», в знаменателе «район»

среди изученных народностей интенсивность межрегиональных миграций присуща кумандинцам (0.143) и абаканским шорцам (0.203). Это подтверждает тезис о данных народностях как о самых миграционно активных коренных этносах Южной Сибири (Макошева А.А. и др., 2006; Ульянова М.В., 2010). Минимальные индексы всех типов брачных миграций выявлены у теленгитов и алтай-кижи, что отражает большую оседлость южных алтайцев по сравнению с северными алтайцами, хакасами и шорцами.

Этническая брачная ассортативность (A') отражает предпочтение населения к заключению браков с представителями определенной национальности. Величина данного показателя растет в ряду поколений (1940, 1970, 2000 гг.) сагайцев, теленгитов и алтай-кижи и снижается у хакасов, северных алтайцев и шорцев (табл. 15). У горных шорцев, абаканских шорцев и тубаларов, несмотря на существенное снижение, этническая брачная ассортативность в поколении 2000 годов остается, тем не менее, относительно высокой. Для кумандинцев, койбалов и кызыльцев характерны высокие темпы межэтнического смешения на современном этапе.

Таким образом, проведенный анализ динамики факторов микроэволюции и сопоставление роли отдельных факторов в трех поколениях (1940, 1970, 2000 гг.) коренных южносибирских народностей свидетельствует о снижении в коренных популяциях значения фактора естественного отбора, который, тем не менее, остается существенным у челканцев и шорцев; об увеличении вклада дрейфа генов в изменение популяционно-генетической структуры челканцев и абаканских шорцев; о интенсификации процессов метисации северных алтайцев, хакасов и шорцев с максимумом у кумандинцев и койбалов, с минимумом у сагайцев и горных шорцев. Данные исследования также позволяют прогнозировать достаточно стабильную структуру генофонда южных алтайцев – алтай-кижи и теленгитов – с тенденцией к уменьшению уровня генетического разнообразия в их популяциях вследствие снижения миграционной активности и высокой частоты однонациональных и эндогамных браков.

VI. ДИНАМИКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ КОРЕННЫХ ПОПУЛЯЦИЙ ЮЖНОЙ СИБИРИ ПО ДАННЫМ ФОНДА ФАМИЛИЙ И ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ

Исследование динамики популяционно-генетической структуры коренных южносибирских народностей (1940-2009 гг.) было осуществлено на основе двух популяционно-генетических подходов: оценки изонимии в трех поколениях (1940, 1970, 2000 гг., данные фонда фамилий) и изучении частоты носителей генетических маркеров и дерматоглифических признаков в двух поколениях (1970, 2000 гг., модельный объект – усть-анзасские горные шорцы).

Характеристика динамики генетической структуры коренных популяций по данным фонда фамилий

В популяционно-генетических исследованиях фамилии активно используются со второй половины XX века, поскольку они наследуются, обладают селективной нейтральностью, могут служить аналогом генетического маркера с множественными аллелями (Morton N.E. et al., 1971) и позволяют осуществлять анализ динамики популяционно-генетической структуры во времени.

Рассчитанные по данным о частотах фамилий показатели случайного инбридинга (F_{ST}), разнообразия фамилий (α) и индекса миграций (ν) свидетельствуют о снижении у северных алтайцев, хакасов и шорцев в ряду поколений (1940, 1970, 2000 гг.) уровня инбридинга при усилении миграционной активности коренных народностей (табл. 16). Тем не менее, показатели случайного инбридинга остаются высокими в популяциях поколения 2000 годов абаканских шорцев ($F_{ST}=0.004$), койбалов ($F_{ST}=0.003$) и челканцев ($F_{ST}=0.002$).

Таблица 16. Динамика параметров, характеризующих структуру популяций коренных народностей Южной Сибири (по данным похозяйственных книг)

Объединение	Народность	Поколение (годы)	F_{ST}	ν	α
СЕВЕРНЫЕ АЛТАЙЦЫ	Кумандинцы	1940	0.0010	0.030	36.6
		1970	0.0008	0.023	42.9
		2000	0.0007	0.045	52.6
	Тубалары	1940	0.0006	0.052	66.1
		1970	0.0005	0.043	73.7
		2000	0.0003	0.074	112.4
	Челканцы	1940	0.0058	0.008	5.2
		1970	0.0044	0.008	7.3
		2000	0.0022	0.026	15.9
ХАКАСЫ	Качинцы	1940	0.0017	0.011	20.7
		1970	0.0009	0.013	40.0
		2000	0.0007	0.020	49.0
	Койбалы	1940	0.0026	0.017	13.2
		1970	0.0030	0.015	11.2
		2000	0.0029	0.029	11.4
	Кызыльцы	1940	0.0019	0.042	18.4
		1970	0.0019	0.054	19.2
		2000	0.0013	0.094	28.3
	Сагайцы	1940	0.0007	0.012	51.7
		1970	0.0007	0.010	48.9
		2000	0.0004	0.012	79.9
ШОРЦЫ	Шорцы абаканские	1940	0.0056	0.019	5.5
		1970	0.0068	0.020	4.3
		2000	0.0041	0.044	8.1
	Шорцы горные	1940	0.0020	0.005	16.8
		1970	0.0012	0.012	28.5
		2000	0.0009	0.025	40.3

Примечание: F_{ST} – случайный инбридинг; ν – индекс миграций; α – показатель разнообразия фамилий

Коэффициент родства по изонимии (Ri) в южносибирских популяциях за исследованный период (1940-2009 гг.) увеличивается на порядок и оказывается максимальным у кумандинцев ($\overline{Ri}=0.00000789$) и абаканских шорцев ($\overline{Ri}=0.00000670$). Это, как и динамика показателя разнообразия фамилий (α), характеризует рост фамильного разнообразия в популяциях и отражает усиление

процессов межэтнического смешения коренных народностей Южной Сибири. Таким образом, результаты анализа динамики фамильного состава, подтверждая обоснованность использования фамилий коренных этносов Алтая, Хакасии и Горной Шории в популяционных исследованиях, дают ту же характеристику динамике генетико-демографических процессов в коренном населении Южной Сибири, что и результаты анализа брачной структуры.

Расчет генетических дистанций (d) между поколениями (1940, 1970, 2000 гг.) коренного населения по данным распространения фамилий, проиллюстрированный дендрограммами (рис. 4-6), отражает изменение популяционно-генетической структуры южносибирских народностей за изученный период. Сравнение полученных дендрограмм выявляет различие темпов этого изменения. У северных алтайцев и у хакасов наиболее отдаленным оказывается поколение 1940 годов, а популяционно-генетическая структура претерпевает изменение со скачком в интервале 1940-1970 гг. У горных шорцев дальше всего отстоит поколение 2000 (скачок в интервале 1970-2000 гг.), а у абаканских шорцев наиболее дистанцировано поколение 1970 гг. Максимальные генетические расстояния (d) между поколениями выявлены у кумандинцев (0.372), качинцев (0.329) и тубаларов (0.387), а минимальные – у челканцев (0.062). В основе выявленных различий величин генетических расстояний между поколениями лежат социально-экономические факторы, обуславливающие миграционную активность населения и отличия темпов межэтнического смешения коренных народностей, определяемые, в том числе, и особенностью географического положения этнических ареалов коренных южносибирских народностей.

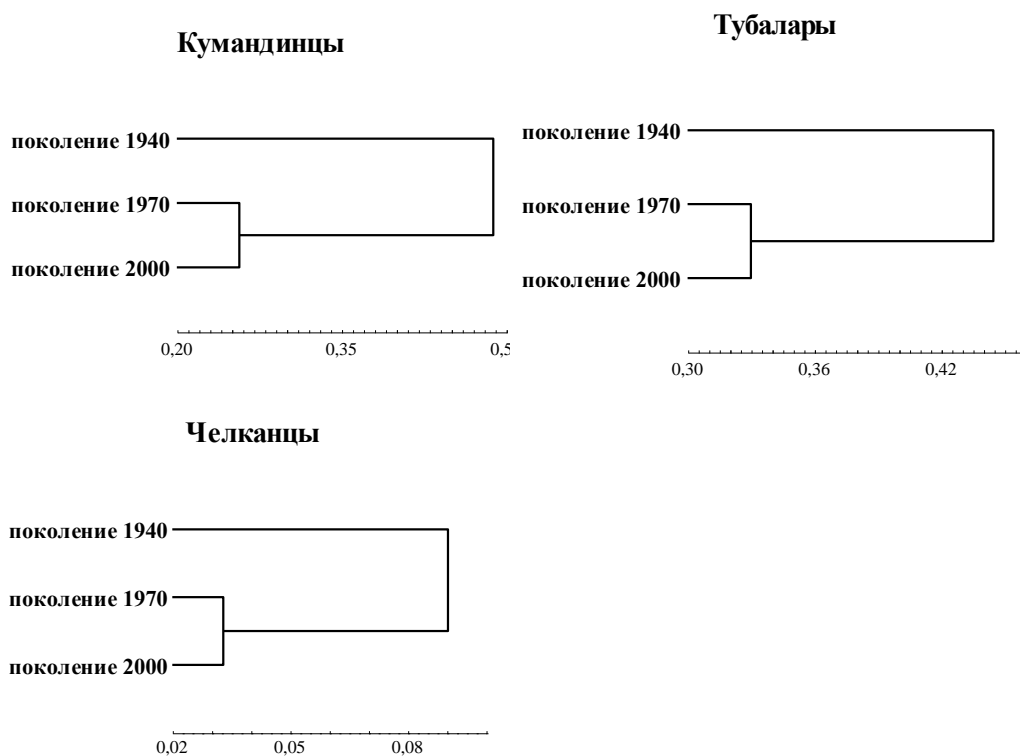


Рис. 4. Генетические дистанции между поколениями северных алтайцев (данные фонда фамилий)

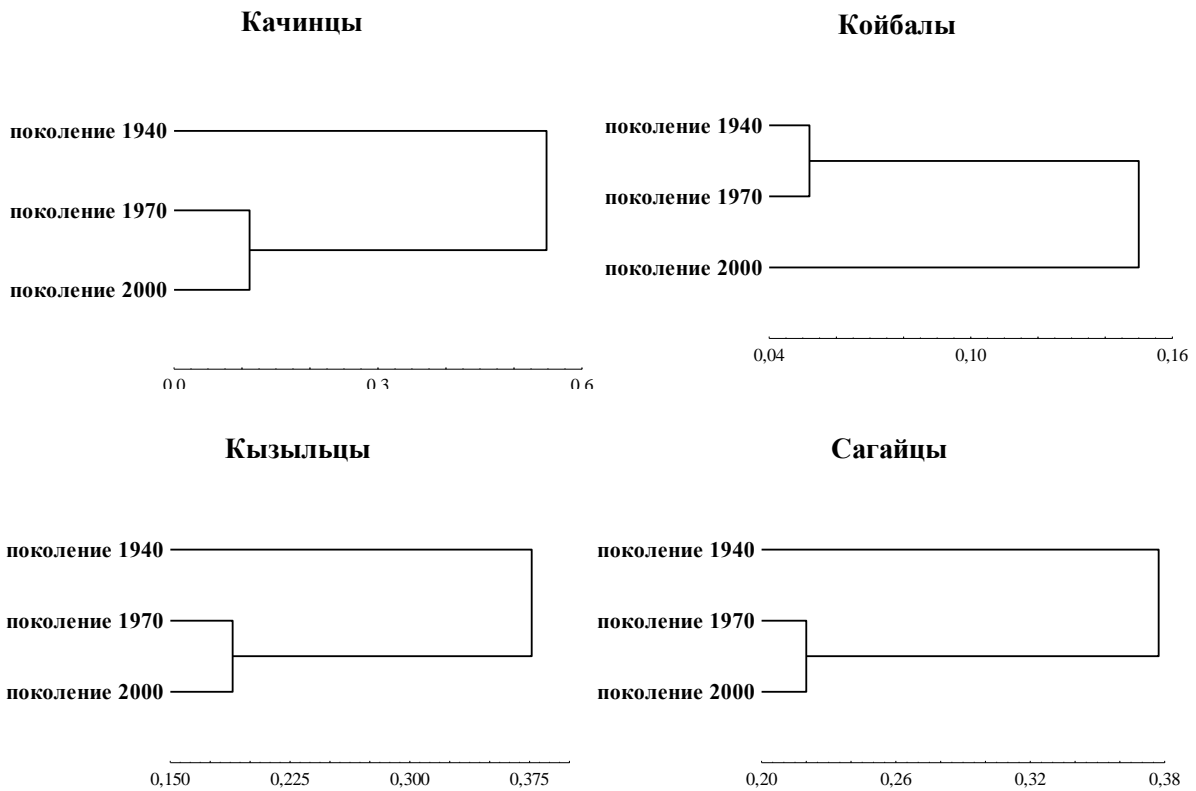


Рис. 5. Генетические дистанции между поколениями хакасских народностей (данные фонда фамилий)

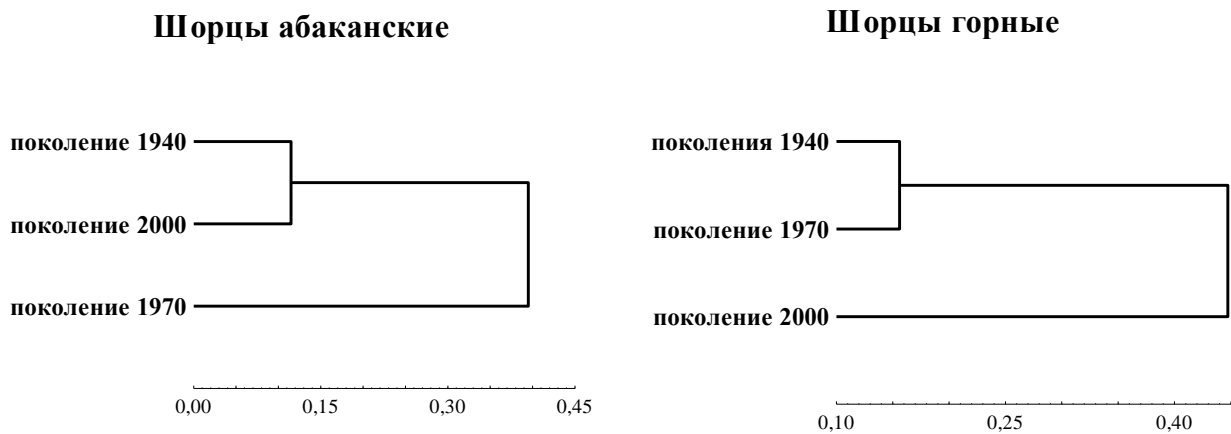


Рис. 6. Генетические дистанции между субэтническими группами шорцев (данные фонда фамилий)

Таким образом, данные анализа фонда фамилий, как и результаты исследования брачной структуры, свидетельствуют о росте миграционной активности и интенсификации процессов межэтнического смешения коренного южносибирского населения, отражают изменение в ряду поколений популяционно-генетической структуры и выявляют специфику и разную выраженность обозначенных процессов у изученных коренных народностей Южной Сибири.

Генетическая структура коренных народностей по данным генетических маркеров и дерматоглифических признаков

Исследование генофондов южносибирских народностей показало, что межпопуляционная подразделенность, отражая особенности этногенеза этносов Южной Сибири, сохраняется и на уровне локальных популяций. Изучение аутосомных ДНК маркеров у абаканских (матурских) и горных (кызыл-шорских, усть-кабырзинских, усть-анзасских) шорцев продемонстрировало, что при учете локальных популяций (4 популяции, $G_{ST} = 1.21\%$) в 4 раза возрастает оценка подразделенности генофондов шорцев по сравнению с оценкой, полученной на основе сопоставления двух шорских субэтносов: абаканского и горного (2 популяции, $G_{ST} = 0.36\%$). Это позволяет говорить о наличии еще одного уровня популяционной иерархии у шорцев и обосновать объективность выделения локальной популяции горных шорцев Усть-Анзасского ТУ Таштагольского района Кемеровской области как модельного объекта для изучения изменения генетической структуры коренной южносибирской популяции за два поколения (1970, 2000 гг.).

Анализ *генетико-демографических процессов* в трех поколениях усть-анзасских шорцев выявил резкое сокращение тотального размера популяции (Nt) с 1286 человек в 1940 годы до 269 человек в 2000 годы. Причина – массовый отток населения в города и рабочие поселки Кемеровской области из-за сокращения рабочих мест. Соответственно, и дрейф генов в поколении усть-анзасских шорцев 2000 годов достигает высокого уровня (0.77%). Изучение роли фактора естественного отбора и его компонентов показало, что значительный вклад в величину тотального индекса отбора ($I_{TOT}=0.385$) у усть-анзасских шорцев вносит показатель дифференциальной смертности (49.64%). Средний уровень патологических исходов беременностей (мертворождения и спонтанные аборт) у шорцев Усть-Анзасского ТУ (1.30) почти в два раза ($p < 0.05$) выше, чем в совокупной популяции шорцев (0.71). Причины этого могут быть связаны как с недоступностью квалифицированной медицинской помощи, так и значительным уровнем инбридинга в этой локальной популяции горных шорцев, так как частота эндогамных однонациональных браков у шорцев Усть-Анзаса в 2.1 раза выше ($p < 0.01$), чем в популяции шорцев в целом (44.12%), а параметры фамильной структуры выявляют высокие значения показателя случайной изонимии ($I_R=0.121$ в 2000 годы).

Таким образом, основным фактором популяционной динамики в локальной популяции усть-анзасских горных шорцев, по-видимому, является усиление роли дрейфа генов, обусловленного малым тотальным ($Nt=269$ чел.), репродуктивным ($Nr=132$ чел.) и эффективным ($Ne=130$ чел.) размером популяции и значительным уровнем случайного инбридинга ($I_R=0.121$). Так как усиление действия дрейфа генов в перспективе может привести к снижению уровня генетического разнообразия и к изменению генетической структуры популяции, то для оценки влияния генетико-демографических процессов на структуру генофонда представляется важной возможность проследить динамику во времени (1970-2009 гг.) гетерозиготности (сывороточные протеины) и фенетического разнообразия (дерматоглифические признаки) в усть-анзасской популяции.

Многолетние экспедиции кафедры генетики Кемеровского госуниверситета позволяют сравнить частоту носителей аллелей классических генетических маркеров АВО, RH, HP, GC и дерматоглифических признаков в двух поколениях (1970, 2000 гг.) усть-анзасских горных шорцев.

Анализ динамики *дерматоглифического комплекса* (22 признака) выявил статистически значимые различия между поколениями (1970, 2000 гг.) усть-анзасских шорцев по частоте встречаемости типа окончания главных ладонных линий А, В, С, D; типа осевого ладонного трирадиуса; узорной насыщенности III и IV ладонных зон и суммы дополнительных межпальцевых трирадиусов. Обобщенный показатель сходства (R) и его статистическая оценка свидетельствуют о наличии статистически значимых ($p < 0.001$) различий между поколениями шорцев Усть-Анзаса 1970 и 2000 годов (табл. 17). Анализ динамики внутривнутрипопуляционного фенетического разнообразия шорцев Усть-Анзаса за поколение выявил снижение разнообразия дерматоглифических признаков: в 1970 годы уровень разнообразия (μ) составлял 3.14, а в 2000 годы снизился до 2.77.

Таблица 17. Меры различия между поколениями шорцев Усть-Анзаса по данным дерматокомплекса

Признак	r	I	$d.f.$	p
<i>Мужчины</i>				
Обобщенные показатели (R)	0.9592	62.26	15	0.001
<i>Женщины</i>				
Обобщенные показатели (R)	0.9669	104.21	18	0.001

Примечание: r – показатель сходства, I – критерий идентичности, $d.f.$ – число степеней свободы, p – вероятность.

Сравнение частот аллелей эритроцитарных систем крови и сывороточных протеинов выявило достоверные различия в частоте носителей аллелей системы АВО (табл. 18). У поколения 2000 годов отмечен статистически значимый ($p < 0.05$) рост частоты аллеля r^O , в гомозиготе реализующегося как группа крови O(I). Усредненный по двум локусам сывороточных белков (HP, GC) показатель ожидаемой гетерозиготности ($\overline{H_E}$) у усть-анзасских шорцев поколения 1970 годов составил 0.461, а у поколения 2000 годов оказался значительно ниже – 0.399, что, по-видимому, отражает тенденцию к снижению генетического разнообразия в локальной популяции усть-анзасских шорцев и может быть следствием усиления роли дрейфа генов и высокого уровня случайного инбридинга.

Таблица 18. Меры различия между поколениями шорцев Усть-Анзаса по данным классических генетических маркеров

Признак	r	I	$d.f.$	p
Система АВО	0.983	10.17	2	0.05
Система RH	0.998	0.89	1	-
Система HP	0.999	0.21	1	-
Система GC	0.989	3.17	1	-

Примечание: r – показатель сходства, I – критерий идентичности, $d.f.$ – число степеней свободы, p – вероятность.

Расчет генетических расстояний между поколениями усть-анзасских шорцев (табл. 19) по данным фонда фамилий (три поколения: 1940, 1970, 2000 гг.) и классических генетических маркеров (два поколения: 1970, 2000 гг.) выявил изменение популяционно-генетической структуры этой локальной группы шорцев за исследованный период. По данным фонда фамилий генетические расстояния между

поколениями 1970 и 2000 гг. оказываются в 2.5 раза больше, чем генетические расстояния по данным классических генетических маркеров. Это, вероятно, свидетельствует о более быстром реагировании квазигенетических маркеров – фамилий на изменение структуры популяции.

Таблица 19. Матрицы генетических расстояний (d) между поколениями усть-анзасских горных шорцев (по данным фонда фамилий)

Поколения (годы)	1940	1970	2000
1940	0		
1970	0.019	0	
2000	0.091	0.053 / 0.020	0

Примечание: через дробь приведены d по данным классических генетических маркеров

Отражение генетико-демографических процессов в структуре генофондов Южной Сибири

В популяциях коренных народностей Южной Сибири за исследованный период (1940-2009 гг.) выявлены процессы депопуляции, проявляющиеся в постарении коренного сельского населения, снижении доли дорепродуктивного фертильного класса, смене типа воспроизводства с расширенного на простой и суженный, усилении дисбаланса структуры полов и снижении уровня рождаемости. Выше обозначенные процессы позволяют прогнозировать уменьшение численности коренных народностей, а динамика межэтнического смешения отражает нарастающую метисацию северных алтайцев, шорцев и хакасов в результате широкого распространения практики межэтнических браков как с представителями иных коренных этносов, так и с пришлыми славянскими народами.

Наряду с общими чертами динамики популяционно-генетических процессов, для ряда коренных народностей Южной Сибири выявлены различия в соотношении ведущих факторов микроэволюции – отбора, дрейфа генов и миграции генов. Так, роль фактора отбора в ряду поколений (1940, 1970, 2000 гг.) усилилась в популяциях северных алтайцев и шорцев, а максимальные значения индекса потенциально возможного тотального отбора зарегистрированы в небольших по численности и территориально изолированных популяциях челканцев, абаканских и горных шорцев ($I_{TOT} = 0.650, 0.617$ и 0.567 соответственно). Дрейф генов усиливается в ряду поколений у большинства народностей, за исключением алтай-кижи, теленгитов и сагайцев. Основа процесса – снижение численности популяций, в том числе их эффективного размера. Максимальные величины дрейфа генов выявлены в популяциях абаканских шорцев (1.11%) и кызыльцев (1.01%). Уровень инбридинга у исследованных народностей за три поколения снижается, оставаясь высоким у абаканских шорцев ($I_R = 0.116$), койбалов ($I_R = 0.081$) и челканцев ($I_R = 0.061$). У кумандинцев, тубаларов, кызыльцев и качинцев основным, нарастающим по силе фактором популяционной динамики является миграция генов, в основе которой лежат процессы межэтнического смешения.

Генетическая структура коренных южносибирских популяций, отражая специфику генетико-демографических процессов, претерпевает изменения. По данным о распространении фамилий, наиболее выраженные изменения регистрируются в тех южносибирских популяциях, в которых выявлен значительный уровень межэтнического смешения. Максимальные темпы метисации и генетические

расстояния между поколениями отмечены у кумандинцев ($d=0.372$), качинцев ($d=0.329$) и тубаларов ($d=0.387$), а минимальные – у челканцев ($d=0.062$). Интенсивность факторов популяционной динамики – отбора, дрейфа генов и миграции генов – находит отражение в структуре генофонда и по данным об аутомных ДНК маркерах. У алтай-кижи и теленгитов на фоне невысокого индекса брачных миграций (0.16) и значительной распространенности эндогамных однонациональных браков (более 68%) выявлены отрицательные значения коэффициента гетерозиготности ($\overline{K_H} = -0.021$ и -0.027 соответственно), отражающие тенденцию к гомозиготизации и, соответственно, к снижению генетического разнообразия в популяции. У койбалов ($\overline{K_H} = +0.050$), кызыльцев ($\overline{K_H} = +0.046$), абаканских ($\overline{K_H} = +0.079$) и горных ($\overline{K_H} = +0.010$) шорцев, напротив, выявлена тенденция к росту уровня гетерозигот при интенсивных брачных миграциях и значительной доли межэтнических браков (52-92%); у челканцев ($\overline{K_H} = -0.029$) гетерозиготность снижается на фоне усиления дрейфа генов (0.32%) и высокого уровня инбридинга ($I_r=0.061$). Эффекты инбридинга и дрейфа генов также находят отражение в снижении генетического разнообразия в локальной популяции усть-анзасских горных шорцев по данным сывороточных протеинов, дерматоглифических признаков и гаплотипическому разнообразию Y хромосомы, которое у усть-анзасских шорцев оказывается минимальным (5 гаплогрупп) среди исследованных южносибирских народов.

ВЫВОДЫ

1. Уровень межэтнического смешения коренного населения Южной Сибири по данным о межэтнических браках и темпах метисации (t) различен для локальных популяций одной народности: алтай-кижи ($16.0 < t < 58.0$), теленгитов ($6.6 < t < 12.5$), кумандинцев ($1.7 < t < 2.0$), тубаларов ($2.0 < t < 2.8$), качинцев ($4.0 < t < 7.7$), сагайцев ($3.6 < t < 7.6$), горных шорцев ($6.0 < t < 30.4$).

2. Сравнение генетических различий на двух иерархических уровнях – этнотерриториальные объединения и составляющие их малые народности – свидетельствует о том, что основная дифференциация генофондов Южной Сибири задается малыми народностями: по аутомным ДНК маркерам для малых народностей $G_{ST}=2.85\%$, для их объединений $G_{ST}=1.14\%$; по классическим генетическим маркерам – $G_{ST}=2.89\%$ и $G_{ST}=1.13\%$, соответственно; по гаплогруппам Y хромосомы – $F_{ST}=12.0\%$ и $F_{ST}=3.0\%$, соответственно.

3. Описание структуры генофонда коренного населения Южной Сибири целесообразно основывать на популяциях малых народностей.

4. Аутомные ДНК ($G_{ST}=3.99\%$), классические генетические маркеры ($G_{ST}=4.01\%$) и гаплогруппы Y хромосомы ($F_{ST}=15.0\%$) свидетельствуют о значительном генетическом разнообразии коренного народонаселения Южной Сибири. Минимальные генетические расстояния по всем типам генетических маркеров выявлены между алтай-кижи и теленгитами ($0.001 < d < 0.004$), тубаларами и челканцами ($0.006 < d < 0.014$), качинцами и койбалами ($0.008 < d < 0.009$), абаканскими и горными шорцами ($0.003 < d < 0.004$). Кумандинцы характеризуются максимальным усредненным показателем удаленности от всех изученных популяций ($0.024 < \bar{d} < 0.030$).

5. Выявлена негативная динамика (1940, 1970, 2000 гг.) генетико-демографических параметров в коренном сельском населении Южной Сибири, приводящая к процессам депопуляции: снижение доли дорепродуктивного фертильного класса, смена типа воспроизводства от расширенного до простого и суженного. Обнаружен дисбаланс соотношения полов в пользу мужчин, постарение населения и снижение уровня рождаемости при усилении темпов межэтнического смешения.

6. Роль ведущих факторов популяционной динамики (отбора, дрейфа генов, миграции генов) различна в коренных популяциях Южной Сибири (1940-2010 гг.). Миграция генов в результате усиления миграционного давления и роста доли межэтнических браков нарастает в ряду поколений у кумандинцев, тубаларов, качинцев, койбалов и кызыльцев. Дрейф генов на фоне снижения тотального, репродуктивного и эффективного размера популяции и высокой частоты эндогамных однонациональных браков преобладает в популяциях челканцев. Значение фактора отбора уменьшается в популяциях южных алтайцев и хакасов, но возрастает в популяциях шорцев и северных алтайцев, достигая максимума у челканцев ($I_{TOT} = 0.650$).

7. Фамилии северных алтайцев, хакасов и шорцев высоко информативны для исследований популяционно-генетической структуры населения Южной Сибири и ее трансформации. По данным фонда фамилий выявлены максимальные генетические расстояния между тремя поколениями (1940, 1970, 2000 гг.) у качинцев ($\bar{d}=0.439$), кумандинцев ($\bar{d}=0.431$), тубаларов ($\bar{d}=0.416$) и кызыльцев ($\bar{d}=0.330$); минимальные расстояния – у челканцев ($\bar{d}=0.076$).

8. Генетико-демографические процессы и факторы микроэволюции отражены в генетическом разнообразии популяций. На фоне низкого индекса миграций (0.16) и высокой доли однонациональных браков (0.68) отмечена тенденция к снижению уровня гетерозиготности у алтай-кижи (-0.021) и теленгитов (-0.027); при высоких значениях индекса миграций (0.21-0.40) и доли межнациональных браков (0.52-0.93) выявлена тенденция к увеличению гетерозиготности у койбалов ($+0.050$), кызыльцев ($+0.046$) и абаканских шорцев ($+0.079$); у челканцев снижение уровня гетерозиготности (-0.029) происходит на фоне усиления дрейфа генов (0.25-0.32%).

9. В популяции усть-анзасских горных шорцев за одно поколение (1970, 2000 гг.) изменилась частота носителей классических генетических маркеров и дерматоглифических признаков. Выявлено снижение гетерозиготности (с 0.461 до 0.399 по сывороточным протеинам) и фенетического разнообразия дерматокомплекса (с 3.14 до 2.77) на фоне усиления дрейфа генов (0.77%) и высокого уровня инбридинга ($I_R = 0.12$).

СПИСОК ОПУБЛИКОВАННЫХ РАБОТ ПО ТЕМЕ ДИССЕРТАЦИИ

1. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Дружинин В.Г., Толочко Т.А., Липатов П.И., Лузина Ф.А., Лотош Е.А., Гафаров Н.И., Замятина С.С., Свиридова И.А. Шорцы: прошлое, настоящее и будущее глазами генетика // Шорский национальный природный парк: природа, люди, перспективы. Кемерово, Ин-т угля и углехимии СО РАН, 2003. С. 213-231.
2. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.**, Октябрьская И.В., Зайцева В.А. Исследование динамики этно-генетико-демографических процессов среди коренных малочисленных народов Республики Алтай // Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных территорий: Матер. годовой сессии Института археологии и этнографии СО РАН 2002 г. Новосибирск: Изд-во Ин-та археологии и этнографии СО РАН, 2003. Т. IX. Часть II. С. 142-147.
3. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.**, Октябрьская И.В. Коренные народы Алтае-Саянского нагорья: генетико-демографическая характеристика // Этнография Алтая и сопредельных территорий: материалы междунард. научн.-практ. конф. Вып.5. Барнаул: Изд-во Барнаульского пед. ун-та, 2003. С.35-38
4. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Дружинин В.Г., Толочко Т.А. Изучение наследственных основ подверженности профессиональному флюорозу рабочих алюминиевых заводов Сибири // **Генетика**, 2003. Т.39. № 7. С. 982-987
5. Соболева С.В., Октябрьская И.В., Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.** Системная оценка современной этносоциальной ситуации на Северном Алтае в связи с проблемой коренных малочисленных народов // **Археология, этнография и антропология Евразии**, 2004. Т.1. №17. С. 102-114
6. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Зайцева В.А. Генетико-демографическая ситуация в сельских популяциях татар-калмаков и русских Западной Сибири // Третьи антропологические чтения к 75-летию акад. В.П. Алексеева «Экология и демография человека в прошлом и настоящем»: тез. докл. М.: Энциклопедия русских деревень, 2004. С. 262-263
7. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.** Популяционно-демографическая структура шорцев Таштагольского района Кемеровской области // Третьи антропологические чтения к 75-летию акад. В.П. Алексеева «Экология и демография человека в прошлом и настоящем»: тез. докл. М.: Энциклопедия русских деревень, 2004. С. 288-289
8. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В. Генетико-демографические процессы в населении Кемеровской области: динамика этнической и возрастной брачной ассортативности в населении г. Белово // **Генетика**, 2005. Т.41. № 7. С. 860-865
9. **Лавряшина М. Б.**, Ульянова М. В., Балановская Е. В. Антропонимия Западной Сибири: этно-демографическая оценка // Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных территорий. Т. XI. Часть II: материалы Годовой сессии Института археологии и этнографии СО РАН 2005 г. Новосибирск: Институт археологии и этнографии СО РАН, 2005. С. 108-112
10. Ульянова М. В., **Лавряшина М. Б.**, Бондарева М. С. Динамика брачно-миграционной структуры коренных этносов Алтае-Саянского нагорья в сравнительном освещении // Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных территорий. Т. XI. Часть II: материалы Годовой сессии Института археологии и этнографии СО РАН 2005 г. – Новосибирск: Институт археологии и этнографии СО РАН, 2005. С. 175-178

11. Карпова В.В., **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Толочко Т.А. Изучение характера распределения дерматоглифических признаков при вибрационной болезни // **Медицина труда и промышленная экология**, 2005. № 1. С. 25-28
12. Balanovsky O, Pocheshkhova E, Pshenichnov A, Solovieva D, Kuznetsova M, Voronko O, Churnosov M, Tegako O, Atramentova L, **Lavryashina M**, Evseeva I, Borinska S, Boldyreva M, Dubova N, Balanovska E. Is spatial distribution of the HIV-1-resistant CCR5Delta32 allele formed by ecological factors? // **J. Physiol. Anthropol. Appl. Human Sci.**, 2005. 24(4). P. 375-82
13. Ульянова М.В., Кучер А.Н., **Лавряшина М.Б.** Динамика брачно-миграционной структуры коренных этносов Алтае-Саянского нагорья в сравнительном освещении // **Бюллетень СО РАМН: Материалы конференции 13 международного конгресса по приполярной медицине: Новосибирск, 2006. С. 211-212**
14. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.**, Кучер А.Н. Репродуктивные показатели и структура индексов Кроу в популяции шорцев Кемеровской области // **Этносы развивающейся России: проблемы и перспективы: Материалы межрегиональной научн.-практ. конф. Абакан: Изд-во хакасского гос. ун-та, 2006. С. 124-127**
15. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.**, Раджапов М.О., Кузнецова М.А., Балановская Е.В. Аллельные частоты генов CCR5(delta32), CCR2(V64I) и SDF1(3'A) у этнических шорцев Алтае-Саян // **Особь и популяция – стратегия жизни: сборник материалов IX Всероссийского популяционного семинара. Уфа: Издательский дом ООО «Вили Осклер», 2006. Ч.1. С. 515-520**
16. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.** Динамика брачно-миграционной структуры коренных этносов Алтае-Саянского нагорья в сравнительном освещении // **Этносы развивающейся России: проблемы и перспективы: материалы 2-й Международной научно-практической конференции, 28–29 сентября 2007 г., Абакан / науч. ред. Т.А. Фотекова, Абакан: Изд-во ХГУ им. Катанова, 2007. С. 200-203.**
17. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Васинская О.А. Генетико-демографическая характеристика коренных народов Алтае-Саян по данным фамильного анализа // **Этносы развивающейся России: проблемы и перспективы: материалы 2-й Международной научно-практической конференции, 28–29 сентября 2007 г., Абакан / науч. ред. Т.А. Фотекова, Абакан: Изд-во ХГУ им. Катанова, 2007. С. 183-186.**
18. Балановская Е.В., Балановский О.П., Соловьева Д.С., Сорокина И.Н., **Лавряшина М.Б.**, Почешхова Э.А. «Фамильный портрет» русского генофонда // **Человек в культурной и природной среде: труды Третьих антропологических чтений /отв. ред. Т.И.Алексеева. М., Наука, 2007. С. 247-266**
19. Ульянова М.В., Кучер А.Н., **Лавряшина М.Б.** Семейное разнообразие в шорской популяции Кемеровской области // **Генетика человека и патология: сб. науч. трудов / под ред. В. П. Пузырева. Вып.8. Томск: Изд-во «Печатная мануфактура», 2007. С. 31-36.**
20. Васинская О.А., **Лавряшина М.Б.**, Исакова Ж., Сперанская А.С., Дружинина Е.Г., Балановская Е.В. Второй мировой максимум частоты СПИД протекторного маркера CCR5del32: генография Южной Сибири и Центральной Азии // **V съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров. Москва 21-28 июня 2009. М.: Изд-во РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, 2009. Ч.1. С. 397.**
21. Малышева А.С., Санина Е.В., **Лавряшина М.Б.**, Васинская О.А., Кальпина Н.Р., Боринская С.А., Балановский О.П. Распределение аллелей гена аполипопротеина Е в популяциях человека // **V съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров.**

Москва 21-28 июня 2009. М.: Изд-во РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, 2009. Ч.1. С. 456.

22. **Лавряшина М.Б.,** Ульянова М.В., Васинская О.А. Мониторинг моноэтничности народов Южной Сибири по данным брачной структуры // V съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров. Москва 21-28 июня 2009. М.: Изд-во РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, 2009. Ч.1. С. 445.

23. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.** Изонимный подход в изучении динамики генетической структуры популяции шорцев Кемеровской области // V съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров. Москва 21-28 июня 2009. М.: Изд-во РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, 2009. Ч.1. С. 512.

24. **Лавряшина М.Б.,** Ульянова М.В., Балановская Е.В. Особенности репродукции в сельских популяциях коренных народов Южной Сибири // **Медицинская генетика**, 2009. № 9. С. 3-7

25. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.** Генетико-демографическая структура шорцев Таштагольского района Кемеровской области // VIII Конгресс этнографов и антропологов России: тезисы докл., Оренбург, 1-5 июля 2009 г. Оренбург: Издательский центр ОГАУ, 2009. С. 152.

26. **Лавряшина М.Б.,** Ульянова М.В., Балановская Е.В. Динамика фамильного состава как показатель изменения популяционной структуры коренных этносов Южной Сибири // **Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология**, 2009. № 3. С. 14-22.

27. **Лавряшина М.Б.,** Ульянова М.В., Васинская О.А. Коренные народы Алтае-Саян: соотношение генофондов по данным об аутосомных ДНК маркерах и Y хромосомы // *Человек: его биологическая и социальная история: труды международной конференции, посвященной 80-летию академика РАН В.П. Алексеева (Четвертые Алексеевские чтения)*. Москва, 9-12 ноября 2009. Москва, 2010. Т.1. С. 218-224

28. Ульянова М.В., **Лавряшина М.Б.** Временная динамика генетико-демографической структуры шорского населения Кемеровской области // *Человек: его биологическая и социальная история: труды международной конференции, посвященной 80-летию академика РАН В.П. Алексеева (Четвертые Алексеевские чтения)*. Москва, 9-12 ноября 2009. Москва, 2010. Т.1. С. 225-228

29. **Лавряшина М.Б.,** Ульянова М.В., Балановская Е.В. Влияние генетико-демографических процессов на структуру сельских популяций коренного населения Южной Сибири: три неперекрывающихся поколения по данным о демографии и распространении фамилий // **Медицинская генетика**, 2010. Т.9. № 4(94). С. 16-24

30. **Лавряшина М.Б.,** Ульянова М.В., Васинская О.А., Фролова С.А., Дибирова Х.Д., Балановская Е.В. Генетический портрет десяти малых народов Южной Сибири. Сообщение I. Полиморфизм аутосомных ДНК маркеров // **Медицинская генетика**, 2010. Т.9. № 3(93). С. 12-17

31. Ульянова М.В., Кучер А.Н., **Лавряшина М.Б.** Генетико-демографическое изучение шорцев Таштагольского района Кемеровской области: динамика численности половозрастного состава // **Генетика**, 2010. Т. 46. № 4. С. 526-531

32. Ульянова М.В., Кучер А.Н., **Лавряшина М.Б.** Генетико-демографическое изучение шорцев Таштагольского района Кемеровской области: динамика брачно-миграционной структуры // **Генетика**, 2011. Т.47. № 1. С. 133-139

33. Васинская О.А., **Лавряшина М.Б.,** Исакова Ж.Т. и др. Соотношение генофондов Южной Сибири, Центральной Азии и Памира // **Медицинская генетика**,

2010. Материалы VI съезда Российского общества медицинских генетиков, Ростов-на-Дону, 14-18 мая, 2010. С. 34

34. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Васинская О.А. Изменение за три поколения генетической структуры и показателей воспроизводства у коренного населения Южной Сибири // **Медицинская генетика**, 2010. Материалы VI съезда Российского общества медицинских генетиков, Ростов-на-Дону, 14-18 мая 2010. С. 101

35. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Балаганская О.А., Балаганский А.Г., Балановская Е.В. Генетический портрет десяти малых народов Южной Сибири. Сообщение II. Гетерозиготность и подразделенность генофонда по данным об аутосомных ДНК маркерах // **Медицинская генетика**, 2010. № 9(99). С. 16-23

36. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Толочко Т.А., Балаганская О.А., Романов А.В., Балановская Е.В. Шорцы: сходство и различие территориальных групп по данным фонда фамилий и аутосомных ДНК маркеров // **Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология**, 2011. № 2. С. 66-77.

37. Балаганская О.А., Балановская Е.В., **Лавряшина М.Б.**, Исакова Ж.Т., Сабитов Ж.М., Фролова С.А., Романов А.Г., Дибирова Х.Д., Кузнецова М.А., Захарова Т.А., Урасин В.М., Балаганский А.Г., Баранова Е.Г., Балановский О.П. Полиморфизм Y хромосомы у тюркоязычного населения Алтае-Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов Западной и Восточной Евразии // **Медицинская генетика**, 2011. № 3. С. 12-22.

38. Балаганская О.А., Балановский О.П., **Лавряшина М.Б.**, Кузнецова М.А., Романов А.Г., Дибирова Х.Д., Фролова С.А., Захарова Т.А., Баранова Е.Е., Сабитов Ж., Нимадава П., Балановская Е.В. Генетическая структура по маркерам Y хромосомы народов Алтая (России, Казахстана, Монголии) // **Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология**, 2011. № 2. С. 23-36.

39. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Балаганская О.А. Коренные народы Сибири: процессы ассимиляции пришлым населением по данным демографической и популяционной генетики // IX конгресс этнографов и антропологов России: тезисы докл., Петрозаводск, 4-8 июля 2011 г. Петрозаводск: Карельский науч. центр РАН. С. 264.

40. **Лавряшина М.Б.**, Ульянова М.В., Балаганская О.А., Балаганский А.Г., Кузнецова А.А., Балановская Е.В. Генетический портрет десяти малых народов Южной Сибири. Сообщение III. Генетические соотношения и положение среди народов Северной Азии по данным об аутосомных ДНК маркерах // **Медицинская генетика**, 2011. № 8. С. 26-32.

Список сокращений.

АК – Алтайский край

КО – Кемеровская область

ТУ – территориальное управление

РА – Республика Алтай

РХ – Республика Хакасия

с/а – сельская администрация

с/с – сельский совет