

УДК 575.17

А.С. Пилипенко¹⁻³, Р.О. Трапезов^{1,2}, Н.В. Полосьмак²¹Институт цитологии и генетики СО РАН
пр. Академика Лаврентьева, 10, Новосибирск, 630090, Россия
E-mail: alexpil@bionet.nsc.ru
Rostislav@bionet.nsc.ru²Институт археологии и этнографии СО РАН
пр. Академика Лаврентьева, 17, Новосибирск, 630090, Россия
E-mail: polosmaknatalia@gmail.com³Новосибирский государственный университет
ул. Пирогова, 2, Новосибирск, 630090, Россия**ПАЛЕОГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ
НОСИТЕЛЕЙ ПАЗЫРЫКСКОЙ КУЛЬТУРЫ
ИЗ МОГИЛЬНИКА АК-АЛАХА-1 (ГОРНЫЙ АЛТАЙ)***

В статье представлены результаты молекулярно-генетического исследования останков двух носителей пазырыкской культуры, погребенных в кург. 1 могильника Ак-Алаха-1 (плато Укок, Горный Алтай, Россия), с использованием четырех систем генетических маркеров – митохондриальной ДНК, полиморфного фрагмента гена амелогенина, STR-локусов аутосом и Y-хромосомы. Установлен мужской пол обоих индивидов. Выявлены идентичные варианты митохондриальной ДНК и Y-хромосомы, что свидетельствует в пользу родства погребенных. Однако интегральное рассмотрение полученных генетических данных позволяет исключить прямое родство (отец – сын). Приведена филогенетическая и филогеографическая интерпретация данных по митохондриальной ДНК и Y-хромосоме. Исследование демонстрирует современные возможности палеогенетических методов и назревающую необходимость их широкого применения для объективизации археологических реконструкций.

Ключевые слова: палеогенетика, митохондриальная ДНК, маркеры половой принадлежности, STR-маркеры аутосом и Y-хромосомы, Горный Алтай, пазырыкская культура.

A.S. Pilipenko¹⁻³, R.O. Trapezov^{1,2}, and N.V. Polosmak²¹Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences,
Pr. Akademika Lavrentieva 10, Novosibirsk, 630090, Russia
E-mail: alexpil@bionet.nsc.ru
Rostislav@bionet.nsc.ru²Institute of Archaeology and Ethnography, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences,
Pr. Akademika Lavrentieva 17, Novosibirsk, 630090, Russia
E-mail: polosmaknatalia@gmail.com³Novosibirsk State University,
Pirogova 2, Novosibirsk, 630090, Russia**A PALEOGENETIC STUDY OF PAZYRYK PEOPLE BURIED AT AK-ALAKHA-1,
THE ALTAI MOUNTAINS**

The study outlines the results of a molecular-genetic analysis of two males from a Pazyryk burial at Ak-Alakha-1, Ukok Plateau, the Altai Mountains, relating to mitochondrial DNA, the polymorphic part of amelogenin gene, autosomal STR-loci and STR-loci of Y-chromosome. Major lineages of both mtDNA and Y-chromosome are identical, indicating kinship. However, more detailed results exclude first degree (father-son) kinship in favor of a more distant relationship. Phylogenetic and phylogeographic implications

*Исследование выполнено в рамках проекта РФФ № 14-18-03124.

of the findings are discussed. The study demonstrates the capacities of modern paleogenetic techniques and the urgent necessity to include them in archaeological reconstructions.

Keywords: Paleogenetics, ancient DNA, mitochondrial DNA, sex-related genetic markers, autosomal STR-loci, STR-loci of Y-chromosome, the Altai Mountains, Pazyryk culture.

DOI: 10.17746/1563-0102.2015.43.4.144-150

Введение

Многочисленные курганные могильники пазырыкской культуры скифской эпохи, исследованные археологами на юге Сибири в горах Алтая, получили широчайшую известность благодаря уникальной сохранности останков людей, животных, изделий из органических материалов, которая обусловлена благоприятными условиями среды в погребениях (низкая средняя температура, слабая интенсивность жизнедеятельности микроорганизмов, наличие мерзлоты в некоторых погребениях и др.). Вариабельность устройства погребальных сооружений, состава погребенных в кургане, разнообразие сопроводительного инвентаря и бытовых предметов, обнаруживаемых в захоронениях, позволяют реконструировать различные аспекты социального устройства пазырыкского сообщества, особенности семейной организации и связанные с ними элементы погребальной практики.

Вместе с тем высокая сохранность останков носителей пазырыкской культуры (как мумифицированных, так и скелетов) делает их перспективными объектами для исследования естественно-научными методами, в первую очередь, палеогенетическими. Помимо изучения общей структуры генофонда пазырыкских популяций, поиска их генетических корней и генетического наследия в более поздних группах населения Евразии, одним из наиболее перспективных направлений применения палеогенетических методов является реконструкция таких аспектов, как степень родства погребенных в коллективных захоронениях или могильниках и половая принадлежность некоторых индивидов. Мы уже провели ряд исследований в этом направлении (см., напр.: [Пилипенко, Трапезов, Полосьмак, 2015; Pilipenko et al., 2010]).

Очередным объектом нашего внимания стали останки носителей пазырыкской культуры из кург. 1 могильника Ак-Алаха-1 [Полосьмак, 1994, с. 16–60; Население..., 2003, с. 17–21]. Памятник расположен в долине одноименной реки на плато Укок (Горный Алтай, Россия). Состоял из пяти курганов, три из которых были исследованы под руководством Н.В. Полосьмак. Курган 1 диаметром 18 м по своим размерам относится к разряду средних и содержал останки двух индивидов. Ряд черт в устройстве погребального сооружения и элементы обряда погребения свидетельствуют о довольно высоком статусе погребенных, по-видимому относившихся к элите пазырыкского

общества: наличие двух срубов – внешнего семи-венцового и внутреннего пятивенцового; сопроводительное захоронение девяти лошадей в специальном отсеке внешнего сруба; помещение обоих погребенных в колоды, не уступающие по своим размерам таковым из «царского» пазырыкского кургана 4 [Руденко, 1953, с. 44]. Несомненный интерес вызывает тот факт, что в обеих колодах находились наборы вооружения, включающие железные чеканы с деревянными рукоятями, железные кинжалы в деревянных ножнах, гориты со стрелами и луки. Этот курган был первым в истории изучения пазырыкской культуры неразграбленным и «замерзшим» погребением знатных воинов-всадников с полностью сохранившимся погребальным инвентарем и фрагментами костюма.

Методами физической антропологии установлено, что в первой колоде был захоронен мужчина 45–50 лет, во второй – молодая женщина (16–17 лет) [Чикишева, 1994]. Таким образом, данное погребение рассматривалось как аргумент в пользу существования в пазырыкском обществе практики владения оружием и привлечения к воинской деятельности как мужчин, так и женщин, хотя и подчеркивалось, что для пазырыкской культуры этот случай является уникальным [Полосьмак, 2001, с. 276].

В статье приводятся результаты исследования останков носителей пазырыкской культуры из кург. 1 могильника Ак-Алаха-1 методами палеогенетики с целью прояснения их филогенетических и филогеографических характеристик (по маркерам мтДНК и Y-хромосомы), возможной степени родства и половой принадлежности.

Материалы и методы

Палеоантропологические образцы. Для исследования были взяты по две кости посткраниального скелета каждого погребенного, характеризующиеся наибольшей макроскопической сохранностью: индивида 1 – бедренные, индивида 2 – бедренная и большая берцовая. Работа с разными костями каждого погребенного проводилась с большим хронологическим перерывом, чтобы исключить возможность какой-либо перекрестной контаминации и обеспечить максимальную независимость результатов. Также принимались специальные меры для исключения перекрестной контаминации между образцами от индивидов 1 и 2.

Предварительная обработка палеоантропологического материала и экстракция ДНК. Применялись методы, описанные в наших работах [Pilipenko et al., 2010, 2015; Пилипенко, Трапезов, Полосьмак, 2015]. Поверхность костей обрабатывали 5%-м раствором гипохлорита натрия для разрушения возможных загрязнений современной ДНК, затем удаляли механически слой ~1–2 мм и облучали образец ультрафиолетом не менее 1 ч. Из компактного костного вещества высверливали мелкодисперсный порошок, который использовали для экстракции суммарной ДНК. Костный порошок в течение 36–48 ч инкубировали в 5М гуанидинизотиоционатном буфере при температуре 65 °С и постоянном перемешивании с помощью термошейкера [Pilipenko et al., 2010, 2015]. ДНК выделяли методом фенол-хлороформной экстракции с последующим осаждением изопропанолом.

Анализ генетических маркеров. Исследование включает анализ четырех систем молекулярно-генетических маркеров: митохондриальной ДНК (последовательность ГВС I, маркер родства по женской линии, филогенетически и филогеографически информативный маркер), фрагмента гена амелогенина (маркер, используемый для определения половой принадлежности останков), высоковариабельных STR-локусов аутосом (универсальные маркеры степени родства индивидов) и Y-хромосомы (маркеры родства по мужской линии, филогенетически и филогеографически информативные маркеры, являются также независимыми маркерами мужского пола). Таким образом, пол погребенных устанавливали на основании анализа двух независимых систем маркеров (ген амелогенина и STR-локусы Y-хромосомы), родство – трех (STR-локусы аутосом и Y-хромосомы, а также мтДНК). Две из них – мтДНК и STR-локусы Y-хромосомы – являются филогенетически и филогеографически информативными, отражая генетическую историю пазырыкской популяции по женской и мужской линиям соответственно. Методы генотипирования каждой анализируемой системы маркеров приведены ниже.

Анализ последовательности мтДНК. Амплификацию ГВС I мтДНК проводили двумя разными методами: четырех коротких перекрывающихся фрагментов посредством однораундовой ПЦР [Haak et al., 2005] и одного длинного с помощью «вложенной» ПЦР (включала два раунда реакции) [Пилипенко и др., 2008].

Последовательности нуклеотидов определяли с использованием набора реактивов ABI Prism BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Applied Biosystems, USA). Продукты секвенирующей реакции анализировали на автоматическом капиллярном секвенаторе ABI Prism 3130XL Genetic

Analyser (Applied Biosystems, США) в центре коллективного пользования «Геномика» СО РАН (<http://sequest.niboch.nsc.ru>).

Полученные последовательности сравнивали с уточненной кембриджской референсной последовательностью мтДНК (rCRS) [Andrews et al., 1999]. Их филогенетическую интерпретацию осуществляли на основании существующей классификации структурных вариантов мтДНК (<http://www.phylotree.org>) [Van Oven, Kayser, 2009]. Полученные результаты дополнительно верифицировали с помощью программного инструмента HaploGrep [Kloss-Brandstatter et al., 2011] (<http://haplogrep.uibk.ac.at/>). Для филогеографического анализа привлекались литературные данные по разнообразию структуры ГВС I мтДНК в современных популяциях Евразии численностью более 25 тыс. образцов.

Определение профилей девяти аутосомных STR-локусов и анализ полиморфизма участка гена амелогенина (маркер половой принадлежности останков) проводили с использованием коммерческого набора реактивов AmpFISTR® Profiler® Plus PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) согласно инструкции производителя. Профили 17 STR-маркеров Y-хромосомы определяли с помощью коммерческого набора реактивов AmpFISTR® Y-filer® PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США) согласно инструкции производителя. Для установления принадлежности исследованных STR-гаплотипов Y-хромосомы к гаплогруппам использовали программу Haplogroup predictor, находящуюся в свободном доступе (<http://www.hprg.com/hapest5/>).

Меры против контаминации и верификация результатов. Все работы с древним материалом выполнены в лаборатории, специально оборудованной для палеогенетических исследований. Персонал лаборатории использовал комплекты спецодежды для чистых помещений. Все рабочие поверхности и приборы регулярно обрабатывались раствором гипохлорита натрия (5 %) и облучались ультрафиолетом. Через полную процедуру экстракции и амплификации параллельно с древними образцами проходили контрольные пробирки чистоты системы (без добавления палеоматериала) для выявления возможного загрязнения используемых реактивов и оборудования. Для каждого индивида проводили три независимые экстракции ДНК. Амплификацию выполняли несколько раз для каждого экстракта. У всех сотрудников палеогенетической лаборатории, имеющих доступ в чистые помещения, были определены последовательности ГВС I мтДНК с целью выявления возможной контаминации материалов. Реализация перечисленных мер и особенности результатов исследования свидетельствуют о достоверности полученных палеогенетических данных.

Результаты и обсуждение

Для каждого индивида была получена серия из семи экстрактов ДНК (по три из первой кости и по четыре из второй). Их анализ позволил получить информацию о последовательности ГВС I мтДНК, присутствии в останках аллельных вариантов гена амелогенина, специфичных для половых хромосом, об аллельных вариантах STR-локусов аутосомом и Y-хромосомы (табл. 1, 2).

Степень сохранности ДНК в останках и эффективность использованных систем генотипирования маркеров. В процессе экспериментальных работ нами получены многочисленные свидетельства различной степени сохранности ДНК в исследуемых останках: у индивида 2 она существенно ниже, чем у индивида 1. При амплификации мтДНК методом «вложенной» ПЦР, для осуществления которой требуется присутствие в экстракте фрагментов длиной более 300 пар нуклеотидов, положительные результаты получены для всех образцов ДНК индивида 1 и только для четырех из семи индивида 2. При этом амплификация короткими перекрывающимися фрагментами была успешно проведена для всех образцов, что свидетельствует о достаточно высокой для древних скелетных материалов сохранности аутентичной ДНК. Аналогичные результаты получены для других систем маркеров: для индивида 1 реконструированы полные профили аллелей STR-локусов ауто-

сом и Y-хромосомы, в то время как для индивида 2 амплификация была менее эффективной (особенно для локусов, продукты амплификации которых существенно превышали длину 250 пар нуклеотидов), что не позволило воспроизвести полные профили аллелей (табл. 1, 2). Амплификация фрагментов гена амелогенина (маркер половой принадлежности) также была нестабильной. Именно с учетом относительно низкой степени сохранности ДНК в останках индивида 2 мы решили увеличить число независимых экстрактов для каждого индивида с двух-трех (стандартное число) до семи. В этом контексте особо важен факт воспроизведения результатов из разных частей скелета. Полученные достоверные данные позволили сделать выводы с использованием всех четырех анализируемых нами систем генетических маркеров.

Половая принадлежность погребенных. Задача определения пола индивида сводится к установлению присутствия или отсутствия в останках аутентичной ДНК Y-хромосомы. В рамках нашего исследования реализованы два подхода к решению этой задачи: анализ аллелей гена амелогенина (его варианты отличаются для X- и Y-хромосом человека) и генотипирование STR-локусов Y-хромосомы. Для набора реактивов AmpFISTR® Profiler® Plus PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США), позволяющего проводить одновременный анализ аллелей гена амелогенина и профиля аутосомных STR-маркеров, нами была выявлена значительная зависимость эффективности ам-

Таблица 1. Результаты генотипирования профиля аутосомных STR-локусов в образцах ДНК

Локус	Генотип	
	Скелет 1	Скелет 2
D3S1358	15/16	14/15
vWA	18/18	14/16
FGA	22/22*	23/23*
D8S1179	13/13	14/18
D21S11	31/32.2	29/30
D18S51	Нет данных	Нет данных
D5S818	11/12	11/11
D13S317	10/13	Нет данных
D7S8	8/8	Нет данных
Амелогенин (пол)	XY (мужской)	XY (мужской)

Примечание: Жирным шрифтом выделены генотипы, свидетельствующие об отсутствии прямого родства между погребенными.

*Существует вероятность отсутствия сигнала от второго аллеля (с большим числом повторов), который не был амплифицирован из-за деградированного состояния ДНК.

Таблица 2. Результаты генотипирования профиля STR-локусов Y-хромосомы

Локус	Генотип	
	Скелет 1	Скелет 2
DYS19	14	14
DYS385a/b	12/13	Нет данных
DYS389I	13	13
DYS389II	29	Нет данных
DYS390	23	23
DYS391	10	10
DYS392	14	Нет данных
DYS393	13	13
DYS437	14	14
DYS438	10	10
DYS439	10	10
DYS448	18	Нет данных
DYS456	15	15
DYS458	16	16
DYS635	24	24
YGATAH4	12	12

плификации от степени сохранности ДНК в останках. Этот метод позволил получить устойчивые, хорошо воспроизводимые результаты как по гену амелогенина, так и по STR-маркерам индивида 1. Для индивида 2 амплификация маркеров была нестабильной. Аналогичные результаты получены при использовании набора AmpF1STR® Y-filer® PCR Amplification Kit (Applied Biosystems, США). Тем не менее оба подхода продемонстрировали присутствие в останках ДНК Y-хромосомы. Таким образом, молекулярно-генетические данные свидетельствуют о мужском поле обоих погребенных из кург. 1 могильника Ак-Алаха-1, что расходится с результатами определения половой принадлежности индивида 2 методами физической антропологии [Население..., 2003, с. 19]. Причиной, на наш взгляд, может быть молодой возраст этого индивида (16 лет), поскольку установление пола погребенных подросткового возраста по морфологии скелета в некоторых случаях достаточно затруднительно. Таким образом, полученные данные позволяют заключить, что в кург. 1 могильника Ак-Алаха-1 совершено парное погребение мужчин 45–50 и 16 лет.

Результаты анализа структуры образцов мтДНК.

Исследованные индивиды характеризовались идентичной структурой ГВС I мтДНК. Структура гаплотипа ГВС I 16093C-16129A-16223T-16298C-16327T однозначно свидетельствует о принадлежности данного структурного варианта мтДНК к восточно-евразийской гаплогруппе С (наиболее вероятно, к подгруппе С4a1), относящейся к макрогаплогруппе М. Согласно результатам филогенетического анализа, варианты гаплогруппы С4 с идентичной или близкой структурой гаплотипов широко представлены как у населения Южной Сибири (включая Алтай) и Центральной Азии (в т.ч. Северного Китая), так и в автохтонных популяциях более северных районов Сибири [Пилипенко, Трапезов, Полосьмак, 2015; Derenko et al., 2003, 2007; Starikovskaya et al., 2005; Metspalu et al., 2004]. Таким образом, выявленный вариант характерен для современных коренных народов рассматриваемого региона.

Анализ данных по составу линий мтДНК у носителей пазырыкской культуры показал, что обнаруженный нами вариант довольно часто встречается в генофонде пазырыкцев и является одним из его типичных компонентов. В частности, близкие и идентичные варианты гаплогруппы С4 были выявлены у погребенных из расположенных на небольшом удалении от могильника Ак-Алаха-1 памятников Ак-Алаха-3 [Пилипенко, Трапезов, Полосьмак, 2015] и Ак-Алаха-5, а также из других, территориально более удаленных пазырыкских могильников, например, Алагаил в среднем течении р. Чуя (неопубликованные данные авторов). Высокая частота встречаемо-

сти рассматриваемого варианта мтДНК в генофонде пазырыкцев Алтая ослабляет его значимость в качестве возможного маркера родства индивидов, погребенных в кург. 1 могильника Ак-Алаха-1, по материнской линии.

Аллельный профиль STR-локусов Y-хромосомы. В рамках нашего исследования он был использован как один из маркеров половой принадлежности останков (см. выше), в качестве маркера родства индивидов по мужской линии, а также филогенетически и филогеографически информативного маркера, отражающего историю мужской части популяции пазырыкцев. Для индивида 1 нам удалось реконструировать полный профиль из 17 STR-локусов Y-хромосомы. Из-за относительно низкой степени сохранности ДНК в останках индивида 2 для него были получены данные только по 12 STR-локусам из 17 (табл. 2). Аллельные варианты для STR-локусов, успешно генотипированных в обоих случаях, полностью идентичны. Это с высокой вероятностью указывает на принадлежность данных индивидов к одной линии Y-хромосомы, что предполагает их близкое родство по мужской линии.

Исследование структуры Y-хромосомы с целью проведения филогенетического и филогеографического анализа может быть осуществлено двумя способами. Один заключается в анализе ОНП Y-хромосомы, которые маркируют принадлежность к конкретным ее гаплогруппам и подгруппам; другой – генотипировании набора STR-локусов и определении филогенетической принадлежности с помощью специальных программ, выявляющих корреляцию между STR-профилями и филогенетическими кластерами Y-хромосомы. Нами был использован последний. Полученный полный аллельный профиль по 17 STR-локусам позволил определить принадлежность исследуемого варианта Y-хромосомы к гаплогруппе N (вероятность по данным программы Haplogroup Predictor составила 100 %). Эта гаплогруппа возникла в Юго-Восточной Азии, но впоследствии длительное время эволюционировала на территории Южной Сибири [Харьков, 2012]. Именно через Алтае-Саянское нагорье пролегал путь распространения ее подгрупп в другие регионы Евразии – преимущественно в северные широты от Восточной Европы до Дальнего Востока. Подгруппы гаплогруппы N имеют филогеографическую специфику, многие из них сформировались на юге Сибири, именно здесь наблюдается наибольшее разнообразие вариантов этой гаплогруппы. Для точного установления принадлежности исследуемого варианта Y-хромосомы к подгруппам гаплогруппы N требуется проведение дополнительного анализа его ОНП маркеров. Эта задача будет решена в рамках масштабного исследования разнообразия линий Y-хромосомы в генофонде пазырыкских по-

пуляций Алтая, осуществляемого нами в настоящее время. На данном этапе ограничимся констатацией того, что вариант Y-хромосомы, выявленный у погребенных из кург. 1 могильника Ак-Алаха-1, является характерным для изучаемого региона и сопредельных районов Северной Евразии и это хорошо согласуется с рассмотренными выше данными по структуре их мтДНК.

Таким образом, по результатам анализа маркеров с однородительским наследованием (мтДНК и Y-хромосома) нами была установлена вероятность близкого родства рассматриваемых индивидов из парного погребения как по женской, так и по мужской линии. В такой ситуации решающее значение могут иметь данные по профилю аутосомных STR-локусов. Они свидетельствуют о том, что эти индивиды не являлись прямыми родственниками, т.е. с учетом пола погребенных они не могли быть отцом и сыном. Речь может идти о других вариантах близкого родства.

Погребение в кургане 1 могильника Ак-Алаха-1 в свете молекулярно-генетических данных

Полученные молекулярно-генетические данные позволяют по-новому интерпретировать особенности погребения в кург. 1 могильника Ак-Алаха-1. Важное значение имеет установление мужского пола молодого индивида. В этой связи становится понятным, что и мужская одежда, в которую был облачен погребенный (шерстяные штаны, подпоясанная шуба, войлочный шлем с деревянными фигурками животных) и мужская прическа (вернее, отсутствие женской – парика) в спорных случаях являются маркерами половой принадлежности. Ранее на основании данных физической антропологии индивид рассматривался как молодая женщина. Хотя подчеркивались ее физические особенности, сближающиеся с мужскими характеристиками: «череп очень крупный и кажется массивным... черепная коробка очень длинная и очень высокая... нижняя челюсть очень массивная... Кости посткраниального скелета очень длинные, не уступающие по абсолютным размерам и указателям массивности костям мужского скелета... Длина тела очень большая» [Чикишева, 1994, с. 173].

Новые данные позволяют пересмотреть и возможные родственные отношения погребенных. Парное захоронение зрелого мужчины и молодой женщины рассматривалось как погребение либо супругов, либо отца и дочери. Генетические данные опровергают оба эти предположения. Погребенные вместе мужчины, по-видимому, действительно связаны определенной степенью родства. Об этом свидетельствует довольно редкая ситуация, когда индивиды из парного погребения

демонстрируют идентичность вариантов как мтДНК, так и Y-хромосомы, указывающая на потенциальное родство по материнской и отцовской линиям, соответственно. Учитывая мужской пол погребенных, можно предположить, что они являются отцом и сыном. Однако данные по аутосомным STR-локусам, позволяющие проверить наличие прямого родства индивидов, опровергают это предположение. По-видимому, родственные отношения исследуемых индивидов носят более отдаленный (и сложный для анализа) характер (например, дядя и племянник)*. Детальная реконструкция и вероятностная оценка такого родства требует репрезентативных данных по частотам аллельных вариантов STR-локусов и Y-хромосомы в пазырыкской популяции, к которой относятся погребенные. В настоящее время мы приступили к накоплению этих данных, что позволит повысить возможности установления отдаленной степени родства индивидов из погребений пазырыкской культуры.

Ситуация, когда все основные варианты родственных отношений погребенных были отвергнуты по результатам палеогенетического анализа, демонстрирует назревшую необходимость объективизации подобных реконструкций в археологии. Объективный характер им может придать в первую очередь широкое применение методов палеогенетики, которые, несмотря на существующие ограничения, позволяют тестировать наиболее простые модели родства. Именно эти модели, как правило, и используются археологами в подобных реконструкциях.

Следует заметить, что в одной могиле двух мужчин свели как родственные отношения, так и определенный социальный статус, но их совместное захоронение обусловлено сложившейся ситуацией – оба не пережили (вероятно, каждый по своей причине) прошедшую зиму и были похоронены весной, когда это стало возможным. Парные погребения Укока, скорее всего, объясняются данными обстоятельствами. И у нас уже есть возможность проверить это.

Список литературы

Население Горного Алтая в эпоху раннего железного века как этнокультурный феномен: происхождение, генезис, исторические судьбы (по данным археологии, антропологии и генетики) / В.И. Молодин, М.И. Воевода, Т.А. Чи-

*В этнографии давно и хорошо известно о большом разнообразии систем родства. Но для археологии без данных палеогенетики эти сведения практически бесполезны. Тем не менее при привычных интерпретациях парных погребений как захоронений мужа и жены или наложницы либо, если возраст позволяет, матери и сына надо помнить, что существует гораздо больше вариантов, и не делать поспешных выводов.

кишева, А.Г. Ромашенко, Н.В. Полосьмак, Е.О. Шульгина, М.В. Нефедова, И.В. Куликов, Л.Д. Дамба, М.А. Губина, В.Ф. Кобзев. – Новосибирск: Изд-во СО РАН, 2003. – 286 с.

Пилипенко А.С., Ромашенко А.Г., Молодин В.И., Куликов И.В., Кобзев В.Ф., Поздняков Д.В., Новикова О.И. Особенности захоронения младенцев в жилищах городища Чича-1 Барабинской лесостепи по данным анализа структуры ДНК // Археология, этнография и антропология Евразии. – 2008. – № 2. – С. 57–67.

Пилипенко А.С., Трапезов Р.О., Полосьмак Н.В. Молекулярно-генетический анализ останков людей из погребения 1 кургана 1 могильника Ак-Алаха-3 // Археология, этнография и антропология Евразии. – 2015. – № 2. – С. 138–145.

Полосьмак Н.В. «Стережущие золото грифы» (ак-алахинские курганы). – Новосибирск: Наука, 1994. – 124 с.

Полосьмак Н.В. Всадники Укока. – Новосибирск: Инфолио-пресс, 2001. – 336 с.

Руденко С.И. Культура населения Горного Алтая в скифское время. – М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1953. – 387 с.

Харьков В.Н. Структура и филогеография генофонда коренного населения Сибири по маркерам Y-хромосомы: автореф. дис. ... д-ра биол. наук. – Томск, 2012. – 45 с.

Чикишева Т.А. Пазырыкская культура // Древние культуры Бертековской долины. – Новосибирск: Наука, 1994. – С. 167–173.

Andrews R.M., Kubacka I., Chinnery P.F., Lightowlers R.N., Turnbull D.M., Howell N. Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA // Nature Genetics. – 1999. – Vol. 23. – P. 147.

Derenko M.V., Grzybowski T., Malyarchuk B.A., Dambueva I.K., Denisova G.A., Czarny J., Dorzhu C.M., Kakpakov V.T., Miscicka-Sliwka D., Wozniak M., Zakharov I.A. Diversity of mitochondrial DNA lineages in South Siberia // Ann. Hum. Genet. – 2003. – Vol. 67. – P. 391–411.

Derenko M., Malyarchuk B., Grzybowski T., Denisova G., Dambueva I., Perkova M., Dorzhu C., Luzina F., Lee H.K., Vanacek T., Vilems R., Zakharov I. Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA in Northern Asian populations // Am. J. Hum. Genet. – 2007. – Vol. 81. – P. 1025–1041.

Haak W., Forster P., Bramanti B., Matsumura S., Brandt G., Tanzer M., Vilems R., Renfrew C., Gronenborn D., Werner A.K., Burger J. Ancient DNA from the first European farmers in 7500-Year-Old Neolithic sites // Science. – 2005. – Vol. 305. – P. 1016–1018.

Kloss-Brandstatter A., Pacher D., Schonherr S., Weissensteiner H., Binna R., Specht G., Kronenberg F. HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups // Hum. Mutat. – 2011. – Vol. 32, iss. 1. – P. 25–32.

Metspalu M., Kivisild T., Metspalu E., Parik J., Hudjashov G., Kaldma K., Serk P., Karmin M., Behar D.M., Gilbert M.T.P., Endicott P., Mastana S., Papiha S.S., Skorecki K., Torroni A., Vilems R. Most of the extant mtDNA boundaries in South and Southwest Asia were likely shaped during the initial settlement of Eurasia by anatomically modern humans // BMC Genet. – 2004. – Vol. 5. – P. 26. – DOI: 10.1186/1471-2156-5-26

Pilipenko A.S., Romaschenko A.G., Molodin V.I., Parzinger H., Kobzев V.F. Mitochondrial DNA studies of the Pazyryk people (4th to 3rd centuries BC) from northwestern Mongolia // Archaeol. and Anthropol. Sci. – 2010. – Vol. 2, N 4. – P. 231–236.

Pilipenko A.S., Trapezov R.O., Zhuravlev A.A., Molodin V.I., Romaschenko A.G. MtDNA Haplogroup A10 Lineages in Bronze Age Samples Suggest That Ancient Autochthonous Human Groups Contributed to the Specificity of the Indigenous West Siberian Population // PLoS ONE. – 2015. – Vol. 10 (5): e0127182. – DOI: 10.1371/journal.pone.0127182

Starikovskaya E.B., Sukernik R.I., Derbeneva O.A., Volodko N.V., Ruiz-Persini E., Torroni A., Brown M.D., Lott M.T., Hosseini S.H., Huoponen K., Wallace D.C. Mitochondrial DNA diversity in indigenous populations of the southern extent of Siberia, and the origins of Native American haplogroups // Ann. Hum. Genet. – 2005. – Vol. 69. – P. 67–89.

Van Oven M., Kayser M. Updated comprehensive tree of global human mitochondrial DNA variation // Hum. Mutat. – 2009. – Vol. 30, iss. 2. – P. 386–394.

Материал поступил в редколлегию 26.10.15 г.