

Дамба Л.Д.<sup>1)</sup>, Айыжы Е.В.<sup>2)</sup>, Балановский О.П.<sup>3)</sup>,  
Маркина Н.В.<sup>3)</sup>, Жабагин М.К.<sup>6)</sup>, Балановская Е.В.<sup>3,4,5)</sup>

<sup>1)</sup> НИИ медико-социальных проблем и управления Республики Тыва,  
ул. Кечил-оола, д. 2А, Кызыл, 667003, Республика Тыва, Россия

<sup>2)</sup> ФГБОУ ВО «Тувинский государственный университет»,  
ул. Ленина, д.5, Кызыл, 667000, Республика Тыва, Россия

<sup>3)</sup> Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН,  
ул. Губкина, д.3, Москва, 119991, Россия

<sup>4)</sup> ФГБНУ «Медико-генетический научный центр им. акад. Н. П. Бочкова»,  
ул. Москворечье, д.1, Москва, 115522, Россия

<sup>5)</sup> АНО «Биобанк Северной Евразии»,  
Котляковская ул., 3с12, Москва, 115201, Россия

<sup>6)</sup> Национальный центр биотехнологии,  
Кургальжинское шоссе, здание 13/5, Нур-Султан, 010000, Казахстан

## ЦЕНТРАЛЬНОАЗИАТСКИЙ КОМПОНЕНТ В ГЕНОФОНДЕ ТУВИНСКОЙ РОДОПЛЕМЕННОЙ ГРУППЫ *МОНГУШ*: К ВОПРОСУ О МОНГОЛЬСКОМ ВКЛАДЕ В ЭТНОГЕНЕЗ ТУВИНЦЕВ

**Введение.** Исторические источники, так же как этнографические, антропологические и лингвистические данные, говорят о значительном влиянии монголоязычных племен на этногенез тувинцев. Вместе с тем степень монгольского влияния на генофонд можно оценить только в молекулярно-генетических исследованиях. В данной работе по данным полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** проведен популяционный скрининг Y-хромосомного генофонда одной из наиболее многочисленных тувинских родоплеменных групп «монгуш».

**Материалы и методы.** Проанализирована ДНК, выделенная из образцов венозной крови 98 представителей родоплеменной группы «монгуш», собранных в четырех районах (кожуунах) республики Тыва. По данным полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** и биоинформационного анализа проведен филогенетический анализ, построено филогенетическое дерево и рассчитан возраст субгаплогрупп.

**Результаты и обсуждение.** Обнаружено, что центральноазиатская гаплогруппа **C2-M217** представлена у всех обследуемых родоплеменной группы «монгуш» только одной линией – субгаплогруппой **C2a1a2a2a2-SK1066**. Ее наличие в генофонде может быть связано с массовой миграцией монголоязычных племен в XII–XIV вв., когда территория Тувы оказалась под властью Чингисхана. Вместе с тем эта субгаплогруппа выявлена только в выборках Чаа-Хольского и Барун-Хемчикского кожуунов с частотами 12% и 2% соответственно; в выборках Тандынского и Эрзинского кожуунов гаплогруппа **C2-M217** не найдена. Филогенетический анализ по данным полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** позволил рассчитать возраст субгаплогруппы **C2a1a2a2a2-SK1066** – он составил около 900 лет. Преобладание в генофонде тувинцев восходящих к неолиту южносибирских гаплогрупп (**Q1b-YP1691**, **N1a2-L666**, **N3a5a-F4205**) согласуется с данными антропологов о том, что именно южносибирский пласт сыграл основную роль в их этногенезе, центральноазиатский вклад относится к более позднему времени.

**Выводы.** По данным полного секвенирования центральноазиатской гаплогруппы **C2-M217** у представителей тувинской родоплеменной группы «монгуш», экспансия монголоязычных племен в Центральную Азию, оказавшая значительное культурное, хозяйственное и лингвистическое влияние на население Тувы, не столь заметно отразилась в генофонде тувинцев. Исследование подтвердило данные антропологов о более позднем центральноазиатском вкладе в этногенез тувинцев по сравнению с более ранним и гораздо более значимым южносибирским.

**Ключевые слова:** Тува; тувинцы; этногенез; монголоязычные племена; родоплеменная группа монгуш; Y-хромосомная гаплогруппа; гаплогруппа C2-M217; полногеномное секвенирование; филогенетический анализ

### Введение

В формировании тувинского этноса помимо тюркоязычных принимали участие и другие группы населения. Особый интерес вызывает роль монголоязычных племен: из всех тюркоязычных народов именно у тувинцев наиболее ярко выражен монголоидный антропологический тип; тувинский язык по количеству монголизмов занимает первое место среди всех тюркских языков; тувинцы с давних пор имели тесные хозяйственно-бытовые и этнокультурные связи с монголоязычными племенами Центральной Азии [Маннай-оол, 2004].

Монголоязычные племена в VI–IX вв. обитали за пределами современной Монголии в лесной и лесостепной зоне Дальнего Востока (преимущественно от устья Аргуни до устья Онона) и в северной части Маньчжурии, занимаясь главным образом охотой и рыболовством. На территории Центральной Азии (в частности, современной Монголии) до IX–X вв. жили тюркоязычные племена: тюрки-тююк, тюргеши, карлуки, огузы, древние кыргызы, азы, чики, чигили, дубо, кимаки-кипчаки, курыкане, уйгуры, тюрки-шато и др. [История Тувы, 2014]. Постепенно в Центральную Азию мигрировали монгольские племена, что привело к их частичному смешению с тюркоязычными этническими группами или даже к их вытеснению. В результате активных этнокультурных контактов с тюркоязычными племенами новоприбывшие племена монголов восприняли ряд прогрессивных изменений, что наблюдается в традициях кочевого скотоводства, земледелия, материальной и духовной культуры.

По данным письменных источников отдельные небольшие монголоязычные группы проникали в Туву в XI–XII веках [Маннай-оол, 2004]. Согласно средневековым арабским ис-

точникам в начале XIII в. территория современной Тувы называлась «Кем-Кемджиут» (Хем-Хемчиктер), в дальнейшем так стали называть ее и монголы. В 1207 г. монгольские войска под командованием сына Чингисхана Джучи завоевали «лесные народы», которые проживали от Байкала до Южной Сибири, под их властью оказалась территория древнекиргызского государства, где жили кыргызы и кем-кемджиуты. Среди покоренных народов упоминаются и некоторые из этнических групп, населявших бассейн Верхнего Енисея, в том числе и территорию современной Тувы.

Следующий этап в истории изучаемого региона начался с того, что на рубеже XII–XIII вв. Алтае-Саянское нагорье входит во владение монгольской династии Юань как одна из 12 провинций, основателем которой был Хубилай хан. Среди покоренных народов, населявших леса и степи Алтае-Саян и сопредельных территорий, в монгольской летописи от 1240 г. есть упоминания ойратов, бурят, бархунов, урсутов, хабханасов, ханхасов, шибиров, кестинов, байтов, тухасов, тенлеков, тоелесов, тасов, бачжиги, тубасов. Предполагают, что тубасы являются одним из предков тувинцев. В этот период усиливаются ассимиляционные процессы монголоязычных этнических групп и местного тюркоязычного населения. Этническое и хозяйственное сближение населения Тувы с монголоязычными племенами оставило след в этнонимике и топонимике.

Как сообщается в письменных источниках, часть монголоязычных племен найманов во главе с Буюрук-ханом после поражения от войск Чингисхана бежала в бассейн Енисея к кем-кемджиутам, то есть в Туву. Эта группа найманских беженцев, по-видимому, осталась в Туве и постепенно влилась в состав местных племен.

По-видимому, на территорию Тувы в то время проникали и другие монголоязычные группы, например, какая-то часть ойратов при продвижении на запад осталась в Туве и слилась с отдельными родоплеменными группами [Маннай-оол, 2004].

Этногенез тувинской родоплеменной группы *монгуш*, как одной из наиболее многочисленных, вызывает особый интерес у историков, этнографов и лингвистов, которые выдвигают две взаимоисключающие версии ее происхождения: «монгольскую» и «тюркскую». По мнению известного синолога Н.Ц. Мункуева этноним «монгуш» является особой формой древнемонгольского этнонима «монгол», который преобразовался в «монгус» (*mongyus*). А. Б. И. Татаринцев считал, что этимология названия «монгуш» связана с южносибирскими и древнетюркскими языками, сопоставляя его с киргизским «муңгуш», башкирским «мунаш», чувашским «моң», якутским «муң» и древнетюркским «*mıngas*». По его мнению, монголоязычный компонент в составе тувинского этноса был минимальным и потому мог не найти прямого отражения в тувинской этнонимии и этногенезе тувинских родов [Татаринцев, 2009].

В целом исторические и этнографические данные указывают на существенную роль монгольского влияния на тувинский этногенез. Однако вопрос о том, сколь велика эта роль в формировании физического облика и генофонда тувинцев, остается открытым. Важный вклад в решение этого вопроса вносит молекулярно-генетическое изучение родоплеменных групп тувинцев, добавляя новые аспекты к совокупности исторических источников и данных гуманитарных наук.

Цель данного исследования – изучить роль «монгольского» компонента в генофонде тувинской родоплеменной группы *монгуш* по данным полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** и популяционного скрининга образцов представителей этой группы.

## Материалы и методы

Материалом для исследования послужила ДНК, выделенная из венозной крови методом фенол-хлороформной экстракции. Образцы венозной крови представителей родоплеменной группы *монгуш* были собраны в Чаа-Хольском (N=64), Барун-Хемчикском (N=15), Эрзинском (N=5) и Тандынском (N=14) кожуунах, суммар-

ный объем выборки N=98. В выборку включены только неродственные между собой мужчины-тувинцы, все предки которых относились к данной родоплеменной группе и проживали на данной территории на протяжении не менее трех поколений. Сбор образцов сопровождался письменным информированным согласием обследуемых и проходил под контролем Этической комиссии ФГБНУ «МГНЦ» (г. Москва).

По данным полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** и биоинформационного анализа полученных результатов создана таблица генотипов, на основе которой проведен филогенетический анализ, построено филогенетическое дерево и рассчитан возраст субгаплогрупп при помощи консенсусной калибровки скорости мутирования равной  $0,8 \cdot 10^{-9}$  мутаций на нуклеотид в год. Согласно данной калибровке, одна мутация происходит раз в 140 лет, что соответствует одной мутации на 4–5 поколений.

Картографический анализ проведен с помощью ПО «GeneGeo» (рук. О.П. Балановский) на картографической основе «Северная Евразия».

Генотипирование SNP-маркеров проведено методом ПЦР в режиме реального времени на приборе 7900 HT (Applied Biosystems, США) с использованием технологии TaqMan (Applied Biosystems) по 22 SNP-маркерам: F2613; F2386; CTS4021; Z12266; M407; F1788; F3918; F3791; F3830; P53.1; F3960; F11899; C2-F5481; F11791; F14768; M48; M86; F5485; SK-1066; Z40445; Z32859; Z32868. Номенклатура гаплогрупп дана согласно ISOGG-Tree 2019-2020 (Available at: [http://www.isogg.org/tree/ISOGG\\_HapgrpC.html](http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpC.html). Accessed: 05.02.2022). В работе использованы не опубликованные ранее данные научного коллектива под руководством О.П. Балановского и Е.В. Балановской.

## Результаты и обсуждение

Гаплогруппа **C2-M217** очень широко распространена на территории Северной Евразии – от Черного моря до Дальнего Востока – и охватывает большое число этнических групп (рис. 1). Наиболее часто она встречается в популяциях бурятов, дауров, ительменов, казахов, калмыков, коряков, маньчжуров, монголов, хазарейцев; с умеренной частотой – у айнов, алтайцев, корейцев, нивхов, тувинцев, узбеков, эвенков. Распространение гаплог-

группы **C2-M217** часто связывают с экспансией кочевников из Центральной Азии [Деренко с соавт., 2007; Харьков с соавт., 2007; Балаганская с соавт., 2011; Жабагин с соавт., 2014; Underhill et al., 2001; Karafet et al., 2008; Zhong et al., 2010].

В предыдущей работе этого же коллектива «монгольский» компонент в генофонде родоплеменной группы *монгуш* был рассчитан суммарно как вклад двух центральноазиатских гаплогрупп **C** и **O**, его величина составила около 17% генофонда [Дамба с соавт., 2018].

В данном исследовании по результатам полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** и популяционного скрининга образцов представителей родоплеменной группы *монгуш* обнаружено, что центральноазиатская гаплогруппа **C2-M217** представлена у всех представителей этой группы всего лишь одной линией – субгаплогруппой **C2a1a2a2a2-**

**SK1066**. Эта субгаплогруппа выявлена только в выборках Чаа-Хольского и Барун-Хемчикского кожуунов с частотами 12% и 2%, соответственно. В генофондах представителей *монгуш* Тандынского и Эрзинского кожуунов центральноазиатская гаплогруппа **C2-M217** не найдена (рис. 2).

Филогенетический анализ по данным полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** позволил рассчитать возраст субгаплогруппы **C2a1a2a2a2-SK1066** – он составил около 900 лет, и выявить регион ее происхождения – северо-восточная Монголия. Ранее было показано, что «центральноазиатско-сибирская» субгаплогруппа **C2a1a2a2a2-SK1066** встречается с высокой частотой у монголов, калмыков и с умеренными частотами – у бурят, казахов и киргизов [Деренко с соавт., 2007; Харьков с соавт., 2007; Балаганская с соавт., 2011].

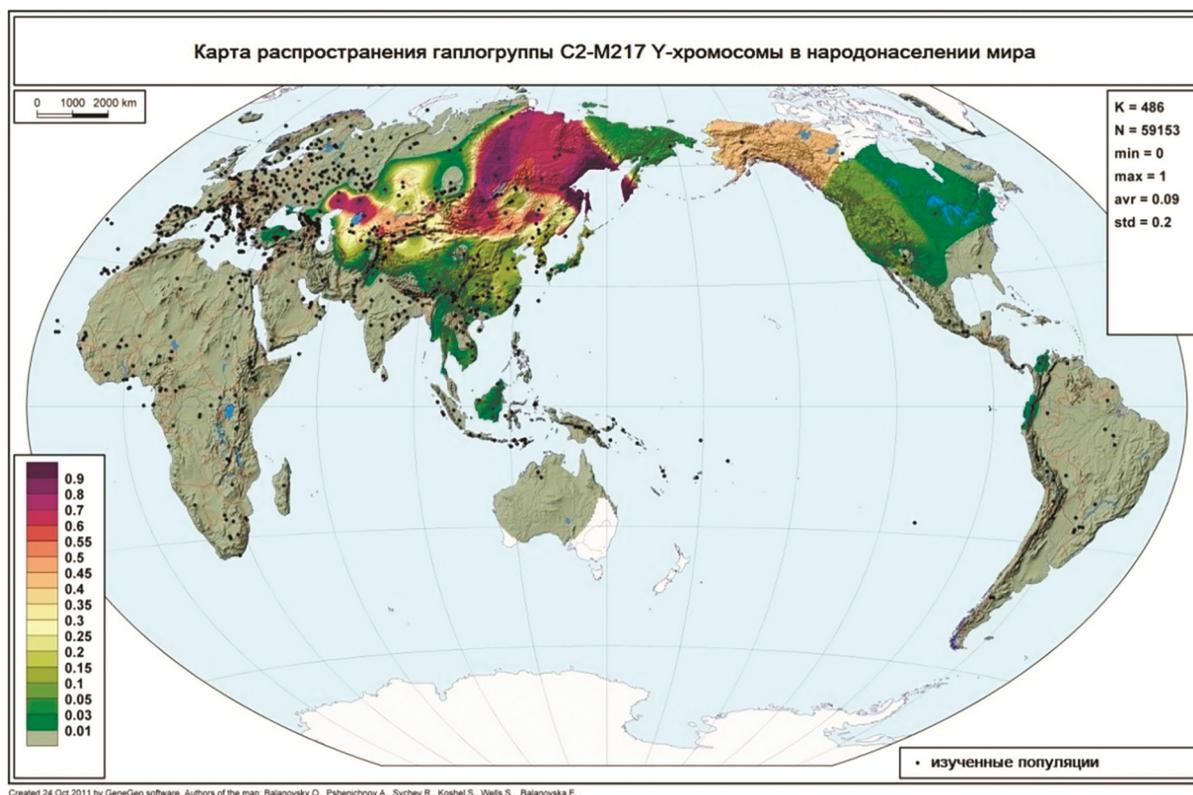


Рисунок 1. Геногеографическая карта распространения гаплогруппы **C2-M217** в народонаселении мира

Figure 1. Genogeographic map of the distribution of haplogroup **C2-M217** in the world population

Примечания: Точками на карте обозначены популяции, для которых известно значение частоты гаплогруппы и которые служили опорными точками при картографировании. Шкала слева внизу показывает диапазон частот: от минимальных (до 1%), окрашенных серым цветом, до максимальных (более 90%), окрашенных фиолетовым цветом.

Notes: The points on the map indicate populations for which the value of the haplogroup frequency is known and which served as reference points in mapping. The scale at the bottom left shows the frequency range: from the minimum (up to 1%), colored in gray, to the maximum (more than 90%), colored in purple.

Совокупность исторических источников свидетельствует о том, что монголоязычные племена в период экспансии XI–XIII вв. оказали существенное этнокультурное, хозяйственное и лингвистическое влияние на тюркоязычные племена Центральной Азии, в том числе и на население Кем-Кемджиут на территории современной Тувы. Это влияние в дальнейшем усиливалось, так период XIII–XIV вв. в истории Тувы характеризовался строительством поселений, развитием ремесла, земледелия и торговли – монгольские правители с целью укрепления завоеванных территорий строили в самых плодородных для земледелия районах этого региона военно-пахотные поселения и города. Однако с падением Юаньской династии, когда военно-

пахотные поселения перестали играть отведенную им роль, оседлые поселения и города разрушались, и местное население переходило к традиционному хозяйственному укладу – кочевому скотоводству. Монгольская эпоха в истории Тувы имела как положительные, так и отрицательные последствия. К последним относится утрата многих достижений культуры, в частности, местной письменности на основе енисейского алфавита древнетюркского рунического письма.

Хозяйственное, культурное и лингвистическое влияние на этногенез тувинцев со стороны монголоязычных племен могло в большей или меньшей степени затрагивать их генофонд. Именно это предстояло выяснить молекулярно-

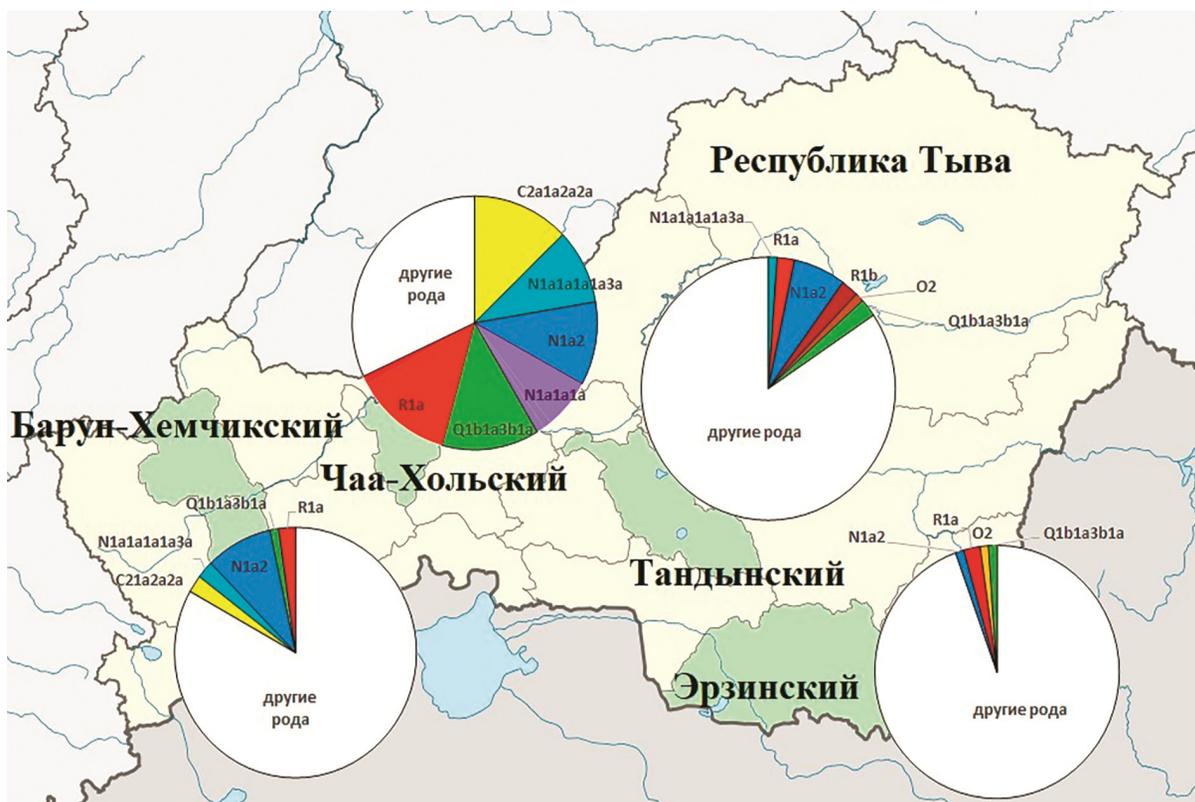


Рисунок 2. Спектр гаплогрупп Y-хромосомного генофонда родоплеменной группы монгуш.

Сектора разных цветов на диаграммах обозначают долю гаплогрупп в генофонде, субгаплогруппа C2a1a2a2a2-SK1066 обозначена желтым цветом

Figure 2. Haplogroup spectrum of the Y-chromosome gene pool of the Mongush tribal group. Sectors of different colors in the diagrams indicate the proportion of haplogroups in the gene pool, the subhaplogroup C2a1a2a2a2-SK1066 is indicated in yellow

Примечания: Каждый круг отражает генофонд одной территориальной группы (кожууна), внутри территориальной группы показан только спектр гаплогрупп родоплеменной группы монгуш – все встреченные гаплогруппы. На белую часть круга приходятся гаплогруппы других родоплеменных групп тувинцев.

Notes: Each circle reflects the gene pool of one territorial group (kozhuun), within the territorial group only the spectrum of haplogroups of the Mongush tribal group is shown – all haplogroups encountered. The white part of the circle contains haplogroups of other tribal groups of Tuvans.

генетическими методами на примере изучения родоплеменной группы *монгуш*. И если в предыдущем исследовании доля «монгольского» компонента в генофонде *монгуш* была оценена лишь по суммарному вкладу центральноазиатских гаплогрупп **C** и **O** [Дамба с соавт., 2018], то в данном исследовании, с использованием полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** и популяционного скрининга образцов, проведен более детальный анализ.

Он показал, что, во-первых, у представителей родоплеменной группы *монгуш* гаплогруппа **C2-M217** представлена только одной линией – субгаплогруппой **C2a1a2a2a2-SK1066**. Во-вторых, только в выборке Чаа-Хольского кожууна ее частота значительна (12%), в выборке Барун-Хемчикского кожууна она составляет всего 2%, а в генофондах Тандынского и Эрзинского кожуунов гаплогруппа **C2-M217** не найдена.

Высокая распространенность гаплогруппы **C2-M217** в Центральной Азии позволила некоторым исследователям выдвинуть мнение, что именно этой гаплогруппой обладал Чингисхан [Zerjal et al., 2003]. В упоминаемой работе было изучено 16 популяций с обширной территории Азии от Тихого океана до Каспийского моря, гаплогруппа **C\*** обнаружена примерно у 8% мужчин данного региона и выделен четко обособленный кластер (**Star Cluster**), возраст которого составил около 1000 лет. На основании этого было высказано предположение, что основателем этого кластера является именно Чингисхан, а ныне живущие носители этой гаплогруппы – его прямые потомки. Наибольшая частота гаплотипов **Star Cluster** (40%) выявлена у хазареев, которые считаются потомками монголов, оставленных в регионе после его завоевания в XIII веке, у китайцев Внутренней Монголии (30%), у монголов Внутренней (25%) и внешней (20%) Монголии. У китайских казахов и уйгуров частота гаплотипов **Star Cluster** около 20%, у казахов Казахстана, киргизов, узбеков, северных китайцев и маньчжуров – около 10% [Underhill et al., 2001; Zerjal et al., 2003; Karafet et al., 2008; Zhong et al., 2010]. По данным российских исследователей потомками Чингисхана могут быть представители клана Керей в Казахстане [Abilev et al., 2012], в котором частота носителей **C2\* Star Cluster** составила 76,5%.

Как отмечено выше, территория современной Тувы была завоевана монгольским войском под командованием сына Чингисхана Джучи. Однако этот период истории не оставил заметного следа в генофонде населения, о чем свидетельствует в целом невысокая доля гаплогруппы **C2-M217** у представителей одной из самых многочисленных родоплеменных групп *монгуш*, причем лишь в двух кожуунах из четырех.

В генофонде тувинцев, предположительно сформированном на основе самодийско-кетских племен, населявших территорию Тувы с эпохи неолита (VI–III тыс. до н.э.) преобладают североазиатские южносибирские гаплогруппы (**Q1b-YP1691**, **N1a2-L666**, **N3a5a-F4205**), отражающие более ранний генетический пласт [Дамба с соавт., 2018]. Полученная по данным полногеномного секвенирования и филогенетического анализа датировка субгаплогруппы **C2a1a2a2a2-SK1066** в генофонде тувинской родоплеменной группы *монгуш* указала на ее возраст около 900 лет [Дамба с соавт., 2021]. Это согласуется с данными антропологов о том, что центральноазиатский вклад в этногенез тувинцев и их родо-вых групп был получен много позже, чем южносибирский, более ранний и гораздо более значимый [Аксянова, 2009].

Таким образом, оценка центральноазиатского «монгольского» компонента в генофонде тувинцев и, в частности, родоплеменной группы *монгуш*, по данным полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** продемонстрировала, что экспансия монголоязычных племен не оказала значительного генетического влияния на население Тувы, в отличие от этнокультурного, хозяйственно-бытового, лингвистического и антропологического влияния, максимального среди всех тюркоязычных этносов.

## Выводы

1. Как показало полное секвенирование центральноазиатской гаплогруппы **C2-M217**, в генофонде тувинской родоплеменной группы *монгуш* она представлена только одной линией – субгаплогруппой **C2a1a2a2a2-SK1066**.
2. Гаплогруппа **C2-M217** (субгаплогруппа **C2a1a2a2a2-SK1066**) обнаружена у представи-

телей родоплеменной группы *монгуш* двух кожуунов с частотой 12% и 2%, соответственно; в выборках двух других кожуунов гаплогруппа **C2-M217** не найдена.

3. По данным полного секвенирования гаплогруппы **C2-M217** экспансия монголоязычных племен не оказала значительного генетического влияния на население Тувы.

4. Подтверждены данные антропологов о более позднем центральноазиатском пласте в этногенезе тувинцев и их родоплеменных групп по сравнению с более ранним и значимым южносибирским.

### Благодарности

Исследование выполнено при финансовой поддержке Государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ для Медико-генетического научного центра им. акад. Н.П. Бочкова (работы по генотипированию, филогенетический анализ); Государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ для Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН (интерпретация результатов, написание текста статьи); гранта РНФ № 22-18-20113 (экспедиционное обследование популяций); гранта Комитета науки Министерства образования и науки Республики Казахстан № AP08855823 (предоставление информации о популяциях Монголии).

Авторы выражают благодарность всем донорам образцов, которые принимали участие в данном исследовании, а также АНО «Биобанк Северной Евразии» за предоставление коллекций ДНК.

### Библиография

Аксянова Г.А. Основные результаты расогенетических исследований в Туве в XX столетии // Археология, этнография и антропология Евразии, 2009. Т. 40. № 4. С. 137-144.

Балаганская, О.А., Лавряшина М.Б., Кузнецова М.А., Романов А.Г., Дибирова Х.Д. с соавт. Генетическая структура по маркерам Y хромосомы народов

Алтая (России, Казахстана, Монголии) // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2011. № 2. С.25-36.

Дамба Л.Д., Балановская Е.В., Жабагин М.К., Юсупов Ю.М., Богунов Ю.В. с соавт. Оценка вклада монгольской экспансии в генофонд тувинцев // Вавиловский журнал генетики и селекции, 2018. Т. 22. № 5. С. 611-619. DOI 10.18699/VJ18.402.

Дамба Л.Д., Запорожченко В.В., Балановский О.П., Балановская Е.В. Филогенетический анализ Y-хромосомной гаплогруппы C2a1a2a2a2-SK1066 в генофонде тувинских родовых групп в контексте центральноазиатских популяций // Вестник Тувинского государственного университета, 2021. Т. 85. Вып. 2. №4. С. 6-17. DOI: 10.24411/2221-0458-2021-85-06-17

Деренко М.В., Малярчук Б.А., Возняк М., Денисова Г.А., Дамбуева И.К. с соавт. Распространенность мужских линий "чингизидов" в популяциях Северной Евразии // Генетика, 2007. Т.43. № 3. С.422-426.

Жабагин М.К. Дибирова Х.Д., Фролова С.А., Сабитов Ж.М., Юсупов Ю.М. с соавт. Связь изменчивости Y-хромосомы и родовой структуры: генофонд степной аристократии и духовенства казахов // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2011. № 1. С. 96-101.

История Тувы. Под общей ред. С.И. Вайнштейна, М.Х. Маннай-оола. Кызыл: ОАО «Тываполиграф». 2014. С. 368.

Маннай-оол М.Х. Тувинцы. Происхождение и формирование этноса. Новосибирск: Наука. 2004. С. 99-166.

Татаринцев Б.И. Избранные научные труды. Научное издание. Кызыл: ГУП РТ «Тываполиграф». 2009. С. 169-192.

Харьков В.Н., Степанов В.А., Медведева О.Ф., Спиридонова М.Г., Воевода М.И. с соавт. Различия структуры генофондов северных и южных алтайцев по гаплогруппам Y-хромосомы // Генетика, 2007. Т. 43. № 5. С. 675-687.

### Сведения об авторах

Дамба Лариса Доржуевна, ORCID ID: 0000-0003-1736-9210; [larissa.damba@gmail.com](mailto:larissa.damba@gmail.com);

Айыжы Елена Валерьевна, к.и.н., ORCID ID: 0000-0002-4289-3543; [aiygy@mail.ru](mailto:aiygy@mail.ru);

Балановский Олег Павлович, д.б.н., профессор РАН, ORCID ID: 0000-0003-4218-6889; [balanovsky@inbox.ru](mailto:balanovsky@inbox.ru);

Маркина Надежда Вячеславовна, к.б.н., ORCID ID: 0000-0003-3568-0221; [nadezda\\_markina@mail.ru](mailto:nadezda_markina@mail.ru);

Жабагин Максат Кизатович, к.б.н., ORCID ID: 0000-0003-3414-0610; [mzhabagin@gmail.com](mailto:mzhabagin@gmail.com);

Балановская Елена Владимировна, д.б.н., профессор, ORCID ID: 0000-0002-3882-8300; [balanovska@mail.ru](mailto:balanovska@mail.ru).

Поступила в редакцию 07.02.2022,  
принята к публикации 18.02.2022.

Damba L.D.<sup>1)</sup>, Aiygy E.V.<sup>2)</sup>, Balanovsky O.P.<sup>3)</sup>,  
Markina N.V.<sup>3)</sup>, Zhabagin M.K.<sup>6)</sup>, Balanovskaya E.V.<sup>3,4,5)</sup>

<sup>1)</sup> *Research Institute of Medical and Social Problems and Control of the Healthcare Department, Kechil-ool st., 2A, Kyzyl, 667003, Russia*

<sup>2)</sup> *Tuvan State University, Lenina st., 5, Kyzyl, 667000, Russia*

<sup>3)</sup> *Vavilov Institute of General Genetics RAS, Gubkina st., 3, Moscow, 119991, Russia*

<sup>4)</sup> *Research Centre for Medical Genetics, Moskvorechie st., 1, Moscow, 115522, Russia*

<sup>5)</sup> *Biobank of Northern Eurasia, Kotlyakovskaya st., 3, Moscow, 115201, Russia*

<sup>6)</sup> *National Center for Biotechnology, Kurgalzhinskoye shosse, 13/5, Nur-Sultan, 010000 Kazakhstan*

## THE CENTRAL ASIAN COMPONENT IN THE GENE POOL OF THE TUVAN TRIBAL GROUP MONGUSH: ON THE QUESTION OF THE MONGOLIAN CONTRIBUTION TO THE ETHNOGENESIS OF THE TUVANS

**Introduction.** *Historical sources, as well as ethnographic, anthropological and linguistic data, speak of a significant influence of the Mongol-speaking tribes on the ethnogenesis of the Tuvans. Instead, the degree of Mongolian influence on the gene pool can only be assessed in molecular genetic studies. In this work, according to the data of complete sequencing of the C2-M217 haplogroup, a population screening of the Y-gene pool of the most numerous Tuvan tribal group Mongush was carried out.*

**Materials and methods.** *DNA isolated from venous blood samples of 98 representatives of the Mongush tribal group collected in four regions of the Republic of Tyva was analyzed. Based on the full sequencing of the C2-M217 haplogroup and bioinformatic analysis, a phylogenetic analysis was carried out, a phylogenetic tree was built, and the age of the subhaplogroups was calculated.*

**Results and discussion.** *It was found that the Central Asian haplogroup C2-M217 is represented in all representatives of the Mongush tribal group by only one line – the subhaplogroup C2a1a2a2a2-SK1066. Its presence in the gene pool may be associated with the mass migration of Mongol-speaking tribes in the 12<sup>th</sup>–14<sup>th</sup> centuries, when the territory of Tuva came under the rule of Genghis Khan. At the same time, this subhaplogroup was found only in the samples of the Chaa-Khol and Barun-Khemchik kozhuuns with frequencies of 12% and 2%, respectively; in the gene pools of the Tandyn and Erzin kozhuuns, the Central Asian haplogroup C2-M217 was not found. Phylogenetic analysis based on the full sequencing of the C2-M217 haplogroup made it possible to calculate the age of the C2a1a2a2a2-SK1066 sub-haplogroup – it was about 900 years. The predominance of South Siberian Neolithic haplogroups (Q1b-YP1691, N1a2-L666, N3a5a-F4205) in the gene pool of Tuvans is consistent with the data of anthropologists that it was the South Siberian layer that played the main role in their ethnogenesis, the Central Asian contribution belongs to a later time.*

**Conclusions.** *According to the full sequencing of the Central Asian haplogroup C2-M217 among representatives of the Tuvan Mongush tribal group, the expansion of the Mongol-speaking tribes into Central Asia, which had a great cultural, economic and linguistic impact on the population of Tuva, was not so significant reflected in the gene pool of Tuvans. The study confirmed the data of anthropologists about the later Central Asian contribution to the ethnogenesis of the Tuvans in comparison with the earlier and much more significant South Siberian one.*

**Keywords:** Tuva, Tuvans; ethnogenesis; Mongol-speaking tribes; Mongush tribe group; Y-chromosomal haplogroup; C2-M217 haplogroup; whole genome sequencing; phylogenetic analysis

## References

- Aksyanova G.A. Osnovnie rezultati rasogeneticheskikh issledovaniy v Tuve v XX stoletii [The main results of racegenetical researches in Tuva in XX century]. *Archeologia, etnografia i antropologia Evrasii* [Archeology, ethnology and anthropology of Eurasia], 2009, 40 (4), pp. 137-144. (In Russ.).
- Balaganskaya O.A., Lavryashina M.B., Kuznetsova M.A., Romanov A.G., Dibiriva K.D. et al. Geneticheskaya struktura po markeram Y-chromosomi narodov Altaya (Rossii, Kasachstana, Mongolii) [The genetic structure of Y-chromosome markers in peoples of Altay (Russia, Kazakhstan, Mongolia)]. *Moscow University Anthropology Bulletin* [Vestnik Moscovskogo universiteta. Seria XXIII Antropologia], 2011, 2, pp. 25-36. (In Russ.).
- Damba L.D., Balanovskaya E.V., Zhabagin M.K., Yusupov Y.M., Bogunov Y.V. et al. Otchenka vkladu mongolskoy ekspansii v genofond tuvintcev [The mongol expansion evaluation in gene pool of Tuva people]. *Vavilovskiy zhurnal genetiki i seleksii* [Vavilov journal of genetics and breeding], 2018, 22 (5), pp. 611-619. DOI: 10.18699/VJ18.402. (In Russ.).
- Damba L.D., Zaporozhchenko V.V., Balanovsky O.P., Balanovskaya E.V. Phylogeneticheskiy analiz Y-chromosomnoy gaplogruppi C2a1a2a2a2-SK1066 v genofonde tuvinskih rodovi grupp v kontekste zentralnoasiatskikh populaziy [Phylogenetical analysis of Y-chromosome haplogroup C2a1a2a2a2-SK1066 in the gene pool of Tuva tribe groups in the context of Central Asia populations]. *Vestnik Tuvinskogo gosudarstvennogo universiteta* [Tuva university Bulletin], 2021, 85 (4), pp. 6-17. DOI: 10.24411/2221-0458-2021-85-06-17. (In Russ.).
- Derenko M.V., Malarchuk B.A., Vosnyak M., Denosova D.A., Dambueva I.K. et al. Rasprostranennost muzhskikh liniy "chingizidov" v populaziyah Severnoy Evrasii [The distribution of male "chingiside" lineages in populations of North Eurasia]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2007, 43 (3), pp. 422-426. (In Russ.).
- Zhabagin M.K., Dibiriva K.D., Frolova S.A., Sabitov Z.M., Yusupov Y.M. et al. Svyas izmenchivosti Y-chromosomi i rodovoy strukturi: genofond stepnoy aristokratii i duhovenstva kazahov [The relations of Y-chromosome variability and clan structure: the gene pool of steppe elite and clergy]. *Moscow University Anthropology Bulletin* [Vestnik Moscovskogo universiteta. Seria XXIII Antropologia], 2011, 1, pp. 96-101. (In Russ.).
- Istoria Tuvi* [The history of Tuva]. Editors S.I.Vainshtein, M.K. Mannay-oola. Kizil: OAO "Tivapoligraph", 2021, p.368. (In Russ.).
- Mannay-ool M.K. *Tuvintsi. Proishozhdenie i formirovaniye etnosa* [Tuva people. The origin of ethnos]. Novosibirsk: Nauka, 2004, pp. 99-166. (In Russ.).
- Tatarintsev B.I. *Izbrannye nauchnie tpudi. Nauchnoe izdanie* [The scientific selecta. Scientific issue]. Kizil: OAO "Tivapoligraph", 2009, pp. 169-192. (In Russ.).
- Harkov V.N., Stepanov V.A., Medvedeva O.F., Spiridonova M.G., Voevoda M.I. et al. Razlichiya strukturi genofondov severnih i uznhnih altaitsev po gaplogruppam Y-chromosomi [The differences of Y-chromosome gene pool structures in north and south Altay peoples]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2007, 43 (5), pp. 675-687. (In Russ.).
- Abilev S., Malyarchuk B., Derenko M., Wozniak M., Grzybowski T. et al. The Y-chromosome C3\* star-cluster attributed to Genghis Khan's descendants is present at high frequency in the Kerey clan from Kazakhstan. *Human Biology*, 2012, 84, pp. 80-89. DOI: 10.3378/027.084.0106
- Karafet T., Mendez F., Meilerman M., Underhill P., Zegura S. et al. New binary polymorphisms reshape and increase resolution of the human Y chromosomal haplogroup tree. *Genome Research*, 2008, 18 (5), pp. 830-838. DOI: 10.1101/gr.7172008
- Underhill P.A., Passarino G., Lin A.A., Shen P., Mirazon M. et al. The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations. *Ann. Hum. Genet.*, 2001, 65, pp. 43-62. DOI: 10.1046/j.1469-1809.2001.6510043.x
- Zerjal T., Xue Y., Bertorelle G., Wells R.S., Bao W. et al. The genetic legacy of the Mongols. *Am. J. Hum. Genet.*, 2003, 72 (3), pp. 717-721. DOI: 10.1086/367774
- Zhong H., Shi H., Qi X.-B., Xiao Ch.-J., Jin L. et al. Global distribution of Y-chromosome haplogroup C reveals the prehistoric migration routes of African exodus and early settlement in East Asia. *J. Hum. Genet.*, 2010, 55 (7), pp. 428-435.

## Information about Authors

*Damba Larissa D.*, ORCID ID: 0000-0003-1736-9210; [larissa.damba@gmail.com](mailto:larissa.damba@gmail.com);

*Aigygy Elena V.*, PhD of History, ORCID ID: 0000-0002-4289-3543; [aiygy@mail.ru](mailto:aiygy@mail.ru);

*Balanovsky Oleg P.*, Doctor of Biology, Professor RAS, ORCID ID: 0000-0003-4218-6889; [balanovsky@inbox.ru](mailto:balanovsky@inbox.ru);

*Markina Nadezhda V.*, PhD of Biology, ORCID ID: 0000-0003-3568-0221; [nadezhda\\_markina@mail.ru](mailto:nadezhda_markina@mail.ru);

*Zhabagin Maksat K.*, PhD of Biology, ORCID ID: 0000-0003-3414-0610; [mzhabagin@gmail.com](mailto:mzhabagin@gmail.com);

*Balanovskaya Elena V.*, Doctor of Biology, Professor, ORCID ID: 0000-0002-3882-8300; [balanovska@mail.ru](mailto:balanovska@mail.ru).