



# БИОЛОГИЧЕСКАЯ АНТРОПОЛОГИЯ

Мовсесян А.А.

*МГУ имени М.В. Ломоносова, биологический факультет, кафедра антропологии,  
Ленинские горы, д. 1, стр. 12, Москва, 119234, Россия*

## МЕЖГРУППОВАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ ХАКАСОВ ПО ДАННЫМ О НЕМЕТРИЧЕСКИХ ПРИЗНАКАХ НА ЧЕРЕПЕ

**Введение.** Формирование генофонда современных хакасов происходило при взаимодействии различных групп древнего населения Минусинской котловины. Настоящая статья посвящена межгрупповому анализу краниологических серий, представляющих различные хакасские субэтноты.

**Материалы и методы.** По данным о неметрических признаках на черепе были изучены качинцы, койбалы, сагайцы и бельтыры в сравнении с другими популяциями Южной и Западной Сибири: шорцами, тувинцами, теленгитами, селькупам, хантами и манси. Анализ биологического разнообразия популяций производился с помощью средней меры дивергенции Смита и последующего многомерного шкалирования и кластерного анализа.

**Результаты.** Наиболее удаленными от остальных хакасских субэтнотосов оказались качинцы, вошедшие в одну с теленгитами и тувинцами. Койбалы и бельтыры расположились довольно близко к шорцам. Сагайцы заняли обособленное положение в хакасском кластере, что связано, по-видимому, с большей долей европеоидной примеси у сагайцев по сравнению с другими хакасскими группами. Сравнение тотальной популяции хакасов с остальными группами выявило их связь с тюркоязычными этносами Южной Сибири: шорцами, теленгитами и тувинцами.

**Обсуждение.** Характер фенетической дифференциации хакасских субэтнотосов связан, по-видимому, со сложной историей их формирования. Положение качинцев вне хакасского кластера по неметрическим признакам указывает на отличительные особенности их фенофонда, что подтверждается молекулярно-генетическими данными. Близость обобщенного фенофонда хакасов к тувинцам и теленгитам может являться следствием как генетических связей между народами Южной Сибири, так и общности их этногенеза. Сходство между объединенной группой хакасов и шорцами обусловлено, по-видимому, участием общих генетических компонентов в формировании генофондов этих народов, что также согласуется с молекулярно-генетическими данными.

**Заключение.** Сопоставимость полученных результатов с генетическими данными указывает на возможность использования неметрических признаков на черепе для выявления генетических отношений между ископаемыми популяциями в отсутствие прямой генетической информации.

**Ключевые слова:** Минусинская котловина; неметрические признаки на черепе; этногенез хакасов; хакасские субэтноты; народы Южной Сибири

DOI: 10.55959/MSU2074-8132-24-3-9

### Введение

Хакасы – коренные этносы Южной Сибири, потомки древнего населения Минусинской котловины. Этногенез хакасов связан с широкими миграциями и взаимодействием различных популяций в эпоху бронзы, железа и средневековья на территории этого уникального региона. Начиная с III тысячелетия до н. э. и до I века н. э. здесь происходила последовательная смена различных культур: афанасьевской, окуневской,

андроновской, карасукской, тагарской и таштыкской. Параллельно со сменой культур менялось и население в регионе, в разное время состоявшее из кетоязычных, самодийских и индоевропейских племен [Алексеев, Гохман, 1984].

Формирование генофонда современных хакасов начинается в хунно-сарматское время (II век до н. э. – II век н. э.), после прихода на территорию Саяно-Алтая с территории Центральной Азии этнических групп тюркоязычных гянь-гуней и хуннов, которые смешивались со «сибирско-

скифским» населением тагарской культуры. В таштыкский период (I в до н. э. – V в н. э.), в результате разнообразных этнических процессов, здесь был сформирован древнекыргызский этнос.

Енисейские кыргызы являлись одними из предков современных хакасов и кыргызов. В период существования кыргызского государства (VI–XIII вв.) происходит формирование особенностей хакасской культуры, языка и современного антропологического типа. В XIV–XVIII вв. группой кыргызов было сформировано этнополитическое объединение, известное как «Хонгорай», которое сплотило вокруг себя различные родоплеменные группы и разделялось на четыре княжества (улуса) – Езерское, Алтырское, Алтысарское и Тубинское, населенные предками современных хакасов, шорцев, телеутов, алтайцев и тувинцев. Впоследствии на месте прежних княжеств сложились субэтнические племенные группы хакасов: качинцы, койбалы, кызыльцы и сагайцы. В состав сагайцев как этнографическая группа входят бельтыры, однако некоторые исследователи выделяют бельтыров в отдельный субэтнос.

Антропологические особенности хакасов впервые было изучены А. И. Ярхо [1934]. Впоследствии антропологией древнего и современного населения Хакасии занимались Г. Ф. Дебец [1951], В. П. Алексеев [1989] и М. Г. Левин [1954]. По данным В. П. Алексеева, хакасы в целом относятся к южносибирским монголоидам, и представляют собой варианты переходных форм от уральской расы к южносибирской, однако доля южносибирского типа в субэтнических группах хакасов различна: наиболее полно комплекс признаков, характерный для южносибирского типа, представлен у качинцев и койбалов, и в гораздо меньшей степени у сагайцев и кызыльцев. При этом удельный вес европеоидной примеси в составе хакасских групп также различен: сагайцы и бельтыры ближе к европеоидным группам, чем кызыльцы, койбалы и качинцы [Алексеев, 1989]. Согласно В. П. Алексееву, в этнической истории хакасов приняли участие как тюркские народы южного происхождения, так и угорязычные и самоедоязычные группы, являвшиеся, по-видимому, на территории Минусинской котловины более древними, а европеоидная примесь в составе хакасов ведет свое происхождение от населения тагарской эпохи.

Хакасский язык относится к уйгуро-огузской группе восточной ветви тюркских языков. По культуре и языку к хакасам близки их соседи: шорцы, теленгиты, телеуты и чулымцы, которые, также,

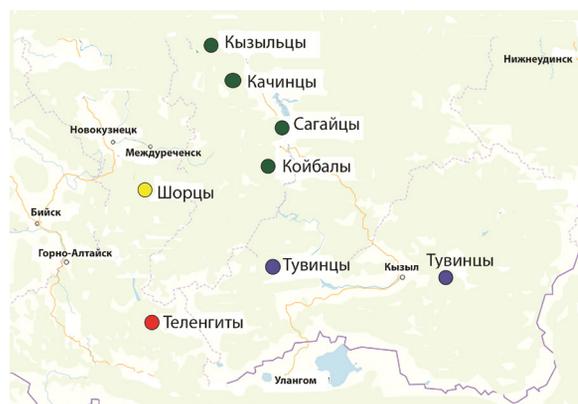


Рисунок 1. Географическое расположение исследованных популяций Волго-Уральского региона

Figure 1. Geographical location of the studied populations of the Volga-Ural region

как и хакасы, являются потомками местных самодийских и угорских племен, смешавшихся с тюркоязычными уйгурскими и енисейско-киргизскими племенами [Рогинский, Левин 1978].

Согласно молекулярно-генетическим данным, хакасы достаточно дифференцированы, и предполагается, что каждый хакасский субэтнос формировался при участии различных этнических компонентов [Балаганская с соавт., 2011; Балановская, 2014].

Целью настоящего исследования являлось изучение межгрупповых различий субэтнических групп хакасов на фоне других народов Южной и Западной Сибири по частотам дискретно-варьирующих, неметрических признаков на черепе и сравнение полученных результатов с генетическими данными.

## Материалы и методы

По частотам 36 неметрических признаков были изучены близкие к современности краниологические серии, относящиеся к сагайцам, качинцам, койбалам и бельтырам. В качестве сравнительного материалы были исследованы также соседние популяции Южной и Северо-Западной Сибири: шорцы, тувинцы, теленгиты, а также селькупы, ханты и манси. Изученные краниологические серии хранятся в Музее антропологии МГУ.

Географическое расположение южносибирских групп представлено на рисунке 1.

Во многих работах показано, что проявление неметрических признаков в значительной степени обусловлено генетическими факторами,

и фенотипическое разнообразие, выявляемое с помощью этих признаков, в значительной степени коррелирует с генетической изменчивостью популяций [Hanihara et al., 2003, 2012; Relethford, 2004; Roseman, 2004; Hallgrímsson et al., 2005; Manica et al., 2007; Hanihara, 2008; von Cramon-Taubadel, 2009; Ricaut et al., 2010; Herrera et al., 2014, Evteev, Movsesian, 2016]. Даже если факторы среды оказывают некоторое влияние на проявление дискретно-варьирующих признаков, их действие должно нивелироваться при использовании большого комплекса признаков [Berry, Berry, 1967; Killgrove, 2009; Singh, Pathak, 2013].

Ввиду хорошей сохранности черепов использовался метод индивидуального подсчета: если признак был обнаружен с одной или обеих сторон, он оценивался как присутствующий, что вполне оправдано с генетической точки зрения [Brasili et al., 1999].

Для выявления корреляций признаков с полом, возрастом и друг с другом применялись критерий хи-квадрат и точный критерий Фишера [Saunders, 1989]. Поскольку значимых ассоциаций не было обнаружено, половые и возрастные группы были объединены для дальнейшего анализа.

Фенетические расстояния между популяциями рассчитывались с помощью средней меры дивергенции Смита (Mean Measure of Divergence, MMD), модифицированной Шёвалдом [Sjøvold, 1973]. Этот метод неоднократно и успешно использовался для сравнения популяций по частотам дискретно-варьирующих признаков [например, Berry, Berry, 1967; Irish, 1998, 2006, 2010; Hallgrímsson et al., 2004; Sutter, Mertz, 2004; Ossenberg et al., 2006; Hanihara et al., 2012; Nikita et al., 2012; Movsesian et al., 2014, 2020; Weiss 2018].

Расстояния MMD рассчитывались по следующим формулам:

$$MMD = \frac{1}{r} \sum_{i=1}^r \left\{ (\theta_{1i} - \theta_{2i})^2 - \frac{1}{n_{1i} + 0.5} - \frac{1}{n_{2i} + 0.5} \right\}$$

где  $r$  – число признаков,  $n_{1i}$  – число черепов в популяции 1, исследованных по признаку  $i$ ,  $n_{2i}$  – число черепов в популяции 2, исследованных по признаку  $i$ , а  $\theta_{1i}$  и  $\theta_{2i}$  – трансформированные частоты признаков. Значения  $\theta$  вычислялись по формулам:

$$\theta = \frac{1}{2} \sin^{-1} \left( 1 - 2 \frac{k}{n+1} \right) + \frac{1}{2} \sin^{-1} \left( 1 - 2 \frac{k+1}{n+1} \right)$$

Значения MMD оценивались с использованием угловых преобразований Фримена и Тьюки для малых выборок и низких ( $<0,05$ ) или

высоких ( $>0,95$ ) частот признаков [Green, Suchey, 1976; Sjøvold, 1978].

Варианса MMD вычислялась как:

$$Var_{MMD} = \frac{2}{r^2} \sum_{i=1}^r \left( \frac{1}{n_{1i} + 0.5} + \frac{1}{n_{2i} + 0.5} \right)^2$$

Согласно Шёвалду [Sjøvold, 1977], оценка MMD считается значимой на уровне 0,025, если она превышает стандартное отклонение ( $sd = \sqrt{Var_{MMD}}$ ) более, чем в два раза.

Для визуального представления результатов использовались кластерный анализ и процедура многомерного шкалирования (MDS). Все расчеты выполнены с использованием R-скрипта (пакет «AnthropMMD») [Santos, 2018].

## Результаты

Частоты неметрических признаков в отдельных группах приводятся в таблице 1.

В таблице 2 приведены попарные фенетические расстояния между популяциями.

Следует отметить, что по неметрическим признакам хакасские субэтноты достаточно дифференцированы: почти все оценки расстояний между ними статистически значимы. В наибольшей степени от других хакасских групп отличаются качинцы.

На первом этапе анализа в процедуре многомерного шкалирования матрицы фенетических расстояний была использована обобщенная популяция хакасов, представленная как средняя характеристика отдельных субэтнотосов (рис. 2).

Результаты кластерного анализа показаны на рисунке 3.

Как на графике MDS, так и на дендрограмме обобщенная популяция хакасов вошла в общий кластер с остальными тюркоязычными этносами Южной Сибири: шорцами, теленгитами и тувинцами.

На следующем этапе анализа было рассмотрено взаимоположение отдельных хакасских субэтнотосов на графике многомерного шкалирования (рис. 4)

На рисунке 4 видно, что хакасские группы не группируются друг с другом, и достаточно просторно распределены по полю MDS. Бельтыры и койбалы оказались близки к шорцам; качинцы — к теленгитам и тувинцам. В правой части поля, вдали от остальных групп, оказались ханты и манси, что вполне ожидаемо, поскольку они близки и генетически [Спицына с соавт., 2014; Tambets et al., 2018]. Селькупы, в наибольшей степени приближаясь к хантам и манси, занимают все же обособленное

Таблица 1. Частоты неметрических признаков в исследованных популяциях  
Table 1. Frequencies of non-metric traits in the studied populations

Признаки	Бельтыры N=82	Сагайцы N=114	Шорцы N=48	Койбалы N=43	Качинцы N=83
Sutura frontalis	0,01	0,045	0,063	0,023	0,059
Foramen supraorbitale	0,627	0,56	0,521	0,442	0,65
Foramen frontale	0,081	0,06	0,104	0,139	0,072
Spina trochlearis	0,223	0,3	0,167	0,139	0,157
For. infraorbitale acc.	0,199	0,143	0,167	0,111	0,046
Os zygomat.bip. (сл.)	0,151	0,085	0,104	0,07	0,143
Spina proc.front. (отр.)	0,397	0,36	0,292	0,256	0,229
Os Wormii sut.coron.	0,01	0,016	0,01	0,01	0,012
Stenocrotaphia	0,087	0,04	0,104	0,139	0,037
Os epiptericum	0,071	0,12	0,146	0,139	0,084
Proc. front. sq. Tempor.	0,055	0,1	0,01	0,046	0,036
Os Wormii sut. Squam.	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Os postsquamosum	0,082	0,16	0,104	0,046	0,059
Os asterion	0,035	0,08	0,063	0,023	0,059
For. parietale	0,553	0,36	0,5	0,604	0,518
Os Incae	0,01	0,01	0,021	0,01	0,01
Os triquetrum	0,031	0,03	0,021	0,046	0,012
Os apicis Lambdae	0,045	0,06	0,021	0,07	0,024
Os W. sut. Lambd.	0,193	0,26	0,292	0,186	0,261
Sut.mendosa (следы)	0,075	0,025	0,125	0,023	0,077
For.mast.exsuturale	0,336	0,229	0,271	0,325	0,277
For.mast.absense	0,37	0,333	0,604	0,4	0,333
Os W. sut. occip.-mast.	0,138	0,06	0,125	0,07	0,075
Proc. interparietale	0,035	0,04	0,063	0,023	0,06
Canalis condylaris	0,773	0,585	0,787	0,537	0,435
Canalis hypoglos. bipart.	0,077	0,095	0,191	0,094	0,207
Facies.condylaris. bipart.	0,059	0,027	0,085	0,01	0,032
Tubercul. praecondylare	0,029	0,06	0,085	0,062	0,029
Foramen tympanicum	0,015	0,1	0,063	0,01	0,048
Foramen spinosum apert.	0,202	0,238	0,125	0,125	0,143
Foramen spinosum bipart.	0,059	0,047	0,104	0,062	0,096
Foramen pterygospin.	0,173	0,28	0,208	0,186	0,101
Foramen pterygoalare	0,051	0,01	0,01	0,023	0,049
Sut.palat. transv. (лом.)	0,06	0,025	0,104	0,046	0,123
Sut.palat. transv. (вогн.)	0,025	0,12	0,042	0,07	0,087
Torus palatinus	0,178	0,22	0,208	0,186	0,213
Sutura frontalis	0,01	0,045	0,063	0,023	0,059
Foramen supraorbitale	0,627	0,56	0,521	0,442	0,65
Foramen frontale	0,081	0,06	0,104	0,139	0,072
Spina trochlearis	0,223	0,3	0,167	0,139	0,157
For. infraorbitale acc.	0,199	0,143	0,167	0,111	0,046
Os zygomat.bip. (сл.)	0,151	0,085	0,104	0,07	0,143
Spina proc.front. (отр.)	0,397	0,36	0,292	0,256	0,229
Os Wormii sut.coron.	0,01	0,016	0,01	0,01	0,012
Stenocrotaphia	0,087	0,04	0,104	0,139	0,037

Есть окончание  
Continued

Окончание таблицы 1  
Table 1 Continued

Признаки	Бельтыры N=82	Сагайцы N=114	Шорцы N=48	Койбалы N=43	Качинцы N=83
Os epiptericum	0,071	0,12	0,146	0,139	0,084
Proc. front. sq. Tempor.	0,055	0,1	0,01	0,046	0,036
Os Wormii sut. Squam.	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Os postsquamosum	0,082	0,16	0,104	0,046	0,059
Os asterion	0,035	0,08	0,063	0,023	0,059
For. parietale	0,553	0,36	0,5	0,604	0,518
Os Incae	0,01	0,01	0,021	0,01	0,01
Os triquetrum	0,031	0,03	0,021	0,046	0,012
Os apicis Lambdae	0,045	0,06	0,021	0,07	0,024
Os W. sut. Lambd.	0,193	0,26	0,292	0,186	0,261
Sut.mendosa (следы)	0,075	0,025	0,125	0,023	0,077
For.mast.exsuturale	0,336	0,229	0,271	0,325	0,277
For.mast.absense	0,37	0,333	0,604	0,4	0,333
Os W. sut. occip.-mast.	0,138	0,06	0,125	0,07	0,075
Proc. interparietale	0,035	0,04	0,063	0,023	0,06
Canalis condylaris	0,773	0,585	0,787	0,537	0,435
Canalis hypoglos. bipart.	0,077	0,095	0,191	0,094	0,207
Facies.condylaris. bipart.	0,059	0,027	0,085	0,01	0,032
Tubercul. praecondylare	0,029	0,06	0,085	0,062	0,029
Foramen tympanicum	0,015	0,1	0,063	0,01	0,048
Foramen spinosum apert.	0,202	0,238	0,125	0,125	0,143
Foramen spinosum bipart.	0,059	0,047	0,104	0,062	0,096
Foramen pterygospin.	0,173	0,28	0,208	0,186	0,101
Foramen pterygoalare	0,051	0,01	0,01	0,023	0,049
Sut.palat. transv. (лом.)	0,06	0,025	0,104	0,046	0,123
Sut.palat. transv. (вогн.)	0,025	0,12	0,042	0,07	0,087
Torus palatinus	0,178	0,22	0,208	0,186	0,213

Таблица 2. Фенетические расстояния между популяциями (значения MMD указаны над диагональю; стандартные отклонения – под диагональю)  
Table 2. Phenetic distances between populations (MMD values are indicated above the diagonal; standard deviations are below the diagonal)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	0,000	0,022*	0,000	0,006	0,027*	0,018*	0,035*	0,058*	0,045*	0,081*	0,000
2	0,006	0,000	0,028*	0,020*	0,030*	0,023*	0,038*	0,043*	0,036*	0,072*	0,009
3	0,009	0,008	0,000	0,006	0,020*	0,016*	0,018*	0,052*	0,036*	0,060*	0,000
4	0,009	0,008	0,012	0,000	0,008	0,020*	0,031*	0,040*	0,017*	0,037*	0,000
5	0,006	0,006	0,009	0,009	0,000	0,012*	0,008	0,016*	0,023*	0,031*	0,005
6	0,006	0,005	0,008	0,009	0,006	0,000	0,009	0,042*	0,021*	0,064*	0,000
7	0,008	0,007	0,010	0,011	0,008	0,007	0,000	0,033*	0,023*	0,050*	0,009
8	0,009	0,008	0,011	0,011	0,008	0,008	0,010	0,000	0,011	0,028*	0,042*
9	0,004	0,003	0,007	0,007	0,004	0,004	0,006	0,006	0,000	0,019	0,021*
10	0,006	0,005	0,008	0,009	0,006	0,006	0,007	0,008	0,004	0,000	0,064*
11	0,004	0,003	0,006	0,007	0,004	0,000	0,007	0,008	0,004	0,006	0,000

Примечания. 1 – бельтыры; 2 – сагайцы; 3 – шорцы; 4 – койбалы; 5 – качинцы; 6 – теленгиты; 7 – тувинцы; 8 – манси; 9 – ханты; 10 – селькупы; 11 – хакасы (ср.).

\* – значимость на уровне 0,025, хакасы ср. – усредненные данные по отдельным субэтносам.

Notes. 1 – Belytyrs; 2 – Sagays; 3 – Shors; 4 – Koibals; 5 – Kachins; 6 – Telengits; 7 – Tuvans; 8 – Mansi; 9 – Khanty; 10 – Selkups; 11 – Khakass (average).

\* – significance at the 0.025 level, Khakass (average) – average data for individual sub-ethnic groups.



Рисунок 2. Расположение обобщенной популяции хакасов на графике многомерного шкалирования

Figure 2. Location of the generalized Khakass population on the multidimensional scaling graph

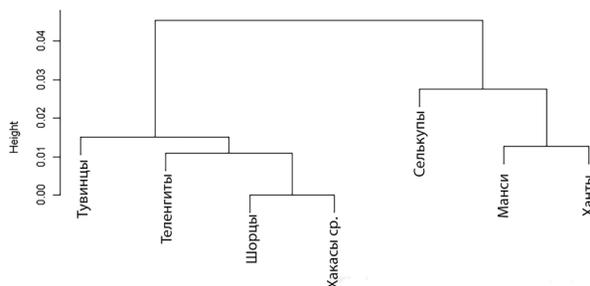


Рисунок 3. Результаты кластерного анализа групп (метод Варда)

Figure 3. Results of cluster analysis of groups (Ward's method)



Рисунок 4. Расположение хакасских субэтнотипов на графике многомерного шкалирования

Figure 4. Location of Khakass subethnic groups on the multidimensional scaling graph

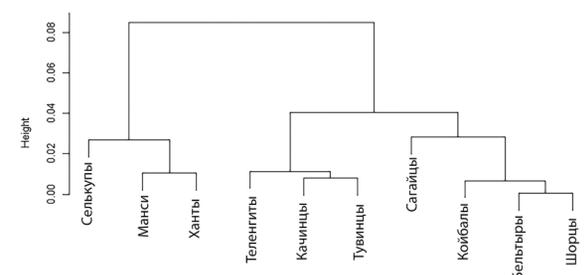


Рисунок 5. Результаты кластерного анализа групп (метод Варда)

Figure 5. Results of cluster analysis of groups (Ward's method)

положение на карте. Любопытно, что бельтыры, которые считаются этнографической группой, прикннувшей к сагайцам, в фенетическом плане оказались довольно независимы от них, и расположились рядом с шорцами и койбалами.

Более четко взаиморасположение групп проявляется на дендрограмме (рис. 5).

Здесь койбалы, бельтыры и шорцы выделились в отдельный кластер, к которому прикннули сагайцы. Качинцы объединились с тувинцами и теленгитами, селькупы, относящиеся к уральской расе – с манси и хантами.

Следует отметить, что в обоих результатах многомерного шкалирования показатели стресса близки к нулю, и коэффициент Спирмена достаточно велик, что предполагает высокую корреляцию расстояний на графиках с фактическими различиями между популяциями по частотам неметрических признаков.

## Обсуждение

Фенетическое разнообразие хакасских субэтнотипов, так же, как и генетическое, связано, по-видимому, со сложной историей сложения генофонда хакасов. Довольно большие генетические расстояния между субэтническими группами были обнаружены как по маркерам аутосомной ДНК и полиморфизму Y-хромосомы [Балаганская с соавт., 2011; Балановская, 2014], так и по квазигенетическим маркерам (фамилиям), что подтверждает их генетическое своеобразие [Lavryashina et al., 2016]. Согласно В. П. Алексееву [1989], хакасы представляют собой варианты переходных форм от уральской расы к южносибирской, однако уральского компонента в составе хакасских групп в настоящем исследовании не выявлено.

Близость хакасских групп к шорцам может являться результатом как межэтнических генетических связей, так и общности исходного генофонда. Это предположение подтверждается генетическими данными, предполагающими, что хакасский и шорский этносы формировались путем территориально-административного разделения генетически монофилетичных родственных родовых групп [Харьков с соавт., 2020].

Положение качинцев вне хакасского кластера по неметрическим признакам указывает на отличительные особенности их фенотипа, что также согласуется с молекулярно-генетическими данными. Так, анализ гаплогрупп Y-хромосомы показал, что генофонд качинцев отличается от других субэтнических групп хакасов наибольшей

долей самодийского по происхождению компонента, и это может быть связано с генетической изоляцией качинцев от их более южных соседей [Харьков с соавт., 2011]. Обособленное положение сагайцев в хакасском кластере связано, по видимому, с большей долей европеоидной примеси у сагайцев по сравнению с другими хакасскими группами [Харьков с соавт., 2020].

Неоднородность субэтнических групп хакасов проявляется и по данным краниометрии: у качинцев и койбалов преобладают черты, свойственные южносибирским популяциям, однако у сагайцев и бельтыров южносибирский компонент выражен гораздо слабее. На основании этого качинцы и койбалы были отнесены к южносибирскому антропологическому типу в качестве алтае-саянского варианта [Алексеев, 1960, 1974], а все остальные субэтносы — к уральской расе [Алексеев, 1960; Ким, 1978; Дремов, 1991]. В то же время усредненные характеристики по всем хакасам показывают, что морфологически они гораздо ближе к южносибирским популяциям, чем к группам из Западной Сибири [Богашев, 2011].

Сходство хакасов с шорцами, тувинцами и теленгитами подтверждается также молекулярно-генетическими данными, показывающими, что эти народы формировались на базе общих генетических компонентов. Так, результаты анализа частот гаплогрупп и YSTR-гаплотипов показали, что хакасские и шорские сеоки в большинстве случаев имеют одного родоначальника по мужской линии, а отдельные гаплогруппы Y-хромосомы в составе генофондов хакасов и шорцев демонстрируют их генетическую близость с тувинцами, кетами, алтайцами и телеутами [Харьков с соавт., 2020], что может указывать на единство обобщенного генофонда коренного южносибирского населения и генетическую преемственность популяций, проживающих в этом регионе.

Обособленное положение селькупов, входящих в состав уральской расы и говорящих на языке самодийской группы уральских языков, может объясняться тем, что селькупы сохранили древнюю самодийскую основу в большей мере, чем другие самодийские народы и, судя по генетическим данным, могут являться прямыми потомками древних самодийцев [Karafet et al., 2018]. Более того, совместный анализ древней ДНК образцов, относящихся к андроновской, тагарской и таштыкской культурам и ДНК современных хакасов показал генетическую близость ископаемых останков древних андроновцев, тагарцев и таштыкцев друг к другу и их промежуточное положение между

двумя современными кластерами R1a1 хакасов, тувинцев и шорцев, что говорит о генетической преемственности носителей археологических культур, сменявших друг друга на протяжении нескольких тысячелетий и о наличии генетической связи между древним европеоидным населением территории Хакасии и современными хакасами [Харьков с соавт., 2011].

## Заключение

В результате анализа выявлены значительные различия между субэтническими группами хакасов, отражающие генетическую историю их формирования. Сходство между объединенной группой хакасов и шорцами говорит о том, что в формировании генофондов этих народов принимали участие общие генетические компоненты, что согласуется с молекулярно-генетическими данными. Обособленное положение качинцев по частотам неметрических признаков также согласуется с данными генетических исследований, указывающими на генетическую изоляцию качинцев от их южных соседей. Обнаруженная нами близость обобщенного генофонда хакасов к тувинцам и теленгитам может являться следствием как генетических связей между народами Южной Сибири, так и общности их этногенеза. Можно заключить, что результаты настоящего исследования еще раз подтвердили возможность использования неметрических признаков на черепе для выявления генетических отношений между ископаемыми популяциями.

## Библиография

- Алексеев В.П. Краниология хакасов в связи с вопросами их происхождения // ТККАЭЭ. Т.4. М., 1960. С.269–364.
- Алексеев В.П. Близкий к современности краниологический материал по финно-угорским народам, их расовая дифференциация и этногенез // Этногенез финно-угорских народов по данным антропологии. М.: Наука. 1974. С.54–69.
- Алексеев В.П. Историческая антропология и антропогенез. М.: Наука. 1989.
- Алексеев В.П., Гохман И.И. Антропология азиатской части СССР. М.: Наука. 1984.
- Богашев А.Н. Происхождение аборигенов Северной Евразии. Взгляд антрополога. Saarbrücken: LAP Lambert Academic Publishing GmbH & Co. 2011.
- Балаганская О.А., Балановская Е.В., Лавряшина М.Б., Исакова Ж.Т., Сабитов Ж.М. с соавт. Полиморфизм Y хромосомы у тюркоязычного населения Алтае-Саян, Тянь-Шаня и Памира в контексте взаимодействия генофондов западной и восточной Евразии // Медицинская генетика, 2011. Т. 10. № 3. С. 12–22.

*Балановская Е.В.* Влияние окружающей среды на генофонд тюркоязычного населения гор и степных предгорий Алтая, Саян, Тянь-Шаня и Памира // Вестник Московского университета. Серия XXIII: Антропология, 2014. № 2. С. 46–55.

*Дебец Г.Ф.* Антропологические исследования в Камчатской области // Труды института этнографии им.Н.Н.Миклухо – Маклая. Новая серия, Т. XVII. Изд-во АН СССР, М. – Л., 1951.

*Дремов В.А.* Краниология среднеобских хантов // Обские угры: Ханты и манси. М.: Ин-т этнологии и антропологии РАН. 1991. С. 10–28.

*Ким А.Р.* Материалы к краниологии кызыльцев // Этнокультурные явления в Западной Сибири. Томск: Изд-во Том. ун-та. 1978. С. 208–216.

*Левин М.Г.* К вопросу о южносибирском антропологическом типе // Краткие сообщения Института этнографии. Т. XXI. М., 1954. С. 70–78.

*Рогинский Я.Я., Левин М.Г.* Антропология: Учебник для студентов университетов. М.: Высшая школа. 1978.

*Спицына Н.Х., Макаров С.В., Бец Л.В., Лимборская С.А., Каралетян М.К. с соавт.* Новая информация о генофонде восточных хантов // Вестник Московского

университета. Серия XXIII: Антропология, 2014. № 4. С. 101–106.

*Харьков В.Н., Хамина К.В., Медведева О.Ф., Штыгашева О.В., Степанов В.А.* Разнообразие генофонда хакасов: внутриэтническая дифференциация и структура гаплогрупп Y-хромосомы // Молекулярная биология, 2011. Т. 45. № 3. С. 446–458.

*Харьков В.Н., Новикова Л.М., Штыгашева О.В., Лузина Ф. А., Хитринская И.Ю. с соавт.* Генофонд хакасов и шорцев по маркерам у-хромосомы: общие компоненты и генетическая структура родов // Генетика, 2020. Т. 56. № 7. С. 826–833.

*Ярхо А.И.* Алтай-саянские тюрки. М., 1934

#### Информация об авторе

*Мовсесян Алла Арменовна*, д.б.н.; ORCID ID: 0000-0003-1329-5904; amovsessyan@gmail.com

Поступила в редакцию 08.03.2024,  
принята к публикации 10.05.2024.

Movsesian A.A.

*Lomonosov Moscow State University, Faculty of Biology,  
Department of Anthropology, Leninskie Gory, 1(12), Moscow, 119234, Russia*

## INTERGROUP VARIABILITY OF THE KHAKAS BASED ON NON-METRIC CRANIAL TRAITS DATA

**Introduction.** *The formation of the gene pool of modern Khakas people occurred through the interaction of various groups of ancient inhabitants of the Minusinsk Basin. This article is focused on the inter-group analysis of craniological series representing different Khakassian subethnic groups.*

**Materials and Methods.** *The cranial series of the Kachins, Koibals, Sagais, and Beltirs was studied using the battery of 36 cranial non-metric characteristics. The obtained data was compared with data on other populations of Southern and Western Siberia: Shors, Tuvans, Telengits, Selkups, Khants, and Mansis. The analysis of the biological diversity of populations was carried out using Smith's mean measure of divergence (MMD) followed by multidimensional scaling and cluster analysis.*

**Results.** *The Kachins are the most distant from the other Khakas subethnic groups, forming a cluster with the Telengits and Tuvans. The Koibals and Beltirs were positioned quite close to the Shors. The Sagais occupied a separate position in the Khakas cluster, presumably due to a greater proportion of Europoid admixture compared to other Khakas groups. The pooled Khakas sample shares similar cranial non-metric characteristics with Turkic-speaking ethnic groups of Southern Siberia: Shors, Telengits, and Tuvans.*

**Discussion.** *The nature of phenetic differentiation of the Khakas sub-ethnic groups presumably reveals their complex population history. The position of the Kachins outside the Khakas cluster based on non-metric traits resulted from specificity of their phenofund, which is also supported by molecular genetic data. The similarity in the phenofund of the Khakas groups to those of the Tuvans and Telengits may result from gene flow between Khakas populations and the peoples of Southern Siberia or/and from their common episodes in their ethnogenesis. The similarity between pooled Khakassian sample and the Shors presumably suggests involvement of common genetic components in the gene pools of these peoples, which is consistent with molecular genetic data.*

**Conclusion.** *The correspondence of the obtained results with genetic data suggests the possibility of using cranial non-metric traits to identify genetic relationships between ancient populations in the absence of direct genetic information.*

**Keywords:** Minusinsk Basin; non-metric cranial traits; ethnogenesis of the Khakas; Khakassian sub-ethnic groups; peoples of Southern Siberia

DOI: 10.55959/MSU2074-8132-24-3-9

## References

- Alekseev V.P. Kranologiya khakasov v svyazi s voprosami ikh proiskhozhdeniya [Craniology of the Khakas in relation to the questions of their origin]. TKKAE [Transactions of the Commission for the Study of the Anthropology and Ethnography of the Peoples of Siberia and the Far East]. Vol. 4. Moscow, 1960, pp. 269–364. (In Russ.).
- Alekseev V.P. Blizkiy k sovremennosti kranologicheskiy material po finno-ugorskim narodam, ikh rasovaya differentsiatsiya i etnogenez [Craniological material close to modern times on Finno-Ugric peoples, their racial differentiation and ethnogenesis]. *Etnogenez finno-ugorskih narodov po dannym antropologii* [Ethnogenesis of Finno-Ugric peoples based on anthropological data]. Moscow: Nauka, 1974, pp. 54–69.
- Alekseev V.P. *Istoricheskaya antropologiya i antropogenez* [Historical anthropology and anthropogenesis]. Moscow: Nauka, 1989. (In Russ.).
- Alekseev V.P., Gokhman I.I. *Antropologiya aziatskoy chasti SSSR* [Anthropology of the Asian part of the USSR]. Moscow: Nauka, 1984. (In Russ.).
- Bagashev A.N. *Proiskhozhdenie aborigenov Severnoy Evrazii. Vzgl'yad antropologa* [The Origin of the Aboriginal Peoples of Northern Eurasia: An Anthropologist's Perspective]. Saarbrücken: LAP Lambert Academic Publishing GmbH & Co. 2011.
- Balaganskaya O.A., Balanovskaya E.V., Lavryashina M.B., Isakova Zh.T., Sabitov Zh.M. s soavt. Polimorfizm Y khromosomy u tyurkoyazychnogo naseleniya Altae-Sayana, Tyan'-Shanya i Pamira v kontekste vzaimodeystviya genofondov zapadnoy i vostochnoy Evrazii [Y Chromosome polymorphism in the Turkic-speaking population of Altai-Sayan, Tien Shan, and Pamir in the context of the interaction of gene pools of Western and Eastern Eurasia]. *Meditsinskaya genetika* [Medical Genetics], 2011, 10 (3), pp. 12–22. (In Russ.).
- Balanovskaya E.V. Vliyanie okruzhayushchey sredy na genofond tyurkoyazychnogo naseleniya gor i stepnykh predgoriy Altaya, Sayan, Tyan'-Shanya i Pamira [The impact of the environment on the gene pool of the Turkic-speaking population of the mountains and steppe foothills of Altai, Sayan, Tien Shan, and Pamir]. *Moscow University Anthropology Bulletin* [Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII: Antropologiya], 2014, 2, pp. 46–55. (In Russ.).
- Debets G.F. Antropologicheskie issledovaniya v Kamchatskoy oblasti [Anthropological studies in the Kamchatka region]. In *Trudy instituta etnografii im.N.N.Miklukho – Maklaya, Novaya seriya*, T. XVII. [Proceedings of the Miklukho-Maklai Institute of Ethnography. New Series, Vol. XVII]. Publishing House of the Academy of Sciences of the USSR, Moscow – Leningrad, 1951. (In Russ.).
- Dremov V.A. Kranologiya sredneobskikh khantov [Craniology of the Middle Ob Khanty]. In *Obskie ugry: Khanty i mansi* [The Ob Ugric Peoples: Khanty and Mansi]. M.:In-t etnologii i antropologii RAN [Institute of Ethnology and Anthropology RAS]. Moscow, 1991, pp. 10–28.
- Kim A.R. Materialy k kranologii kyzyltsev [Materials on the Craniology of the Kyzyltsey]. *Etnokul'turnye yavleniya v Zapadnoy Sibiri* [Ethnocultural Phenomena in Western Siberia]. Tomsk: Publishing House of Tomsk University, 1978, pp. 208–216.
- Levin M.G. K voprosu o yuzhnosibirskom antropologicheskom type [On the issue of the South Siberian anthropological type]. In *Kratkie soobshcheniya Instituta etnografii* [Brief Communications of the Institute of Ethnography], XXI. Moscow, 1954, pp. 70–78. (In Russ.).
- Roginskiy Ya.Ya., Levin M.G. *Antropologiya: Uchebnik dlya studentov universitetov* [Anthropology: A Textbook for University Students]. Moscow: Higher School Publ., 1978. (In Russ.).
- Spitsyna N.Kh., Makarov S.V., Bets L.V., Limborskaya S.A., Karapetyan M.K. s soavt. Novaya informatsiya o genofonde vostochnykh khantov [New information on the gene pool of the Eastern Khants]. *Moscow University Anthropology Bulletin* [Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya XXIII: Antropologiya], 2014, 4, pp. 101–106. (In Russ.).
- Kharkov V.N., Khamina K.V., Medvedeva O.F., Shtygashyova O.V., Stepanov V.A. Raznoobrazie genofonda khakasov: vnutrietnicheskaya differentsiatsiya i struktura gaplogrupp Y-khromosomy [Diversity of the Khakas gene pool: intra-ethnic differentiation and the structure of Y-Chromosome haplogroups]. *Molekul'naya Biologiya* [Molecular Biology], 2011, 45 (3), pp. 446–458. (In Russ.).
- Kharkov V.N., Novikova L.M., Shtygashyova O.V., Luzina F.A., Khitrinskaya I.Yu. s soavt. Genofond khakasov i shortsiv po markeram y-khromosomy: obshchie komponenty i geneticheskaya struktura rodov [The gene pool of the Khakas and Shor people according to Y-Chromosome markers: common components and genetic structure of clans]. *Genetika* [Genetics], 2020, 56 (7), pp. 826–833. (In Russ.). DOI: 10.31857/S0016675820070073.
- Yarkho A.I. *Altae-sayanskije tyurki* [Altai-Sayan Turks]. Moscow, 1934. (In Russ.).
- Berry A.C., Berry R.J. Epigenetic variation in the human cranium. *Journal of Anatomy*, 1967, 101, pp. 361–379.
- Brasili P., Zaccagni L., Gualdi-Russo E. Scoring of nonmetric cranial traits: A population study. *Journal of Anatomy*, 1999, 195, pp. 551–562.
- Evteev A.A., Movsesian A.A. Testing the association between human mid-facial morphology and climate using autosomal, mitochondrial, Y chromosomal polymorphisms and cranial non-metrics. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2016, 159 (3), pp. 517–522.
- Green R.F., Suchey J.M. The use of inverse sine transformations in the analysis of non-metric cranial data. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1976, 45, pp. 61–68.

- Hallgrímsson B., Donnabháin B.O., Walters G.B., Cooper D.M.L., Guðbjartsson D. et al. Composition of the founding population of Iceland: biological distance and morphological variation in early historic Atlantic Europe. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2004, 124 (3), pp. 257-74.
- Hanihara T. Morphological variation of major human populations based on nonmetric dental traits. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2008, 136, pp. 169-182.
- Hanihara T., Ishida H. & Dodo Y. Characterization of biological diversity through analysis of discrete cranial traits. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2003, 121, pp. 241-251.
- Hanihara T., Matsumura H., Kawakubo Y., Coung N.L., Thuy N.K. et al. Population history of northern Vietnamese inferred from nonmetric cranial trait variation. *Anthropological Science*, 2012, 120 (2), pp. 157-165.
- Herrera B., Hanihara T., Godde K. Comparability of Multiple Data Types from the Bering Strait Region: Cranial and Dental Metrics and Nonmetrics, mtDNA, and Y-Chromosome DNA. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2014, 154 (3), pp. 334-48.
- Irish J.D. Ancestral dental traits in recent sub-Saharan Africans and the origins of modern humans. *Journal of Human Evolution*, 1998, 34, pp. 81-98. DOI: 10.1006/jhev.1997.0191.
- Irish J.D. Who were the ancient Egyptians? Dental affinities among Neolithic through post-dynastic peoples. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2006, 129, pp. 529-543.
- Irish J.D. The mean measure of divergence: its utility in model-free and model-bound analyses relative to the Mahalanobis  $D^2$  distance for nonmetric traits. *American Journal of Human Biology*, 2010, 22, pp. 378-395. DOI: 10.1002/ajhb.21010.
- Karafet T.M., Osipova L.P., Savina O.V., Hallmark B., Ham M.F. Siberian genetic diversity reveals complex origins of the Samoyedic-speaking populations. *American Journal of Human Biology*, 2018, Nov 8:e23194.
- Killgrove K. Rethinking taxonomies: Skeletal variation on the North Carolina coastal plain. *Southeastern Archaeology*, 2009, 28, pp. 87-100.
- Lavryashina M., Ulyanova M., Balaganskaya O. & Balanovska E. Genetic structure of the khakass sub-ethnic groups from autosomal DNA markers and surnames // *Science Evolution*, 2016, 1, pp. 78-84.
- Manica A., Amo, W., Balloux F., Hanihara T. The effect of ancient population bottlenecks on human phenotypic variation. *Nature*, 2007, 448, pp. 346-349.
- Movsesian A.A., Bakholdina V.Yu., Pezhemsky D.V. Biological diversity and population history of Middle Holocene hunter-gatherers from the Cis-Baikal region of Siberia. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2014, 155, pp. 559-570. DOI: 10.1002/ajpa.22608.
- Movsesian A. A., Mkrtchyan R. A., Simonyan H. G. The Bronze and Iron Age populations of the Armenian Highland in the genetic history of Armenians. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2020, 173 (1), pp. 158-167.
- Nikita E., Mattingly D., Lah M. M. Sahara: Barrier or Corridor? Nonmetric cranial traits and biological affinities of North African late Holocene populations. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2012, 147, pp. 280-292.
- Ossenberg N.S., Dodo Y., Maeda Y., Kawakubo Y. Ethnogenesis and craniofacial change in Japan from the perspective of nonmetric traits. *Anthropological Science*, 2006, 114, pp. 99-115.
- Relethford J.H. Global patterns of isolation by distance based on genetic and morphological data. *Human Biology*, 2004, 76, pp. 499-513.
- Ricaud F.X., Auriol V., Cramon-Taubadel N., Keyser Ch., Murail P. et al. Comparison between morphological and genetic data to estimate biological relationship: The case of the Egyin Gol necropolis (Mongolia). *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2010, 143, pp. 355-364.
- Roseman C.C. Detecting interregionally diversifying natural selection on modern human cranial form by using matched molecular and morphometric data. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2004, 101, pp. 12824-12829.
- Santos F. AnthropMMD: An R package with a graphical user interface for the mean measure of divergence. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2018, 165 (1), pp. 200-205.
- Saunders S.R. Nonmetric skeletal variation. In: Iscan MY, Kennedy KAR, editors. *Reconstruction of life from the skeleton*. New York: Alan R. Liss. 1989, pp. 95-108.
- Singh J., Pathak R.K. Sex and age-related non-metric variation of the human sternum in a Northwest Indian postmortem sample: A pilot study. *Forensic Science International*, 2013, 228, pp. 181.e1-181.e12.
- Sjøvold T. The occurrence of minor nonmetrical variants in the skeleton and their quantitative treatment for population comparisons. *Homo*, 1973, 24, pp. 204-233.
- Sjøvold T. Non-metrical divergence between skeletal populations: the theoretical foundation and biological importance of C.A.B. Smith's mean measure of divergence. *Ossa*, 1978, 4 [Suppl], pp. 1-133.
- Sutter R.C., Mertz L. Nonmetric cranial trait variation and prehistoric biocultural change in the Azapa Valley, Chile. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2004, 123, pp. 130-145.
- Tambets K., Yunusbayev B., Hudjashov G., Ilumäe A.M., Rootsi S. et al. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations. *Genome Biology*, 2018, 19, 139.
- Von Cramon-Taubadel N. Congruence of individual cranial bone morphology and neutral molecular affinity patterns in modern humans. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2009, 140, pp. 205-215.
- Weiss E. Biological distance at the Ryan Mound site. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2018, 165, pp. 554-564. DOI: 10.1002/ajpa.23392.

#### Information about the author

Movsesian Alla A., PhD, DSc.; ORCID ID: 0000-0003-1329-5904; amovsessyan@gmail.com.

© 2024. This work is licensed under a CC BY 4.0 license