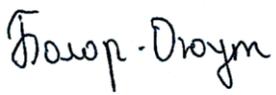
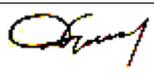


Гүйцэтгэгчдийн нэрийн жагсаалт

	Гүйцэтгэгчдийн нэрс	Гарын үсэг	Огноо
1	Ж.Хулан МУИС, БУС, доктор, дэд профессор-Генетикч		
2	Э.Батсайхан МУИС, НУС, доктор, дэд профессор-Археологич		2022-04-04
3	Б.Очирхуяг МУИС, МУИС, ШУС, БУС, БФ доктор, дэд профессор-Биохимич		
4	Ж.Тэмүүжин Биологийн тэнхимд докторант- Генетик, молекул биологич		
5	Э.Солонго МУИС, ШУС, БУС, Биологийн тэнхимд докторант-Генетик, молекул биологич		
6	Б.Болор-Оюут МУИС, ШУС, БУС, Биологийн тэнхимд магистрант-Генетик, молекул биологич (ШУА, Ерөнхий болон сорилын биологийн хүрээлэнд ЭШДА)		2022-04-04
7	Ч. Батцэцэг Биологийн тэнхимд докторант- Генетик, молекул биологич		2022-04-04
8	Б.Сод-Эрдэнэ ШУА, Биологийн хүрээлэн, ЭШДА		2022-04-04
9	Д.Түмэнжаргал МУИС, МУИС, ШУС, БУС, БФ доктор, дэд профессор-Молекул биологич		2022-04-04

I. Төслийн тойм

I.1 Оршил

Молекул-археологи, палеонтологи нь сүүлийн жилүүдэд шинжлэх ухааны интеграцжуулалтын явцад үүсэж гарч ирж байгаа шинжлэх ухааны шинэ чиглэлүүдийн нэг юм. Молекул-археологи нь геологи, палеонтологи, археологи, түүхийн шинжлэх ухааны асуудлыг хөдөлшгүй шийдвэрлэхэд чиглэдэг. Вашингтоны Смитсоновын хүрээлэн, Английн байгалийн түүхийн музей, Нью-Йоркийн байгалийн түүхийн музей гэх мэт дэлхийн том музейнүүдийн дэргэд эртний ДНХ-ийг судлах лабораториудыг байгуулсан байгаа. Эртний ДНХ-ийг судалсанаар ард түмний шилжин суурьшилт, үндэстнүүдийн угсаа гарвалийг тогтоох боломж бий болдог. Үүнээс гадна булшнаас олддог мал, амьтадын яс, ургамлын үр гэх мэт дээр ДНХ-ийн судалгааг хийх боломжтой юм (Столповский Ю. А., Удина И. Г. Гены древних заговорили. М., 1990).

Манай Улсын Эгийн Голын хөндий, Ноён Уул, Дүүрлиг нарс зэрэг газруудаас олдсон дунджаар 2000 орчим жилийн настай булшнуудад гаднын эрдэмтэд сүүлийн хэдэн жилд шинжилгээ хийсэн байдаг. Судалгааны дүгнэлтээр Гаплогрупп C3, Q, N, ба цаашилбал Европ хүний R (мтДНХ нь U) Y-ДНХ илэрсэн байдаг. Тэгэхлээр Хүннүгийн үед бол Ар Монгол, Өвөр Монголын нутаг дэвсгэрт олон өөр язгуур угсаатай хүмүүс холилдон амьдардаг байж гэсэн Y хромосом дээр хийсэн судалгааны дүгнэлт байдаг. 2009 онд Оросын судлаач Сергей Каржавин: “Европ гаралтай Казак үндэстэн Гаплогрупп C3-тай (Y-ДНХ) байдаг нь Зүүнгарын Хаант Улсад эзлэгдэн, хүчирхийлэгдсэнээс бий болсон юм. Харин орчин цагийн Монголчууд бол өнө эртний Монголчууд биш Манж, Хятадууд юм аа” гэсэн 56 нүүр бүхий хуурмаг судалгааны материалыг нийтлүүлсэн байдаг. Ийм будилаантай асуудлуудыг шийдвэрлэхийн тулд монголчууд бид Монгол, Түрэг нүүдэлчдийн угсаа гарвалиа митохондрийн ДНХ (мтДНХ) дээр үндэслэн генетик, молекул биологийн түвшинд судлах шаардлагатай байна. Үүнээс гадна монголын эртний нүүдэлчид нүүдлийн мал аж ахуй эрхэлж байсан ба орчин үеийн малтай удмын ямар холбоо сүлбээтэй болохыг генетик, молекул биологийн түвшинд судалж баталгаажуулах нь маш чухал юм. Нөгөө талаас Монгол нутаг дээр оршин тогтнож

I.2 Хэрэгжүүлэх шаардлага үндэслэл

Монгол нутаг дээр оршин тогтнож байсан төр улсуудын эртний хүн ам уг удмын залгамж холбоо байгаагүй мэтээр үзэх хандлага одоо болтол түүх, археологийн шинжлэх ухаанд давамгайлсаар байгаа юм. Тухайлбал Түрэг хэлт овог аймгуудын төр улс задран унасны дараа тал нутаг эзгүйрсний хойно Х зууны орчим Монгол хэлт овог аймгууд ой тайгаас шилжин ирж суурьшсан гэх онолыг гадаад дотоодын олонх судлаачид баримталсаар байгаа.

Монгол, Түрэг нүүдэлчдийн угсаа гарвал ихээхэн ээдрээтэй нарийн төвөгтэй замаар явагдсан боловч өнөөдөр угсаа гарвацийг ДНХ-ийн түвшинд судлах археогенетик, археологи молекул биологийн салбар асар хурдацтай хөгжиж байгаа билээ. Бид Монгол, Түрэг нүүдэлчдийн угсаа гарвалиа генетик, молекул биологийн түвшинд судлах шаардлагатай байна. Үүнээс гадна монголын эртний нүүдэлчид нүүдлийн мал аж ахуй эрхэлж байсан ба орчин үеийн малтай удмын ямар холбоо сүлбээтэй болохыг генетик, молекул биологийн түвшинд судалж баталгаажуулах нь маш чухал юм.

I.3 Суурь судалгааны сэдэвт ажлын зорилго нь

Энэхүү төслийн хүрээнд хүрэл, төмрийн түрүү үе, эртний ба дундад эртний нүүдэлчдийн булш малтан судлах ба палеоантропологийн хэрэглэгдэхүүнээр Монголын эртний нүүдэлчдийн угсаа гарвацийн залгамж холбоо болон тэдгээрийн малын удмын холбоог молекул биологийн аргаар тогтооход чиглэнэ.

Монголын эртний нүүдэлчдийн угсаа гарвацийн залгамж холбоо, хүн ам тасралтгүй оршин сууж байсан эсвэл хүн ам өөрчлөгдсөнийг археологи, молекул-генетикийн түвшинд тогтооход чиглэнэ.

Ном сударт бичигдсэн түүхийн асуудал болон түүхийн будилаантай асуудлыг шийдвэрлэх загварыг бий болгох зорилготой.

I.4 Туршилт сорилтын бааз

Уг судалгааг МУИС-ийн Шинжлэх Ухааны сургуулийн Биологийн тэнхимийн Генетик, Биохими, Микробиологийн лабораториудад суурилан гүйцэтгэв. Энэ лабораториуд нь биоаюулгүйн кабинет, PCR (ПГУ), өндөр хурдны

центрифуг, ариун бокс болон бусад шаардлагатай тоног төхөөрөмжөөр тоноглогдсон болно.

I.5 Төсөл хэрэгжүүлэх бүтэц

Төслийн судалгааны ажлыг нийт 10 хүний бүрэлдэхүүнтэй хийж гүйцэтгэлээ. Уг сэдэвт ажилд нийт 5 доктор, 5 магистр оролцон ажилласан.

Уг судалгааг МУИС-ийн Шинжлэх Ухааны сургуулийн Биологийн тэнхимийн генетикийн лабораторид суурилан гүйцэтгэсэн.

I.6 Хэвлэгдсэн бүтээл

Төрөл	Гадаад	Дотоод
		<p>1.З.Батсайхан,Р.Одонгоо,У.Эрдэнэбат, Ж.Хулан, L.Vryse “Монголын хожуу хүрлийн үеийн соёлын асуудал ба хүн амын бүрэлдэхүүн” studia archaeologica, instituti historiae et archaeologici academiae scientiarum Mongolici, tomus XXXVII, Fasciculas 12, x-93, 2018.</p> <p>2. З.Батсайхан, Р.Одонгоо, У.Эрдэнэбат, Ж.Хулан, “Хүннүгийн соёлын гарал үүсэл ба угсаатны бүлгүүд” studia archaeologica, instituti historiae et archaeologici academiae scientiarum Mongolici, tomus XXXVII, Fasciculas 12, 2018.</p> <p>3. Р.Одонгоо, Ж.Хулан, З.Батсайхан, У.Эрдэнэбат, Б.Очирхуяг, Ц.Оюунсүрэн “Эртний нүүдэлчдийн ясан дахь митохондрийн ДНХ-ийн судалгаа” ШУА бүтээл №32 266-271</p> <p>4. Б.Болор-Оюут, Б.Очирхуяг, Ж.Хулан “Тэс омгийн адууны митохондрын ДНХ-ийн судалгаа” Mongolian Journal of Agricultural Sciences 22 (03), 12-16, https://dio.org/10.5564/mjas.v22i03.943, 2018.</p>

	<p>5. В Bolor-Oyut, В Ochirkhuyag, J Khulan Mitochondrial “Монгол адууны митохондрын ДНХ-ийн судалгаа” Proceedings of the Mongolian Academy of Sciences 2018 58 (2), 77-86 https://www.mongoliajol.info/index.php/PMAS/article/view/1007</p> <p>6. Н.Оюунсүрэн, Б.Тэнүүн, Т.Халиунаа, М.Наранхажид, Б.Очирхуяг, Ж.Хулан ”Митохондрын ДНХ-ийн дарааллыг үндэслэн орчин үеийн монголын популяцын гапобүлгийг тодорхойлсон дүн. Эрүүл мэндийн шинжлэх ухаан vol.14, №3 (48) 2018. X-28-30.</p> <p>7. Н.Оюунсүрэн, М.Наранхажид, Ж.Хулан ”Монгол хүний гапобүлгийг тодорхойлсон дүн. Эрүүл мэндийн шинжлэх ухаан vol.14, №3 (48) 2018. X-31-33.</p> <p>8. Temuujin J.2, Khaliunaa T.1, Batsaikhan Z.1, Ochirkhuyag B.1, Khulan J.1* and Janchiv Ts.3 “MITOCHONDRIAL DNA ANALYSIS OF ANCIENT DOMESTIC GOAT IN THE MONGOLIA” PMAS DOI: 10.5564/pmas.v58i3.1036, 59-63 2018, https://www.mongoliajol.info/index.php/PMAS/article/view/1036</p> <p>9. Temuujin. J, Tenuun. B, Dulguun. D, Ochirkhuyag. B, Khulan. J “Mitochondrial DNA Analysis of the Domestic Goat” Proceedings of the Mongolian Academy of Sciences 58(3), 59-65 2018</p>
--	--

ЭШ хурал		<p>1. Б.Болор-Оюут, Ж.Хулан, Б.Очирхуяг ”Монгол адууны митохондрийн ДНХ-ийн Д-гогцооны хэсгийн генетик олон янз байдал” 2018 Магистрант, докторантын эрдэм шинжилгээний хурал-2018, 1, МУИС, Биологийн тэнхим-II байр эзэлсэн.</p> <p>2. Н.Оюунсүрэн, Б.Тэнүүн, М.Наранхажид, Ж.Хулан ” Монгол хүний мтДНХ-ийн D-Loor дарааллын генетик олон янз байдал. 2018 Магистрант, докторантын эрдэм шинжилгээний хурал-2018, 1, МУИС</p> <p>3. Н.Оюунсүрэн¹, М.Наранхажид¹, Ж.Хулан², Б.Тэнүүн³ “Монголын популяцын митохондрын ДНХ-ийн гапlobулгийг тодорхойлох судалгаа” ЭМШУИС Алхам урагшаа-2 2018</p> <p>4. Р.Одонгоо, З.Батсайхан, У.Эрдэнэбат, Б.Очирхуяг, Ж.Хулан “Хожуу хүрэл болон хүннүгийн үеийн булшнаас олдсон эртний хүний молекул генетикийн судалгаа” Хүрэл Тогоот эрдэм шинжилгээний хурлын эмхэтгэл 68-70, 2-р байр эзэлж 4 000 000₮-өөр шагнуулсан.</p>
ЭШ өгүүлэл Хэвлэлтэд өгсөн	Janchiv Khulan ¹ , Byambadash Sod- Erdene ² , Janchiv Temuujin ² , Chuluunbat Battsetseg ² , Batzorig Enkhmunkh ¹ , Baldorj Ochirkhuyag ¹ “Genetic diversity of the Mongolian Bactrian camel based on mitochondrial sequences”	

ЭШ өгүүлэл Хэвлэлтэд өгсөн		Temuujin J.2, Tenuun B.1, Batsaikhan Z.1, Ochirkhuyag B.1, Khulan J.1 “Mitochondrial DNA analysis of domestic Sheep in the Mongolia”
Патент, техникийн бичиг баримтууд		байхгүй
Засгийн газар, яам, тусгай газрын бодлогын хөтөлбөр баримт бичиг, үзэл баримтлал боловсруулахад оролцсон		“Монгол хүний удмын сангийн аюулгүй байдлыг хамгаалах, хүн амын өсөлтийг дэмжих талаар авах арга хэмжээний тухай” Улсын их хурлын тогтоолын төсөл.
Удирдсан ажил		2018 онд хамгаалсан Б.Болор-Оюут “Монгол адууны митохондрийн ДНХ-ийн судалгаа”
Бусад		байхгүй

I.7 Төслийн өртөг зардлын тооцоо

Огноо	Санхүүжилтийн задаргаа /мян.төгрөг/					Нийт дүн
	Гэрээт ажилтнуудын ажлын хөлс	Эрдэм шинжилгээний задрал	Томилолт	МУИС шимтгэл	Хяналтын зардал /1%/	
2018	1,100,0	2,335,0	3,000,0	-	65.0	6,500,0
2019	1,100,0	11,361,625	-	655.875	132.500	13,250,0
2021	1,200,0	11,888,375	-	662.500	132.500	13,250,0
Дүн	3,400,0	24,946,625	3,000,0	1,318,375	330.0	33,000,0

II. ҮЙЛ АЖИЛЛАГААНЫ АГУУЛГА:

Эрдэм шинжилгээний ажлын хэсэг

II.1 Хүн (*Homo sapiens*)

II.1.1 Орчин үеийн хүн

II.1.1.1 Орчин үеийн хүний мтДНХ-ийн судлагдсан байдал

Молекул антропологийн судалгаанд гол 2 судлагдахуун байдаг ба эдгээр нь Y хромосом болон мтДНХ (мтДНХ) юм. Y хромосом нь зөвхөн эцгээс хүүд дамжих бол мтДНХ нь эхээс үр удамд (хүү, охинд) дамждагаараа онцлог.

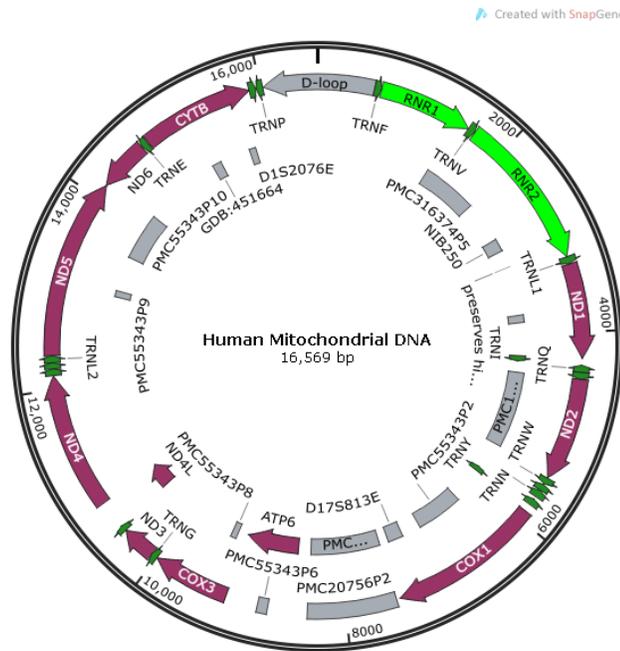
мтДНХ нь янз бүрийн популяцын гарал үүслийг тогтооход хамгийн тохиромжтой хэрэгсэл бөгөөд антропологийн эволюци, популяцын генетик, анагаахын генетик, шүүхийн шинжилгээ зэрэг шинжлэх ухааны салбаруудад чухал судлагдахуун болдог (Nesheva, 2014). Зөвхөн эхээс үр удамд дамжих ба рекомбинаци явагдахгүй тул мтДНХ-ийн олон янз байдал нь гагцхүү мутацаас үүдэлтэй бөгөөд энэхүү ялгаатай байдлыг ашиглан тогтсон гапlobүлгүүдийг бий болгосон (Brigitte & Mark, 2005).

Анх 1981 онд Anderson болон түүний багийнхан хүний мтДНХ-ийн бүрэн дарааллыг судалж тогтоосон хэдий ч (Anderson S, 1981) хэд хэдэн алдаа байгааг Andrews болон түүний багийн гишүүд илрүүлснээр 1999 онд revised Cambridge Reference Sequence буюу сайжруулсан Кембриджийн жишиг дарааллыг гаргасан (Andrews RM, 1999). rCRS нь саяхныг хүртэл хүний гаплотипыг тодорхойлоход нийтлэг өвөг болж байсан (2-р зураг). 2012 онд орчин үеийн болоод эртний бүлгүүдийн аль алины нийтлэг өвөг болж чадах гаплотипын загвар болох RSRS (Reconstructed Sapiens Reference Sequence) буюу ухаант хүний шинэчилсэн жишиг дараалал гарсан (Behar D. M., 2012). Жишиг дарааллын гол зорилго нь дэлхий дээр мэдэгдээд буй бүхий л хүн түүнчлэн эртний хүний мтДНХ-ийн ялгаатай байдлуудыг ангилах, ижил төсөөтэй байдлаар нь нэгтгэн бүлэглэхэд үндсэн загвар болж өгдөг.

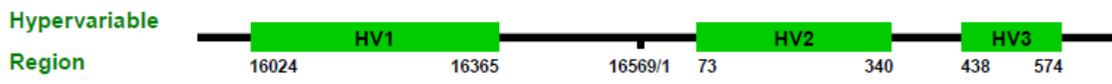
Хүний митохондрийн геном 37 ген агуулах бөгөөд үүнээс уураг кодлодог 13 ген, зөөврийн РНХ кодлодог 22 ген, рибосомын РНХ кодлодог 2 ген байдаг. мтДНХ-ийн 2 гинжний 1 нь гуанин ихээр агуулдаг учир хүнд гинж (Heavy chain), эсрэгээрээ нөгөөх нь аденин их агуулдаг тул хөнгөн гинж (Light chain) гэж нэрлэдэг. Хүнд

гинжний репликаци эхлэх хэсэгт гурвалсан ДНХ-ийн гинж байх ба энэ хэсгийг D-loop буюу D-гогцоо эсвэл хяналтын хэсэг гэж нэрлэдэг.

Хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсэг: мтДНХ-ийн 880-1400 хн урт бүхий хяналтын хэсэгт репликаци, транскрипцийн эхлэлийн цэг байх ба зохицуулгын үүрэгтэй. Энэ хэсэгт агуулагдах хэт хувьсамтгай хэсгүүд нь (3-р зураг) полиморф шинжтэй бөгөөд хүний болон популяцын эволюцийн судалгаанд гол судлагдахуун болдог (Satoshi, Kenji, Rumi, Kazuo, & Naoyuki, 1995).



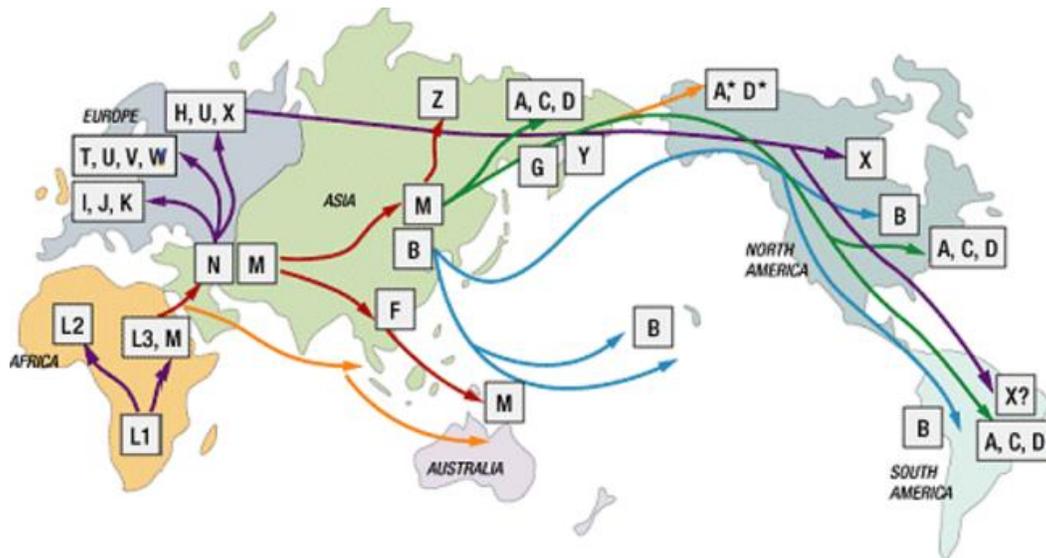
Зураг 2. Хүний мтДНХ-ийн бүдүүвч зураг. NCBI-ийн Ген банкинд NC_012920 дугаараар бүртгэлтэй rCRS нь нийт 16569хн урттай бөгөөд үүнээс D-loop хэсэг нь уураг кодлохгүй хяналтын хэсэг бөгөөд 1122хн урттай энэ дарааллын тодорхой хэсгүүдэд хамгийн их хувьсал явагддаг.



Зураг 3. Хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсэгт агуулагдах 3 хэт хувьсамтгай хэсгүүдийг харуулав.

Хүний мтДНХ-ийн гаплогруппүүдийн тархалт: Гаплогрупп гэдэг бол эцэг эсвэл эхийн талаас нийтлэг нэг өвгөөс гаралтай ч өөр хоорондоо генетикийн хувьд

ялгаатай бүлэг хүмүүс. Хүний генетикт мтДНХ-ийн гапlobүлэг нь хүний мтДНХ-ийн ялгаатай байдлаар тодорхойлогддог. Гаплогруппыг тэмдэглэхдээ англи цагаан толгойн дарааллыг ашигладаг ба дэд гапlobүлгүүд салаалахад тоо болон үсгийг ээлжлэн ашигладаг (зураг4) C4a4ab гэх мэтчилэн.



Зураг 4. мтДНХ-ийн дараалал дээр суурилсан гапlobүлгүүдийн тархалт.

L1 гапlobүлэг - Баруун болон Төв Африкт анх 150,000-170,000 жилийн өмнө илэрсэн.

L2 гапlobүлэг- L1 гапlobүлгээс салаалан үүссэн бөгөөд бүх хүний 1/3-т энэ гапlobүлэг илэрдэг ба 70,000 жилийн өмнө үүссэн гэж үздэг.

L3 - Зүүн африкт хамгийн түгээмэл байдаг гапlobүлэг бөгөөд M болон N гэсэн 2 том гапlobүлгийг үүсгэдэг.

M гапlobүлэг - Еврозиас Өмнөд ази, Зүүн ази, Австрали хүртэл тархсан. 70,000 жилийн өмнө үүссэн гэж үздэг.

N гапlobүлэг - Нийт Евроазийг тодорхойлдог гапlobүлэг. Африкаас салаалсан 2 гол мөчрийн нэг бөгөөд 65,000 жилийн өмнөөс эхлэлтэй.

H гапlobүлэг - Европид зонхилсон гапlobүлэг бөгөөд нийт европчуудийн 30% энэ гапlobүлэгт хамаардаг.

HV гапlobүлэг - 20,000 жилийн өмнө үүссэн Европын гапlobүлэг. Баруун Европд илүү тархсан бөгөөд сүүлийн жилүүдийн шилжилт хөдөлгөөний улмаас Ойрх дорнодод тархсан.

I гапlobүлэг - Европ гапlobүлэг бөгөөд хойд болон баруун европд тархсан төлөөлөл нь Евроазид бага давтамжтай илэрдэг.

J гапlobүлэг - Ойролцоогоор 50,000 жилийн өмнө Ойрх дорнодод үүссэн. Европ даяар тархсан хэдий ч харьцангуй бага давтамжтай байдаг.

K гапlobүлэг - 16,000 жилийн өмнө үүссэн гэж үздэг бөгөөд U гапlobүлгүүдийг агуулдаг.

U гапlobүлэг - 30,000 жилийн өмнө Ойрх Дорнодод үүссэн

V гапlobүлэг - 13,600 жилийн өмнө Газар дундын тэнгисийн орчимд үүссэн

W гапlobүлэг - Баруун болон Өмнөд Ази, Европт тархсан.

X гапlobүлэг - Уугуул америкчуудад маш бага давтамжтай ба 15,000 жилийн өмнө америкруу шилжсэн гэж үздэг. Европ болон Азид тохиолдоно.

A гапlobүлэг - 30,000-50,000 жилийн өмнө Ази тивд үүссэн. Уугуул америкчуудад маш өндөр давтамжтай тархсан.

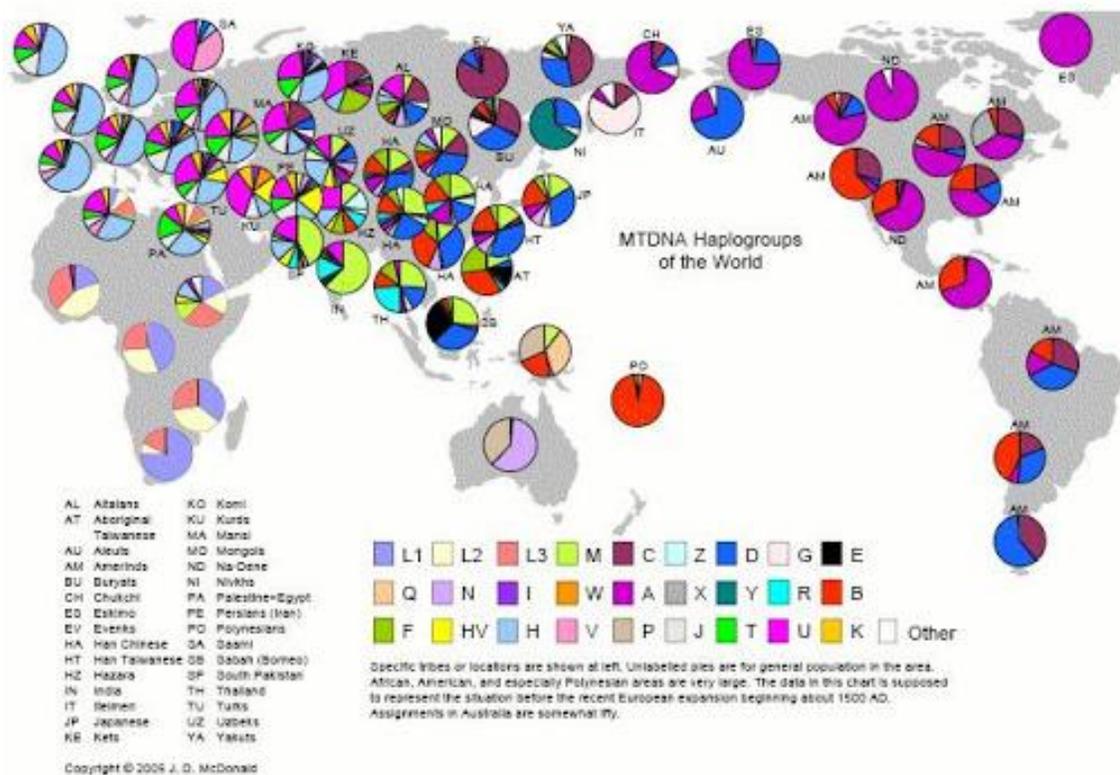
B гапlobүлэг - 50,000 жилийн өмнө Ази тивд үүссэн. R гапlobүлгээс салаалах бөгөөд Хятадуудад өндөр тархалттай байдаг.

C гапlobүлэг - Одоогоос 23,000 жилийн өмнө Каспийн тэнгис болон Байгаль нуурын хаа нэгтээ үүссэн гэж үздэг. Зүүн хойд азид түгээмэл байдаг.

D гапlobүлэг - Одоогоос 48,000 жилийн өмнө Ази тивд үүссэн гэж үздэг. Зүүн хойд азид түгээмэл ба төв азид бага давтамжтай.

G гапlobүлэг - Зүүн азид тэр дундаа орчин цагийн Монгол, Япон, Төвөдүүдэд өргөн тархсан.

F гапlobүлэг - Алс дорнодод буюу зүүн , өмнөд азийн орнуудад түгээмэл.



Зураг 5. Дэлхийн улс орнуудад түгээмэл тохиолддог гаплогбүлгүүд.

5-р зурагт үзүүлсэнээр Монголчуудад хамгийн их тохиолддог гаплогбүлгүүд бол D, C, M, B гаплогрушпүүд юм.

Орчин үеийн Монгол хүний гаплогруппүүдийн судлагдсан байдал: Орчин үеийн Монголчуудын дунд тархсан гапlobүлгүүдийг судалсан цөөн хэдэн судалгаа байдгаас Kolman болон Нямхишиг нарын 1996 онд хийсэн Увс, Завхан, Хөвсгөл, Булган, Дархан, Сүхбаатар, Өмнөговь, Баянхонгор, Говь-Алтай, Ховд, Архангай, Өвөрхангай, Дундговь аймгууд болон Улаанбаатар хотоос цуглуулсан нийт 103 Монгол хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн 1-р хувьсамтгай хэсгийг олшруулан нуклеотидын дарааллыг тогтоож, мөн рестрикцийн фрагментийн анализаар гаплогруппүүдийн тогтоосон байдаг (Connie J. Kolman, 1996). Нийт 103 дээжээс 80 дээжийн нуклеотидын дарааллыг тогтоож гаплогруппүүдэд ангилахад D, C, F, E, B, G гаплогруппүүд хамгийн их давтагдсан байдаг (1-р график А). Derenko нарын 2004 онд 48 Монгол хүнд хийсэн судалгаагаар Монголчуудад хамгийн их тархсан гаплогруппүүд нь C, B, M, A, D, G байна гэж үзсэн (1-р график Б). Мөн Yao нарын 2004 онд 49 Монгол хүнд хийсэн судалгаагаар D, F, G, C, M, U, A гаплогруппүүд өндөр давтамжтай байна гэсэн үр дүн гарсан байдаг (1-р график В). Дээрхи судалгааны ажлуудын үр дүнг графикаас харахад хоорондоо ялгаатай байгаа тул бүгдийг нь нэгтгэн нэг графикт оруулж харахад илүү бодитой үр дүн харагдаж байна (1-р график Г). Нийт 177 орчин үеийн Монгол хүний гаплогруппын давтамжийг шалгахад D гаплогрупп 19%, C гаплогрупп 16%, F гаплогрупп 14%, G гаплогрупп 11%, A болон B гаплогрупп 8%, M гаплогрупп 6%-ийн давтамжтай байсан.

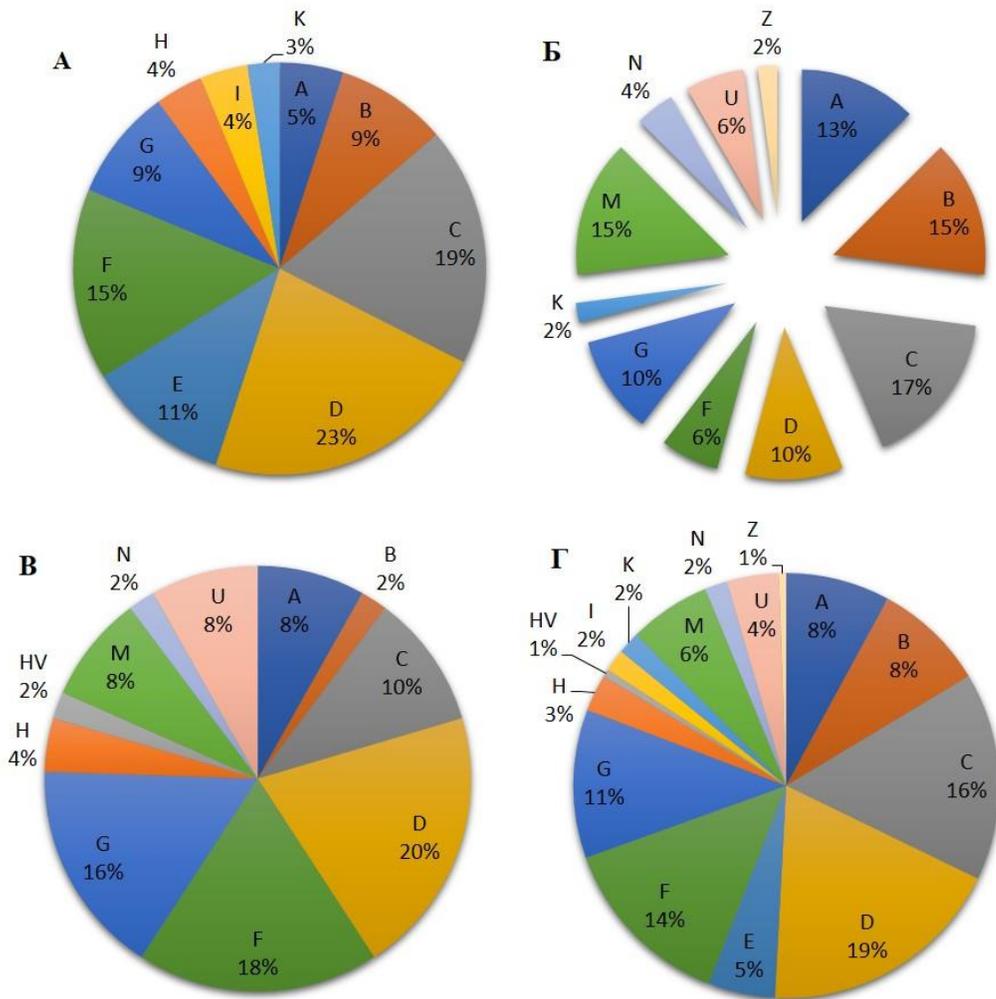


График 1. А) Kolman болон Нямхишиг нарын 1996 онд 80 монгол хүнд хийсэн гаплогруппыг тогтоосон үр дүн (Connie J. Kolman, 1996). Б) Derenko нарын 2004 онд 48 Монгол хүнд хийсэн судалгааны үр дүн (M. V. Derenko, 2004) В) Yao нарын 2004 онд 49 Монгол хүнд хийсэн судалгааны үр дүн (Yong-Gang Yao, 2004). Г) Дээрх судалгаануудын нэгтгэн харуулсан дүн. Нийт 177 орчин үеийн Монгол хүний гаплогруппын давтамж.

II.1.1.2 Материал арга зүй

II.1.1.2.1 Орчин үеийн Монгол хүний дээж

Орчин үеийн 40 монгол хүний дээж цуглуулан генетик материал ялган авсан бөгөөд Үүнд давхардсан байдлаар: Өвөрхангай, Булган, Дорноговь, Завхан, Дундговь, Хөвсгөл, Говь-Алтай, Сэлэнгэ, Архангай, Баянхонгор, Хэнтий, Төв, Ховд, Баян-Өлгий, Сүхбаатар, Увс, Дорнод зэрэг аймгуудаас гаралтай хүмүүсийг аман судалгаагаар хамруулсан (зураг 6). Эдгээр хүмүүсийн цуснаас ДНХ ялгахдаа (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) цомог ашиглав.

АШУҮИС-ийн Судалгааны Ёс Зүйн Хяналтын Хорооны ээлжит хурлаар судалгааны ажлыг хэлэлцүүлж судалгааг эхлүүлэх ёс зүйн зөвшөөрөл авсан. [2017.11.24 протокол №2017/3- 04, АШУҮИС]



Орчин үеийн хүний дээж:
Говь-Алтай, Төв, Сэлэнгэ, Дундговь, Өвөрхангай, Увс, Дорнод,
Ховд, Баянхонгор, Завхан, Булган, Баян-Өлгий, Хэнтий

Зураг 6. Орчин үеийн монгол хүний дээж цуглуулан авсан. Дээж өгсөн хүмүүсийн эхийн гарвал үүслийг (аймгуудыг) улаан нумаар заав.

II.1.1.2.2 Цуснаас ДНХ ялгах арга зүй

Цусны дээжээс 50 мкл авч эппендорф тيوبенд шилжүүлээд дээр нь 250 мкл задлагч буффер (СТАВ буффер (10%), 5М Натрийн хлорид, 0.5М EDTA, 1М Tris-HCl (pH=8.0), β-меркаптоэтанол) болон 20мг/мкл концентрацитай протеиназа К нэмээд

сайтар хольж инверт хийнэ. Холимог дээр хлороформ:изоамилын спирт (24:1) нэмээд 12000 грм-д 10 минут центрифугдэнэ. Дээрх шингэн фазыг шинэ тюбенд авч хийгээд дээр нь эзлэхүүний 1/3-тэй тэнцүү хэмжээтэй изопропанол: аммонын ацетат (5:1) нэмээд -20⁰С-д 30 минут тунадасжуулна. Үүний дараа 12000 грм-д 10 минут центрифугдээд дээрхи шингэн фазыг асгаад тунадасыг 70% этаноолоор угааж 12000 грм-д 10 минут центрифугдэнэ. Дээрх шингэн фазыг асгаад этанолыг уурштал өрөөний температурт инкубацлана. Тунадсыг 50 мкл давхар нэрсэн усанд уусгаж -20⁰С-д хадгална.

II.1.1.2.3 Полимеразын гинжин урвалаар (ПГУ) олшруулах арга зүй

Орчин үеийн хүний дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа хэт хувьсамтгай 1 болон 2-р хэсгийг хамтад нь mtL15997/mtH00408 праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 1021хн болсон. Эерэг хяналтаар худалдааны хүний геномын ДНХ болох Promega control-ыг ашигласан.

L16190-CCCCATGCTTACAAGCAAGT, H16410-GAGGATGGTGGTCAAGGGAC,
L16190-CCCCATGCTTACAAGCAAGT, H16401-TGATTTACGGAGGATGGTG,
L15997-CACCATTAGCACCCAAAGCT, H16410-GAGGATGGTGGTCAAGGGAC,
L15997-CACCATTAGCACCCAAAGCT, H00408-
CTGTAAAAGTGCATACCGCCA

Урвалын холимгийг DreamTaq PCR Master Mix ашиглаж зааврын дагуу бэлдэв. (Thermo scientificTM, Arktik Thermal cycler) ПГУ-ын машин дээр 94⁰С-д 2 минут; 94⁰С-д 20 секунд, 53⁰С-д 10 секунд, 72⁰С-д 1 минутаар 2-р циклээс 35 удаа давтан; 72⁰С-д 7 минут гүйцээн уртасгаад; 4⁰С-д хадгалах горимын дагуу урвалыг явуулав.

ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг электрофорезын аргаар шалгаж гельнээс мтДНХ-ийн хэрчмээ ялгаж авахдаа гельнээс ДНХ ялгах цомог (Bioneer, AccuPrep, Gel purification kit) ашигласан.

II.1.1.2.4 Нуклейн хүчлийн анализ

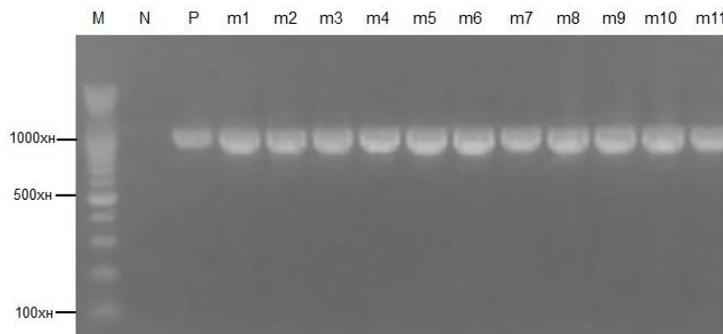
Солонгос улс дахь Макроген компанийн лабораторид эртний болон орчин үеийн хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоосон.

Дээж тус бүрийн нуклейн хүчлийн дарааллыг Snapgene 2.3.2 программ болон mtDNAprofiler онлайн программ ашиглан rCRS-ийн жишиг дараалалтай харьцуулж мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ялгаатай нуклеотидын байршлыг тогтоосон. Harlogrep2 мөн Ван Овен болон Кайсер нарын байгуулсан Phylotree.org вебсайт дахь mtDNA tree Build 17 онлайн мэдээллийн санд (24275 хүний мтДНХ-ийн бүрэн дарааллын мэдээллийг агуулсан) тулгуурлан дээжүүдийн гаглобүлгүүдийг тогтоосон (8,9). Орчин үеийн монгол хүний мтДНХ-ийн хэт хувьсамтгай хэсгүүдийн дарааллыг эртний хүнийхтэй харьцуулахдаа Mega 6.0 программ ашиглан Maximum Likelihood аргаар филогенетикийн модыг байгуулж удам төрлийн холбоог харуулсан.

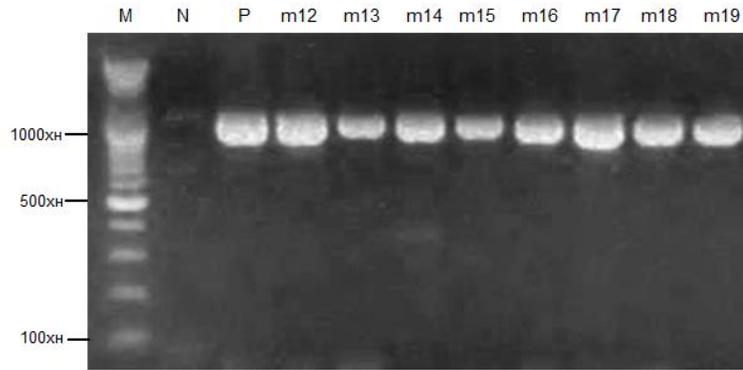
II.1.1.3 Үр дүн

II.1.1.3.1 Полимеразын гинжин урвалын (ПГУ) үр дүн

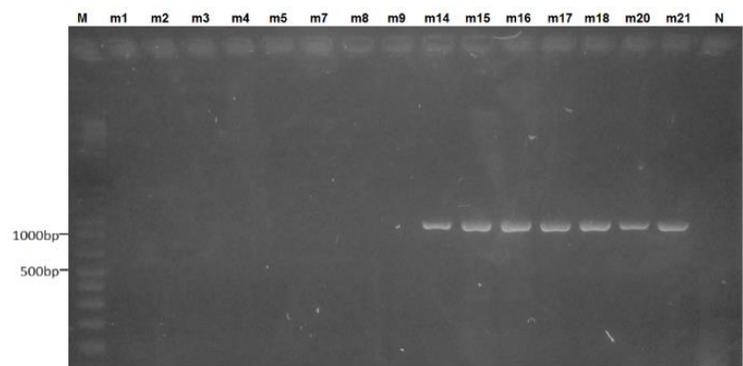
Улаанбаатар хотын оршин суугчдаас сайн дурын үндсэн дээр, таниулсан зөвшөөрлийн дагуу 35 сорьцыг цуглуулж, фенол-хлороформын аргаар ДНХ-ийг ялгасан. Орчин үеийн хүний дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа хэт хувьсамтгай 1 болон 2-р хэсгийг хамтад нь mtL15997/mtH00408 праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 1021хн болсон (зураг 7-10).



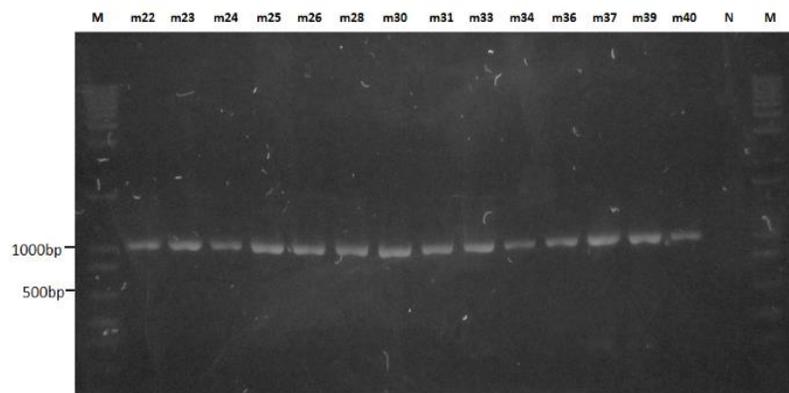
Зураг 7. Орчин үеийн Монгол хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан үр дүн. M-Маркер, N-сөрөг хяналт, P- эерэг хяналт, m1-11 дээжүүд.



Зураг 8. Орчин үеийн Монгол хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан үр дүн. М-Маркер, N-сөрөг хяналт, P- эерэг хяналт, m12-19 дээжүүд



Зураг 9. Орчин цагийн монгол хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан үр дүн. М-Маркер, N-сөрөг хяналт; m14-m21 дээжүүд.



Зураг 10. Орчин цагийн монгол хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан үр дүн. М-Маркер, N-сөрөг хяналт; m22-m40 дээжүүд.

II.1.1.3.2 Нуклеотидын дарааллын боловсруулалт

Орчин үеийн монгол хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа mtL15997/mtH00408 праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 1021хн болсон. Эерэг хяналт болгон хүний геномын ДНХ-ийн худалдааны стандартыг (Promega control) ашиглан ПГУ-ын үр дүнг бататгасан (4-р зураг).

Хүснэгт 1. Монгол хүний гапlobүлгүүдийг тогтоосон дүн

№	Дээж	Полиморфизм мтДНХ хяналтын хэсэг											Гапло-групп		
1	1	16086C	16223T	16274A	16362C	16519C	73G	263G							Z3a
2	2	16223T	16234T	16260T	16292T	16362C	73G	146C	263G						A5b1b
3	3	16129A	16162G	16172C	16304C	16519C	73G	249d	263G						F1a1a
4	4	16223T	16227G	16278T	16362C	73G	152C	207A	263G						G2a
5	5	16223T	16298C	16327T	16519C	73G	146C	249d	263G						C7
6	6	16129A	16223T	16298C	16327T	16519C	73G	249d	263G						C4a1a
7	7	16129A	16148T	16152C	16179T	16223T	16362C	73G	152C	263G					L5a1b
8	8	16129A	16223T	16287T	16362C	16519C	73G	152C	263G						A2n
9	12	16223T	16227G	16278T	16362C	73G	263G								G2a
10	14	16184T	16291T	16357C	16519C	263G									B4b1a 1

11	15		16223T	16298C	16327T	16519C	73G	146C	249d	263G								C7
12	16		16223T	16248T	16362C	73G	263G											D4a
13	17		16223T	16254G	16295T	16519C	73G	146C	199C	263G								W1c
14	M3		16223T	16245T	16362C	16368C	73G	263G	315.1C									D4c2a
15	M4		16093C	16223T	16261T	16288C	16298C	16519C	73G	263G	315.1C							C5a2a
16	M5		16172C	16192T	16256T	16270T	16291T	16311C	16399G	73G	200G	263G	315.1C					U5a1b a
17	M6		16172C	16311C	16519C	73G	195C	199C	263G	280T	309.1C							HV6
18	M7		16129A	16152C	16179T	16192T	16223T	16362C	73G	152C	215G	263G	309.1C	315.1C				M7b1b
19	M8		16223T	16234T	16278T	16311C	16391A	16519C	73G	152C	263G	315.1C						G2a5
20	M9		16519C	263G	309.1C													H
21	M15		16111T	16129A	16223T	16257A	16261T	73G	93G	150T	263G	309.1C	315.1C					N9a1
22	M16		16342C	16519C	73G	263G	282C	315.1C										U8a1a

23	M17		16183C	16189C	16193.1C(C)	16232A	16249C	16304C	16519C	73G	152C	A249d	263G	309.1	315.1C	F1b1c
24	M18	16223T	16257A	16261T	16519C	73G	150T	263G	315.1C							N9a
25	M20	16093C	16223T	16274A	16362C	16390A	16519C	73G	263G	315.1C						G3a3
26	M21	16093C	16223T	16261T	16288C	16298C	16519C	73G	263G	315.1C						C5a2a
27	M22	16223T	16286T	16362C	73G	263G	309.1C	315.1C								D4j8+
28	M24	16223T	16362C	73G	263G	315.1C										M6
29	M25	16223T	16227G	16278T	16362C	73G	152C	263G	315.1C							G2a1+ 152
30	M31	16223C	16311C	16519C	73G	146C	263G	315.1C								K1c1
31	M10	16117A	16223T	16227G	16278T	16301G	16362C	16496T	16512C	16547T						G2a
32	M11	16129A	16223T	16252C	16276A	16311C	16339A	16391A	16496A	16512C	16519C					I
33	M12	16223T	16245T	16362C	16368C	16399C										D4c2
34	M13	16223T	16260T	16298C	16496C	16519C										W1d

35	M19	I6171G	I6223T	I6311C	I6362C												IIf
----	-----	--------	--------	--------	--------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----

Дээрх хүснэгтээс (хүснэгт 1) харахад нийт 35 дээжид гапlobүлэг илрүүлэхэд 31 гапlobүлэг илэрсэн бөгөөд А гапlobүлэг 2 дээжид, В гапlobүлэг 1 дээжид, С гапlobүлэг 3 дээжид, D гапlobүлэг 4 дээжид, F гапlobүлэг 2 дээжид, G гапlobүлэг 6 дээжид, H гапlobүлэг 1 дээжид, HV гапlobүлэг 1 дээжид, K гапlobүлэг 1 дээжид, L гапlobүлэг 1 дээжид, M гапlobүлэг 2 дээжид, N гапlobүлэг 2 дээжид, U гапlobүлэг 2 дээжид, W гапlobүлэг 2 дээжид, Z гапlobүлэг 1 дээжид, I гапlobүлэг 2 дээжид тус бүр илэрсэн.

II.1.1.3.3 Филогенетикийн мод

Орчин үеийн Монгол хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсэг дээр Maximum likelihood аргаар филогенетикийн мод байгуулав. Уг модыг нуклеотидын дарааллыг Mega 6 програм ашиглан Maximum Likelihood аргын Кимура 2 параметрт загвар ашиглан филогенетикийн мод байгуулсан (11-р зураг). Филогенетикийн мод байгуулахдаа RSRS жишиг дарааллыг үндэс болгон авав.

Төв аймгаас гаралтай 3-р дээжид илэрсэн F1a1a гаплобүлэг нь Зүүн Ази, Зүүн өмнөд Азид түгээмэл байдаг ба R9b гаплогруппээс уламжлалтай. Зүүн Азид хамгийн түгээмэл тохиолддог тархацууд нь Юннань (33% - 77%, дундаж 52%), Никобар арлууд (50%), Сибирийн Камеров мужийн Шорс (41%), Энэтхэгийн Арунахал, Прадеш (31%). Мөн Тайваны уугуул иргэд, Хакка, Кетс, Хан хятад (бараг бүх Хятад), Ломбок, Сумба, Тайланд, Вьетнамд чухал давтамж байдаг. Түүний түгээлт нь өмнөд Балкарын Тарари болон өмнөд Уралын Башкирууд хүртэл бага давтамжтайгаар тархдаг. Коморосын арлуудад бага давтамжтай тохиолддог.

Сэлэнгэ болон Баянхонгороос гаралтай 4, 12-р дээжүүдэд илэрсэн G2a гаплогрупп нь M гаплогруппээс уламжлалтай. Гаплогрупп G нь G1, G2, G3, болон G4 дэд хэсгүүдэд хуваагддаг. Зүүн Азид зонхилон тархсан. Япон, Солонгос, Монгол, Төвөдүүдэд маш өндөр давтамжтай илэрдэг. 2009 онд 47 монголчуудад хийгдсэн судалгаагаар 17% нь G гаплогрупптэй байсан (Han-Jun Jin, 2009). Мөн Kolman, Derenko, Yao нарын судалгааны дүнг нэгтгэсэн графикаас харахад G гаплобүлэг 11% давтамжтай байсан.

Дундговь аймгийн 5-р дээж, Булган аймгийн 15-р дээжүүдэд илэрсэн C7 гаплогрупп нь M гаплогруппээс уламжлалтай, CZ гаплобүлэг бөгөөн C болон Z гэж хуваагдана. C гаплогрупп нь Каспийн тэнгис ба Байгаль нуураас 24000 жилийн өмнө үүссэн гэж үздэг. C гаплогрупп нь Зүүн хойд Азид (түүний дотор Сибирь) олддог. Евразид C гаплогрупп нь Арктикийн Сибирийн хүн ам, ялангуяа Якагрууд, Канжунас зэрэг Хойд мөсөн далайн Сибирийн популяциудад ихэвчлэн тохиолддог. C гаплобүлэг нь Америк тивийн уугуул хүмүүст олдсон 5 mtDNA гаплогруппүүдийн нэг бөгөөд бусад гаплогрупп нь A, B, D, X юм. C1b, C1c, C1d, болон C4c гаплотип нь Америкчуудын анхны хүмүүсээс олддог. C1a нь зөвхөн Азиас илэрдэг.

Увс аймгийн 7 болон 19-р дээжүүдэд илэрсэн L0a1b1 гаплогрупп нь хүн төрөлхтний эхийн удмын хувьд хамгийн түгээмэл өвөг дээдэс (MRCА)-ийн 2 салбаруудын нэг юм. Harlogroup нь үндсэн таван салбартай (L0a, L0b, L0d, L0f, L0k). Тэдний дөрөв нь L1 дэд ангилал, L1a, L1d, L1f ба L1k ангилалд орсон.

L0 нь Сахар орчмын Африкт хамгийн түгээмэл тохиолддог. Энэ нь Хойгийн хүмүүсийн 73%-д хамгийн өндөр давтамжтай хүрдэг. Нэмэлт давтамжууд нь Namibia (Xun) 79%, Өмнөд Африк (Xв/Xun) 83%, Ботсвана (Kung) 100%.

Гаплогрупп L0d нь дэлхийн мтДНХ-ийн бүлгүүдийн хамгийн түгээмэл (“эртний”) haplogroup юм. Энэ нь Өмнөд Африкийн Хойсан бүлгүүдийн хамгийн өндөр давтамжтай байдаг. L0d нь мөн Өмнөд Африкийн өнгөт популяцад түгээмэл тохиолддог бөгөөд давтамжууд нь 60- 71% байдаг. Энэ нь Өмнөд Африкийн өнгөт популяцад Хойсийн хүмүүсийн ихээхэн хувь нэмэр оруулж байгааг харуулж байна.

Гаплогрупп L0k нь Khoisan группын (хамгийн сүүлд L0d-ийн дараа) Хаписан бүлгийн хамгийн түгээмэл haplogroup бөгөөд Хойсанд ихэвчлэн хязгаарлагдаж байдаг. Хойгоос хамааралтай L0d haplogroup нь Өмнөд Африкийн өнгөт популяцад өндөр давтамжтай байдаг бол L0k нь ажиглагддаггүй. Судалгаанд хамрагдсан бие даасан том бүлгийг хамруулсан хоёр судалгаа.

Гаплогрупп L0f нь Танзани, Зүүн Африкт харьцангуй бага давтамжтай байдаг.

Гаплогрупп L0a нь зүүн өмнөд Африкийн популяцад хамгийн их тархсан (25% нь Мозамбикт). Гвинейд дунджаар 1-5%-тай давтамжтай бөгөөд Баланта бүлгийнхэн 11% -ийн давтамжтай байна. Haplogroup L0a нь 33,000 жилийн палеолитын үеийн гүн бөгөөд Гвинейд 10,000- 4000 жилийн өмнө хүрч байжээ. Энэ нь ихэвчлэн Муслу ба Биаксийн пиргизүүдэд харагддаг. L0a нь Хадрамавт (Йемен) бараг 25% давтамжтай байдаг.

Этиопд гаплогрупп L0b тархсан.

Өвөр-Хангай аймгийн 16-р дээжид илэрсэн D4e1 Ази тивд 48000 жилийн өмнө үүссэн гэж үздэг ба M гаплогруппээс уламжлалтай. Энэ нь Зүүн хойд Азид (түүний дотор Сибирь) олддог. Түүний дэд бүлэг D1 (D2, D3, ба D4h3a-тай хамт) нь Америк тивийн уугуул иргэдэд олдсон таван бүлгүүдийн нэг бөгөөд бусад нь A, B, C, болон X. Төв Азид ихэвчлэн тохиолддог бөгөөд энэ нь хамгийн түгээмэл mtDNA гаплогрупп (H дараа) юм. D4 гаплогрупп нь Япон, Солонгос, Монголчуудад түгээмэл тохиолддог. Мөн Буриад, Хамниган, Халимаг, Казак, Теленгитүүдэд D4 гаплогрупп өндөр давтамжтай байдаг. D гаплогрупп нь зүүн Европ, баруун өмнөд Азид бага давтамжтайгаар тархсан.

Өвөр-Хангай аймгийн 17-р дээжид илэрсэн W1c гаплогрупп нь Баруун Азид 23.900 жилийн өмнө үүссэн гэж үздэг. Гаплогрупп N2-ээс гаралтай. Гаплогрупп W нь Европ, Баруун Ази, Өмнөд Азид олддог. Энэ нь Хойд Пакистанд нам

давтамжтайгаар өргөн тархсан байдаг. Гаплогрупп W нь Алжирын дундах Maghreb-д байдаг. W1c гаплогрупп нь сүүлийн үед Түргүүдэд тодорхойлогдоод байгаа.

Хэнтий аймгийн 18-р дээжид илэрсэн L3f1b1a гаплогруппын гарал үүсэл яг тодорхойгүй байна. Африкийн орчин үеийн хүн амын Африк гарал үүсэл (Африкаас гаралтай) онолоос харахад Зүүн Африкаас 84000-1010 жилийн өмнө үүссэн гэж үздэг. L3 удмын хамгийн эртний өвөг дээдэст хүрэх хугацаа нь саяхан 58,900-70,200 жилийн өмнө тооцогдож байсан.

Ази тивийн гаралтай гапlobүлэг L3 нь хэд хэдэн ангилалд хуваагддаг бөгөөд тэдгээрийн хоёр нь макро- гаплогрупп M ба N-ийг үүсгэсэн бөгөөд өнөөдөр Африкаас бусад ихэнх хүмүүст илэрдэг.

Евроазийн тархсан M ба N гаплогруппүүдийн уламжлал бөгөөд M,N гаплогрупп нь Зүүн Өмнөд Ази дахь эртний дэд ангиллууд юм. L3 нь зүүн хойд Африкт элбэг тохиолддог бөгөөд энэ нь Африк тивийн бусад орнуудтай харьцуулахад L1 ба L2 бүлгийн бүлгийнхний гуравны хоёр хувийг эзэлдэг. L3 дэд арабууд нь Арабын хойгуудад бас тохиолддог.

Монгол орноос олдсон эртний хүний дээжүүд дээр хийсэн Rogers-ийн судалгаагаар Өвөрхангай, Архангай, Булган, Төв аймгуудын хэд хэдэн сумдуудаас олдсон Хүннүгийн үеийн булшнуудын гаплогруппүүдийг давтамжийг шалгахад H болон D гаплогруппүүд 17%, A гаплогрупп 15%, B, M гаплогруппүүд 8%, R гаплогрупп 6%, C, G,T, J гаплогруппүүд 4%, үлдсэн 12%-ийг HV, N, U, V, W, Y, Z гаплогруппүүд үүсгэсэн (2-р график Б).

Мөн Хүрлийн үед хамаарах булшнуудын гаплогруппын давтамжийг тооцоход H гаплогрупп 35%, M гаплогрупп 23%, A гаплогрупп 12%, C гаплогрупп 8% байсан ба K, N, R, Z, B, D, G гаплогруппүүд үлдсэн 22%-ийг бүрдүүлж байсан (2-р график B).

Судалгаанд ашигласан монгол хүний нуклеотидын дарааллыг rCRS жишиг дараалалтай харьцуулж Mega 7.0 порграмм дээр Maximim likelihood аргаар филогенетикийн мод байгуулахад нэг гапlobүлэгт хамаарч буй дээжүүд болох Сэлэнгэ аймгийн 4-р дээж болон Завхан аймгийн 12-р дээжүүд нэг кластерт багтсан. Мөн Булган аймгийн 15-р дээж, Дундговь аймгийн 5-р хамтдаа нэг кластер үүсгэсэн.

II.1.1.5 Дүгнэлт

Завхан, Хэнтий, Хөвсгөл, Булган, Дундговь аймгаас гаралтай нийт зургаан орчин үеийн Монгол хүний мтДНХ-ийн гаплогруппүүдийг тогтооход 16 гаплогрупп илэрсэн. HV, W, I гапlobүлэг нь Европ, Баруун азид, D болон G гаплогрупп нь Төв ази, Зүүн азийн хэсгээр тархсан байдаг. Европын зүүн өмнөд хэсэг, Төв болон баруун азийн хэсгүүд мөн Африкийн хойд хэсгүүдээр тархсан гаплогруппүүд нь орчин үеийн Монгол хүмүүсийн дунд илэрч байгаа нь генетикийн хувьд маш олон янз баялаг болохыг харуулж байна.

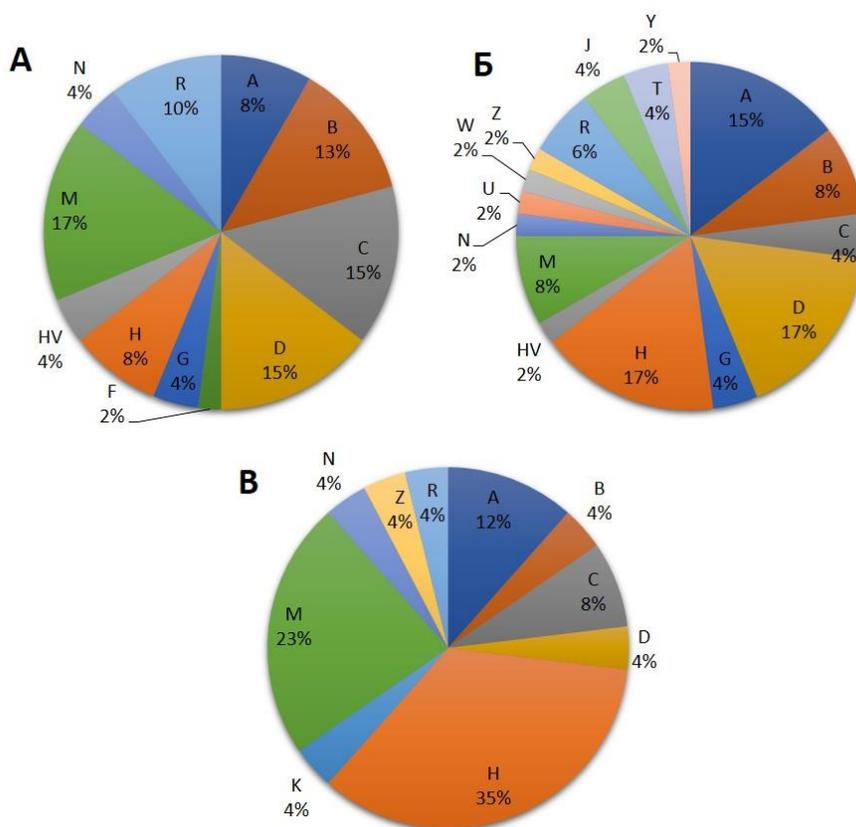
Хавсралт 1

Дээжийн дугаар	Аймаг	HYPER VARIABLE REGION 1	HYPER VARIABLE REGION 2	Гаглобүлэг	BLAST
M1	Өвөрхангай	16093C, 16182C, 16183C, 16189C, 16193.1C.	73G, 315.1C		
M2	Булган	16356C, 16519C	73G, 195C, 263G.		
M3	Дорноговь	16223T, 16245T, 16362C, 16368C	73G, 263G, 309.1C, 315.1C	D4c2a	FJ951494
M4	Завхан	16093C, 16223T, 16261T, 16288C, 16298C, 16519C.	73G, 263G, 315.1C	C5a2a	
M5	Хөвсгөл	16172C, 16192T, 16256T, 16270T, 16291T, 16311C, 16399G	73G, 200G, 263G, 315.1C	U5a1b1	JN982470
M6	Завхан	16172C, 16311C, 16519C	73G, 195C, 199C, 263G, 280T, 309.1C	HV6	
M7	Говьалтай	16129A, 16152C, 16179T, 16192T, 16223T, 16362C	73G, 152C, 215G, 263G, 309.1C, 315.1C	M7b1b	EF153817
M8	Сэлэнгэ	16223T, 16234T, 16278T, 16311C, 16362C, 16519C, 16565T	73G, 152C, 263G, 315.1C	G2a5	
M9	Архангай	16519C.	263G, 309.1C	H	JQ705953
M10	Хөвсгөл	16223T, 16227G, 16278T, 16362C	73G, 152C, 154C, 207A, 315.1C.	G2a2a	JQ705820
M11	Дундговь	16129A, 16223T, 16252C, 16311C, 16391A, 16519C	73G, 195A, 199C, 204C, 250C.	I1	JQ245776
M12	Булган	16223T, 16245T, 16362C, 16368C, 16399C	73G, 195C, 263G, 309.1C, 315.1C	D4c2a	FJ951494
M13	Хөвсгөл	16223T, 16260T, 16298C, 16519C	73G, 152C, 227G, 309.1C, 315.1C	W1d	EF556154
M14	Говьалтай	16183C, 16189C, 16217C, 16223T, 16362C, 16519C	73G, 263G, 309.1C, 315.1C		
M15	Говьалтай	16111T, 16129A, 16223T, 16257A, 16261T.	73G, 93G, 150T, 263G, 309.1C, 315.1C	N9a1	HM589048
M16	Баянхонгор	16342C, 16519C	73G, 263G, 282C, 315.1C	U8a1a	JQ705347
M17	Баянхонгор	16183C, 16189C, 16193.1C(C), 16232A, 16249C, 16304C, 16519C	73G, 152C, A249d, 263G, 309.1C, 315.1C	F1b1c	KF849982
M18	Төв	16223T, 16257A, 16261T, 16519C	73G, 150T, 263G, 315.1C	N9a	NA18628
M19	Хэнтий	16171G, 16223T, 16311C, 16362C	73G, 263G, 315.1C	I1f	
M20	Булган	16093C, 16223T, 16274A, 16362C, 16390A, 16519C	73G, 263G, 315.1C.	G3a3	GU392096
M21	Ховд	16093C, 16223T, 16261T, 16288C, 16298C, 16519C	73G, 263G, 315.1C	C5a2a	
M22	Баянөлгий	16223T, 16286T, 16362C	73G, 263G, 309.1C, 315.1C	D4i8+	KF540701
M23	Сүхбаатар	16093C, 16172C, 16173T, 16215G, 16223T, 16319A, 16362C, 16519C	73G, 263G, 309.1C, 315.1C		
M24	Өвөрхангай	16223T, 16362C	73G, 263G, 315.1C	M6	JX462705
M25	Баянөлгий	16223T, 16227G, 16278T, 16362C	73G, 152C, 263G, 315.1C.	G2a1+152	
M26		16519C	217C, 228A, 263G, 309.1C, 315.1C, 340T		
M28	Төв	16129A, 16182C, 16183C, 16189C, 16259A, 16311C, 16358T, 16519C	61T, 64T, 73G, 263G, 309.1 C(C), 315.1C		
M29	Увс	16223T, 16298C, 16327T, 16519C	73G, 146C, 263G, 309.1C, 315.1C		
M30	Баянөлгий	16129A, 16266T, 16304C, 16519C	73G, 152C, 263G, 309.1C, 315.1C		
M31	Баянөлгий	16224C, 16311C, 16519C	73G, 146C, 263G, 315.1C	K1c1	GU936958
M34	Ховд	16192T, 16223T, 16316G, 16362C	73G, 263G, 309.1C		
M36	Дорнод	16092G, 16108G, 16223T, 16290T, 16319A, 16362C, 16519C	73G, 151T, 152C, 235G, 263G, 309.1C		
M37	Дорнод	16093C, 16195G, 16240G, 16325C, 16339G, 16519C	263G, 315.1C		
M39					
M40		16223T, 16249C, 16298C, 16327T, 16519C	73G, 195C, 263G, 315.1C.		

II.1.2 Эртний үеийн хүн

II.1.2.1 Эртний (орчин) үеийн хүний мтДНХ-ийн судлагдсан байдал

Монгол улсын газар нутгаас олдсон эртний хүмүүсийн гаплогруппүүдийн судлагдсан байдал. АНУ-ын Индиана Их Сургуулийн докторант L.Rogers-н Монгол улсын Шинжлэх Ухааны Академийн Түүх археологийн хүрээлэнтэй хамтран 2016 онд хийсэн судалгааны хүрээнд Монголын эзэнт гүрний үеийн 48 дээж, Хүннү үеийн 48 дээж, Хүрлийн үеийн 26 эртний хүний ясны дээж дээр молекул генетикийн шинжилгээ хийсэн байдаг. Шинжилгээгээр тогтоосон гаплогруппүүдийг 2-р графикт харуулав.



2-р график. А) Өвөрхангай аймгийн Хархорин сумаас олдсон Монголын эзэнт гүрний үед хамаарах 48 булшин дээр хийсэн молекул генетикийн судалгаагаар М, D, С, В, R гаплогруппүүд өндөр давтамжтай байсан. Б) Хүннү үед хамаарах Өвөрхангай, Булган, Архангай, Төв аймгуудаас олдсон 48 эртний хүмүүст Н, D, А, М, В гаплогруппүүд түгээмэл байсан В) Баянхонгор, Өвөрхангай, Булган, Архангай, Төв аймгуудаас олдсон Хүрлийн үед хамаарах 26 эртний хүмүүст Н, М, А, С зэрэг гаплогруппүүд өндөр давтамжтай гарсан байна (Rogers, 2016).

Хүннүд А, В, N, G, D5, D4a, D4, D, C, M9, M, R болон F гаплогруппүүд илэрсэн бөгөөд G, C нийтлэг шинжтэй, харин Дорнод Монголын хүннү нарт өндөр давтамжтай байжээ. C, D гаплогрупп Дорнод Монголын хүннү нарт түгээмэл байхын хамт орчин үеийн монголчуудад тархмал байдаг ажээ. Түүнчлэн, Дорнод Монголын дөрвөлжин булшны бодгаль мөн дээрх гапlobүлэгтэй байна (Түмэн нар 2017: 156,157). Бидний хийсэн судалгаагаар G2a гаплогрупп Хөвсгөл 3 аймгийн орчин үеийн нэг монгол хүнд илэрснээс гадна монголд 0.051, казахстанд 0,041 буюу ойролцоо, харин Сибирь болон Умард Азид тохиолдох давтамж баргад 0.094, буриадад 0.111, Алтай хасагт 0.093, орчонд 0.114, тожинчуудуудын дунд 0.187, корякад 0.419, чукчад 0.264, уйгурт 0.128 байх ажээ.

Монгол, Орос, Казакстан, Хятадын нутгаас олдсон булшийг малтаад молекул биологийн судалгаа хийгээд C4a1a4a гаплогрупп илэрч байжээ (хүснэгт 2, зураг12).

Хүснэгт 2. Эртний яснаас C4a1a4a, G2a гаплогруппыг илрүүлсэн байдал

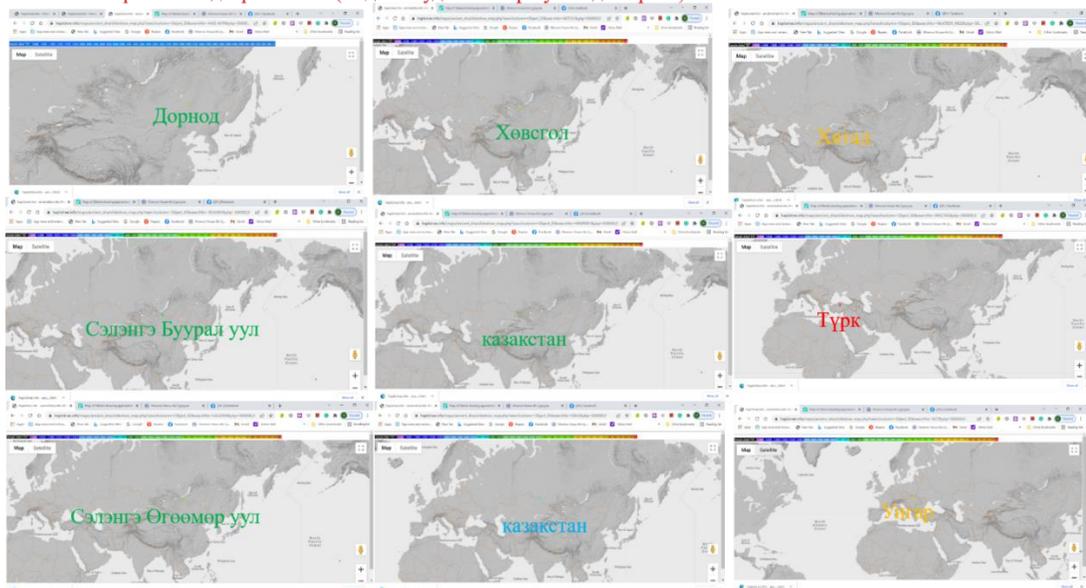
Ancient DNA: <https://ancientdna.info>. Map based on public dataset on www.haplogroup.info. (www.indo-european.eu)

Instructions: Search for an Object ID, Haplogroup or Country.

C4a1a4a Search Links 9 samples found (0.06% of all samples).

Click  to view original post in dataset or 'Object ID - Location' to show object on the map.	Y-DNA	mtDNA	Mean Age (ybp)	Country - Culture	Additional Map(s)
MGS-H7R - MGS	C-Y10428 (C2a)	C4a1a4a	1800	China - Xianbei	Show on Fennoscandia Map
SKT012 - Salkhityn.Am_Khuzsgul	J-FGC61855' (J2a)	C4a1a4a	1955	Mongolia - Early Xiongnu	Show on Fennoscandia Map
MMR001 - Maymer-II mound.1	J-Z512194 (J1a)	C4a1a4a	2550	Kazakhstan - Maymer-II_600_BCE	Show on Fennoscandia Map
AC7 - Szarvas-Kovacshalom	Q-F1096 (Q1a)	C4a1a4a	1275	Hungary - Hungary Avar Elite	Show on Fennoscandia Map
EBA2 - Sjolpan.4	()	C4a1a4a	4480	Kazakhstan - Sjolpan	Show on Fennoscandia Map
BUU001 - Buural.Uul_Selenge	()	C4a1a4a	2107	Mongolia - Late Xiongnu	Show on Fennoscandia Map
UGU004 - Uguumur.Uul_Selenge	()	C4a1a4a	1925	Mongolia - Late Xiongnu	Show on Fennoscandia Map
NLKTBSY_M22 - Tangbalesay.(NLKTBSY).Hilka County.	()	C4a1a4a	1100	China - W_HE	Show on Fennoscandia Map

Эртний олдвор C4a1a4a (Бидний судалгаагаар Булганд илэрсэн)



Зураг 12. C4a1a4a гаплогрупп тодорхойлогдсон булшны газрын зураг

Орчин үеийн Төв Ази, Баруун ба Зүүн Сибирийн монгол, түрэг болон манж, түнгүс хэлээр ярилцагч ард түмний дунд митохондрийн С гаплогрупп харьцангуй өндөр давтамжтай байдаг. Төв Ази, Баруун ба Зүүн Сибирийн монгол, түрэг болон манж, түнгүс хэлээр ярилцагч ард түмний дунд митохондрийн С гаплогрупп харьцангуй өндөр давтамжтай илэрчээ. Үүнд: Монгол УБ-47+150, Буриад-418+149, Алтай-110, Эвенк-39+18+20+27+18+24, Якут-22+164+148, Тува-48, Удэгейц-31, Кыргыз-68 (зураг 13).



Зураг13. Орчин үеийн хүнд C4 гаплогрупп тодорхойлогдсон байдал. Монгол УБ-47+150, Буриад-418+149, Алтай-110, Эвенк-39+18+20+27+18+24, Якут-22+164+148, Тува-48, Удэгейц-31, Кыркыз-68.

Монгол, Орос, Унгар, Хятадын нутгаас олдсон булшийг малгаад молекул биологийн судалгаа хийгээд G2a гаплогрупп илэрсэн байна (хүснэгт 3, зураг 14).

Хүснэгт 3. Орчин үеийн Азийн ард түмэнд G гаплогрупп өндөр давтамжтай илэрдэг байна.

Ancient DNA: <https://ancientdna.info>. Map based on public dataset on www.haplogroup.info. (www.indo-european.eu)

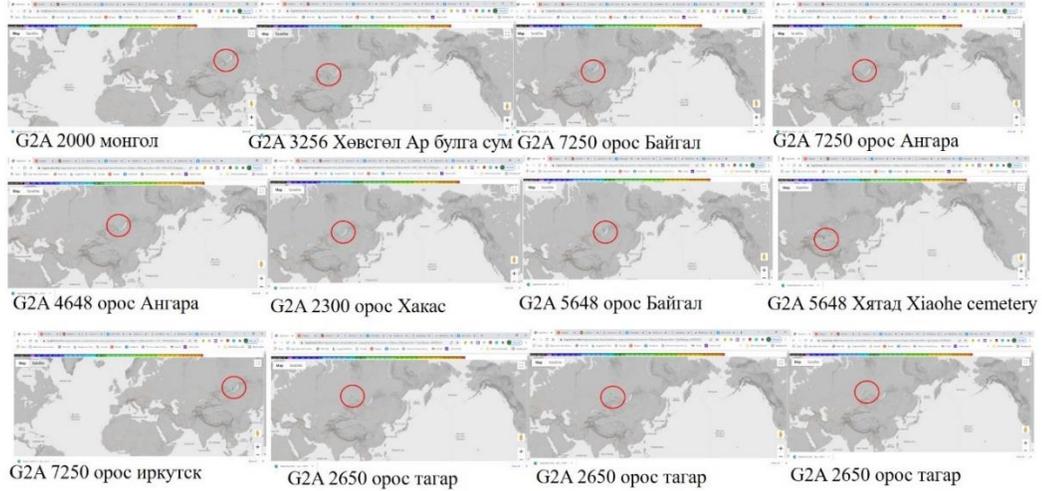
Instructions: Search for an Object_ID, Haplogroup or Country.

Search: Links 18 samples found (0.12% of all samples).

Click  to view original post in dataset or 'Object ID - Location' to show object on the map.	Y-DNA	mtDNA	Mean Age (ybp)	Country - Culture
EG25A - Fevin Gol Valley	C-M217 (C2)	G2a	2000	Mongolia - Xiongnu
LQK_1990_042 - Lokomotiv cemetery, Irkutsk	K-M9 (K)	G2a	7250	Russia - Lokomotiv_EN
SHA_2002_021_02 - Shamanka II cemetery, South Baikal	K-M9 (K)	G2a	7250	Russia - Shamanka_EN
UID_1993_043 - Ust-Ida cemetery, Angara River Valley	K-M9 (K)	G2a	4648	Russia - Ustida_LN
UID_1994_055_02 - Ust-Ida cemetery, Angara River Valley	Q-M242 (Q)	G2a	4648	Russia - Ustida_LN
S25 - Khakassia	R-M459 (R1a)	G2a	2300	Russia - Tagar/Tes
Irk067 - Cis-Baikal	I	G2a	5648	Russia - Cis-Baikal Neolithic
T18-7 - Xiaohu cemetery	I	G2a	3500	China - Tarim Mummies
HMM02 - Szepes-Othalom	I	U4a	2698	Hungary - Cis-Danube Neolithic
T18-7 - Xiaohu cemetery	I	G2a	3500	China - Tarim Mummies
AR5017 - Arbulag soum, Khövsgöl aimag	I	G2a	3256	Mongolia - Khövsgöl
T642 - Novaya Chernaya-1	I	G2a	2650	Russia - Early Tagar, Podgorovo group
T656 - Podgorovo ozero	I	G2a	2650	Russia - Early Tagar, Podgorovo group
T671 - Podgorovo ozero	I	G2a	2650	Russia - Early Tagar, Podgorovo group
A_20 - Tuvia	I	G2a	2550	Russia - Aldy-Bel
T3K07_T2A - NW Mongolia	I	G2a	2250	Mongolia - Pazyryk Mongolia
Yuansha2 - Yuansha, Xinjiang	I	G2a	2135	China - Western Han
Xianbei12 - Lamadong cemetery	I	G2a	1650	China - Three-Yan Culture of the Murong Xianbei
Xianbei7 - Lamadong cemetery	I	G2a	1650	China - Three-Yan Culture of the Murong Xianbei
G5h36_4638 - Szepes-Othalom	I	G2a	1000	Hungary - Hungary Conquest

Haplotype Information Project - [Read more about H1P on this website!](#)

Эртэний олдвор G2a (Бидний судалгаагаар Баянхонгорд илэрсэн)



Зураг 14. G2a гаплогрупп тодорхойлогдсон булшны газрын зураг



Зураг13. Орчин үеийн хүнд G2a гаплогрупп тодорхойлогдсон байдал. Монгол УБ-47+150, Буриад-418+149, Алтай-110, Эвенк-39+18+20+27+18+24, Якут-22+164+148, Тува-48, Удэгейц-31, Кыргыз-68.

Орчин үеийн хүний популяцуудад G2a гаплогрупп C бодвол өргөн тархсан байгааг 15-р зурагт харуулав. Үүнд: Монгол УБ-44, Өвөр Монгол-49+48, Халимаг-110, Буриад-99+126, Узвек-20+20+40, Казак-55+58, Төвд-44+58+29, Непаль-133, Тажик-20+44, Алтай-71, Эвенк-73, Якут-148+164+117, Тува-105, Кыргыз-48, Уйгар-47+47, Хятад-40 (хан)+45, Иран-82, Солонгос-102.

II.1.2.2 Материал арга зүй

II.1.2.2.1 Эртний үеийн хүний дээж

Энэхүү судалгаанд ашиглагдсан дээжүүд нь цаг хугацааны хувьд ялгаатай бөгөөд одоогоос 2000-3500 жилийн өмнө амьдарч байсан хүний ясны дээжүүд юм. Ясны дээжүүдийг Булган, Баянхонгор, Архангай, Дорноговь, Баян-Өлгий, Завхан, Ховд, Дорнод, Говь-Аалтай аймгуудаас олдсон эртний булшнаас авсан (Батсайхан, Амарбилэг, Содномжамц, & Баяндэлгэр, 2015) (зураг 14, хүснэгт 4).



Зураг 14. Судалгаанд ашигласан эртний хүний булш олдсон аймгуудыг газрын зурагт үзүүлэв.

Хүснэгт 4. Хүннү болон Хүрлийн үеийн булшнаас авсан эртний хүний сорьцууд.

№	Дээжийн нэр	Тэмдэглэгээ
1	Дорноговь, Айраг, Баруун цагаан дэл уул, Булш-5	а1
2	Дорноговь, Айраг, Баруун цагаан дэл уул, Булш-8	а2
3	Дорноговь, Айраг, Баруун цагаан дэл уул, Булш-25	а3
4	Булган, Хутаг өндөр, Эгийн гол, Баруун бэлсэнгийн ам, Булш-19	а4
5	Булган, Хутаг өндөр, Эгийн гол, Баруун бэлсэнгийн ам, Булш-20	а5
6	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, В-1 (зүүн талын хүн)	а8
7	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, В-5	а9
8	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, В-6	а10
9	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, Хиригсүүр Б-4	а12
10	Баянхонгор, Эрдэнэцогт, Бор шорооны ам, Sg-4 (зүүн хөл)	а14

Уг дээжүүд нь Монгол Улсын Их Сургуулийн Антропологи-Археологийн тэнхимд, тасалгааны хэмд хадгалагдаж байсан. Бид дээжүүдийг хүлээж авсан үеэсээ битүүмжлэн -20°C хэмд хадгалсан ба эртний ясны дээжүүдийг жижиглэж, цэвэрлэх, нунтаглаж бэлтгэх ажлыг Шүүхийн Шинжилгээний Үндэсний Хүрээлэнд доорх дарааллын дагуу хийж гүйцэтгэсэн. Үүнд: Эртний ясыг тусгай багаж ашиглан (SAESHIN, Strong 90 Micro-Motor) 1cm^2 хэмжээтэй болгон хөрөөдөж цагаан цайвар өнгө бүхий давхарга хүртэл гадаргууг нь үрж хальсална. Малтлага, тээвэрлэлт, хадгалалтын явцад болон ясыг хөрөөдөх, хальслах үед гадаад орчноос бусад организмын генетик материалаар бохирдсон байж болох тул жижиглэж бэлтгэсэн яснуудыг натрийн гипохлоритийн 10% уусмалаар угааж нэрмэл усаар (dH_2O) 4 дахин зайлна (Webb, *et al.*, 2008). Үүний дараа дээрх бэлтгэсэн ясыг 15мл-ийн тюттэй устөрөгчийн хэт исэлд (H_2O_2) 18 цагийн турш тасалгааны хэмд инкубацлан зөөлрүүлээд, нэрмэл усаар (dH_2O) 4 дахин зайлж мөн 0,5M EDTA-д ($\text{pH}=8$) 24 цаг инкубацлан шохойлог бодисоос салгаж, хэт ягаан туяанд 30 минут ариутгаад, хатаана (Mulligan, 2005). Шингэн азот бүхий яс нухагч машинд дээжүүдээ нунтаглаад -20°C хэмд хадгална.

II.1.2.2.2 Эртний хүний яснаас ДНХ ялгах арга зүй

Эртний яснаас ДНХ-ийг ялгахдаа Цахиурт холбогч баганын, Фенол хлороформын, Chelex-100 аргуудыг ашигласан ба доорх дарааллын дагуу ДНХ-ийг ялгасан болно.

Цахиурт холбогч баганын арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4г авч ариутгасан 15мл-н тюрбэд хийж дээр нь 1мл хандлах (экстракшн) буфер (0.01M Tris-HCl, 0.025M EDTA pH=8) нэмж 37°C хэмд 16 цаг инкубацлана. Дараагаар нь 56°C хэмд 3 цаг инкубацлаад 6000 эрг/мин хурдаар 2 минутын турш центрифугдэн тунгааж супернатантыг соруулан авч, 15мл-ийн тюрбэд урьдчилан бэлдсэн 3мл холбогч буферт (5M GuSCN, 0.025M NaCl, 0.01M Tris-HCl pH=8) нэмнэ. Уг холбогч буфер бүхий дээжийг давсны хүчлээр (37% HCl) pH=4 болтол бууруулсны дараа цахиурт холбогч багана руу (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) шилжүүлээд 8000 эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэн шингэн хэсгийг асгана. Баганаа 2мл-н цуглуулах (collection) тюрб рүү шилжүүлээд дээр нь AW1 буфер (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) 500мкл хийж 8000 эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэнэ. Баганаа шинэ 2мл-ийн цуглуулах тюрб рүү шилжүүлээд дээр нь AW2 буфер 500мкл хийж 14000 эрг/мин хурдаар 3 минутын турш центрифугдэнэ. Дахин 14000эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэнэ. Баганаа 1.5мл-ийн тюрб рүү шилжүүлж тасалгааны хэмд сайтар хатаана. Баганад холбогдсон ДНХ-г уусгаж авахдаа уг баганадаа 50мкл ионгүйжүүлсэн ус нэмж, 1 минутын турш тасалгааны хэмд инкубацлаад, 1 минутын турш 14000 эрг/мин хурдаар центрифугдэж тюрбтэй шингэнийг авч -20°C хэмд хадгална (Munoz, бас бус., 2012).

Фенол хлороформын арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4 гр авч 15мл-ийн тюрбэд хийж дээр нь 2мл хандлах буфер (0.01M Tris-HCl, 0.1M EDTA, 0,2% SDS pH=8) нэмж 37°C хэмд 1 цаг инкубацлана. Дээж дээр 1мг/мл Протейназ К нэмээд 50°C хэмд 2 цаг инкубацлана. Дээд хэсгийг соруулан авч шинэ 15мл-н тюрб уруу шилжүүлнэ. Уусмалын эзлэхүүнтэй тэнцүү хэмжээгээр фенол-хлороформ-изоамилалкохол (25:24:1) нэмж холиод 3000эрг/минутын хурдаар 5 минут центрифугдэнэ. Дээд хэсгийг болгоомжтой соруулан авч шинэ 1.5мл-ийн тюрбэд хийгээд нийт эзлэхүүний 10%-тай тэнцэх 3M натрийн ацетат (pH=5) болон нийт эзлэхүүнээс 2.5 дахин их 96% этилийн спирт нэмж сайтар холин -80°C хэмд 48 цаг инкубацлана. Дараагаар нь 10 минутын турш 8000эрг/минут хурдаар центрифугдэн шингэнийг соруулж хаян үүссэн тунадас дээр 1мл 70% этилийн спирт нэмнэ. Дахин 8 минутын турш 13000эрг/минутын хурдаар центрифугдээд этилийн спиртийг соруулж хаян, тасалгааны хэмд тунадсыг

1-2 цаг хатаана. Үүссэн тунадас дээр 50мл давхар нэрсэн ус хийж -20°C хэмд хадгална.

Chelex-100 арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4 гр авч 15мл-н тюрб рүү хийж дээр нь 2мл хандлах буфер (0.01M Tris-HCl, 0.1M EDTA, 0.2% SDS pH=8) нэмээд 37°C хэд 1 цаг инкубацлана. Дээж дээр 1мг/мл Протейназ К нэмээд 50°C хэд 2 цаг инкубацлана. Дээд хэсгийг соруулан авч шинэ 15мл-ийн тюрб рүү шилжүүлнэ. Уусмалын эзлэхүүнтэй тэнцүү хэмжээгээр фенол-хлороформ-изоамилалкохол (25:24:1) нэмж холиод 3000 эрг/минутын хурдаар 5 минут центрифугдэнэ. Дээд хэсгийг авч болгоомжтой соруулан авч шинээр дугаарласан тюрбэд хийнэ. Дараа нь уусмалын нийт эзлэхүүнд 5% байхаар Chelex-100 нэмж вортексдоно. 98°C хэд 8 минут инкубацлана. Хугацаа дууссаны дараа хэдэн секунд вортексдоод 13000эрг/минутад 6 минут центрифугдэнэ. Дээд фазыг нь авна. Авахдаа Chelex-н бөмбөлөг оруулахгүй. Хөргөгчид 4°C хэмд хадгална.

Дээрх 3 аргуудаас хамгийн үр дүнтэй арга болох Цахиурт холбогч баганын аргыг цаашид ашигласан. Цахиурт холбогч баганын аргаар болон Фенол хлороформын аргаар ялгасан дээж тус бүрийн агууламжийг спектрофотометрээр шалгахад 1-20нг/мкл хооронд хэлбэлзэж байв (5-р хүснэгт).

Орчин үеийн Монгол хүний 20 дээж нь Өвөрхангай, Булган, Дорноговь, Завхан, Дундговь, Хөвсгөл, Говь-алтай, Сэлэнгэ, Архангай, Баянхонгор, Хэнтий, Төв аймгуудаас гаралтай бөгөөд (зураг 15) цуснаас ДНХ ялгах аргын дагуу зориулалтын цомог (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) ашиглан ДНХ-үүдийг ялган авсан.



15-р зураг. Судалгаанд оролцсон нийт орчин үеийн Монгол хүмүүсийн угсаа гарвалыг газрын зурагт үзүүлэв.

II.1.2.2.3 Полимеразын гинжин урвалаар (ПГУ) олшруулах арга зүй

Орчин үеийн хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн хэт хувьсамтгай 1-р болон хэт хувьсамтгай 2-р хэсгүүдийг L15997 (5'-CACCATTAGCACCCAAA GCT-3'), H00408 (5'- CTGTTAAAAGTGCATACCGCCA -3') праймер ашиглан хамтад нь 1021хн урттай дараалалд багтаан олшруулсан (Vigilant Linda, 1989). Харин эртний дээжүүдийн зөвхөн хэт хувьсамтгай 1-р хэсгийг L15997 (5'-CACCATTAGCACCCAAA GCT-3'), L161960 (5'-CCCCATGCTTACAAGCAAGT-3') болон H16410 (5'-GAGGATGGTGGTCAAGGGAC-3'), H16401 (5'-TGATTTACGGAGGATGGTG-3') праймер ашиглан олшруулж авсан.

Урвалын холимогт мастер миксээс 10мкл (DreamTaq PCR, Master Mix 2x), L15997 праймераас 1мкл, H00408 праймераас 1мкл, дээжээс 8мкл тус тус авч ПГУ-ын машинд (Thermo scientific™, Arktik Thermal cycler) 94°C-д 2 минут; 94°C-д 20 секунд, 53°C-д 10 секунд, 72°C-д 1 минутаар 2-р циклээс 35 удаа давтан; 72°C-д 7 минут гүйцээн уртасгаад; 4°C-д хадгалах горимын дагуу урвалыг явуулсан. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг этидийн бромид (EtBr) агуулсан 1-1.5% агароз гелд гүйлгэж шалгасан. Гелнээс мтДНХ-ийн хэрчмээ ялгаж авахдаа гелээс ДНХ ялгах цомог (Bioneer, AccuPrep, Gel purification kit) ашигласан.

II.1.2.2.4 Нуклейн хүчлийн анализ

Нуклейн хүчлийн дарааллыг Солонгос улс дахь Macrogen компанийн лабораторид тогтоолгосон. Snapgene 2.3.2 программ болон mtDNAprofiler онлайн программ ашиглан rCRS-ийн жишиг дараалалтай дээжүүдээ харьцуулж мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн хэд дүгээр нуклеотид дээр өөрчлөлт байгааг тэмдэглэн, van Oven болон Kayser нарын 24275 хүний мтДНХ-ийн бүрэн дараалал дээр үндэслэн байгуулсан Phylotree.org вебсайт дээрх mtDNA tree Build 17 онлайн мэдээллийн сан дээр тулгуурлан дээжүүдийн гапlobулгүүдийг тогтоосон (Mannis van Oven, 2008). Гапlobулгүүдийг тогтоохдоо илүү нарийвчлалтай байх үүднээс хүний мтДНХ-ийн 24275 бүрэн дарааллыг татаж аван мтДНХ-ийн ангилал зүйн программ болох Harploger2 ашиглан давхар шалгасан. Мөн Mega 6 программ дээр тухайн дээж бүртэй төсөөтэй дарааллуудыг харьцуулж Neighbor Joining аргыг ашиглан Кимура 2-параметр загвараар филогенетик мод байгуулсан.

Орчин үеийн Монгол хүний мтДНХ-ийн хэт хувьсамтгай хэсгүүдийн дарааллыг эртний хүнийхтэй харьцуулахдаа Mega6 программ ашиглан Maximum Likelihood аргаар филогенетикийн модыг байгуулсан.

II.1.2.3 Үр дүн

II.1.2.3.1 Эртний хүний яснаас ДНХ ялгасан үр дүн

Эртний хүний яснаас (зураг 16) ДНХ ялгах цахиурт холбогч баганын болон Фенол хлороформын аргаар ялгасан 33 эртний ясны дээж тус бүрийн (Хавсралт 1) ДНХ-ийн агууламжийг спектрофотометр ашиглан тодорхойлов (хүснэгт 5).

Эртний дээжүүдээс Цахиуртай холбогч баганын болон Фенол хлороформын аргаар нийт геномын ДНХ-ийг ялгахад цэвэршилтийн хувьд эхний арга нь үр дүнтэй байснаас гадна ПГУ-ыг ижил нөхцөлд явуулахад Цахиуртай холбогч баганын аргаар ялгасан дээжүүдэд мтДНХ-ийн хяналтын хэсэг амжилттай олширч байсан. Chelex 100 аргаар эртний дээжээс ДНХ ялган авч мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн 1-р хувьсамтгай хэсэг дээр ПГУ явуулан 1%-ийн агароз гельд гүйлгэн шалгахад ямар нэгэн хэрчим илрээгүй тул цахиуртай холбогч баганын аргаар үлдсэн эртний дээжүүдээс нийт

геномын ДНХ-ийг ялгасан. Цахиуртай холбогч баганын аргаар ялгасан эртний дээжүүдийн ДНХ-ийн агууламж дунджаар 1-20нг/мкл хооронд байв.



Зураг 16. а7-р дээж болох Баянхонгор аймгийн Өлзийт сумын Хар сайрын амнаас олдсон хүрлийн үеийн булш. 18-25 насны 2 эрэгтэйг хамтад нь оршуулсан байдал.

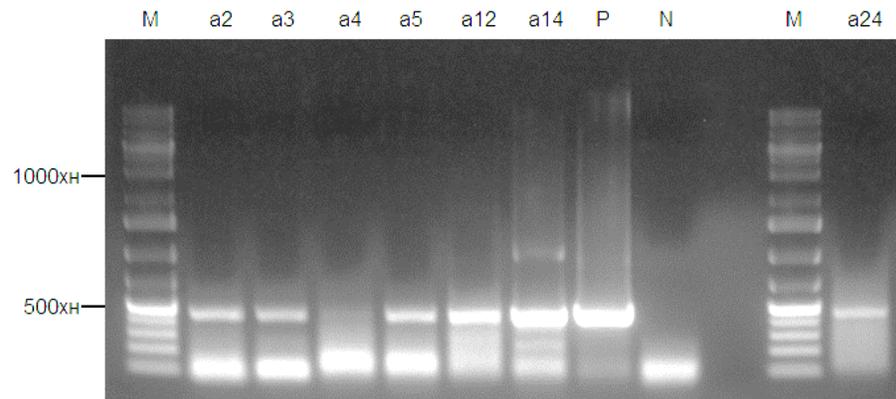
Хүснэгт 5. Цахиурт холбогч баганын болон Фенол хлороформын аргаар ялгасан эртний дээж тус бүрийн агууламжийг спектрофотометрээр шалгасан дүн.

Дээж №	Нас (жил)	Цахиуртай холбогч баганын арга			Фенол хлороформын арга		
		Хэмжээ(нг/мкл)	260/280нм	260/230нм	Хэмжээ(нг/мкл)	260/280нм	260/230нм
1	~ 800	1.4	-2,81	0,01	-1.7	-0.18	-0.71
2	~ 800	2,1	18,97	0,06	64.1	1.18	0.44
3	~ 800	18,5	6,29	0,67	-8.9	228.84	1.15
4	~ 2000	1	-0,63	0,16	-4.5	-1.21	-0.43
5	~ 2000	1,3	-2,9	0,15	55.9	1.11	0.43
6	~ 2000	1,5	-0,6	0,04	10.1	1.6	0.3
7	~ 3500	13,1	1,61	0,29			
8	~ 3500	21,6	1,82	0,65			
9	~ 3500	3,1	5,77	0,24			
10	~ 3500	1,6	0,53	0,01			
11	~ 3500	5	1,63	0,11			
12	~ 3500	1,9	11,82	0,05			
13	~ 3500	9,8	2,11	0,09			
14	~ 3500	2,9	0,95	0,04	40.5	1.28	1.64
20	~ 1400	9,2	-2,5	0,01			
21	~ 2000	13,3	1,85	0,2			
22	~ 800	5,2	-3,27	0,01			
23	~ 3500	4,6	-1,75	0,02			
24	~ 3500	-2,8	0,34	-0,01			
25	~ 3500	3,2	-0,48	0,04			
26	~ 3500	19,1	1,36	0,04			
27	~ 3500	12,4	1,95	0,02			
28	~ 3500	-33,4	1,34	-0,07			
29	~ 3500	15,2	5,34	0,02			
30	~ 3500	18,2	1,41	0,03			
31	~ 3500	20,4	0,97	0,05			
32	~ 3500	5,3	1,61	0,07			
33	~ 800	9,4	1,02	0,01			

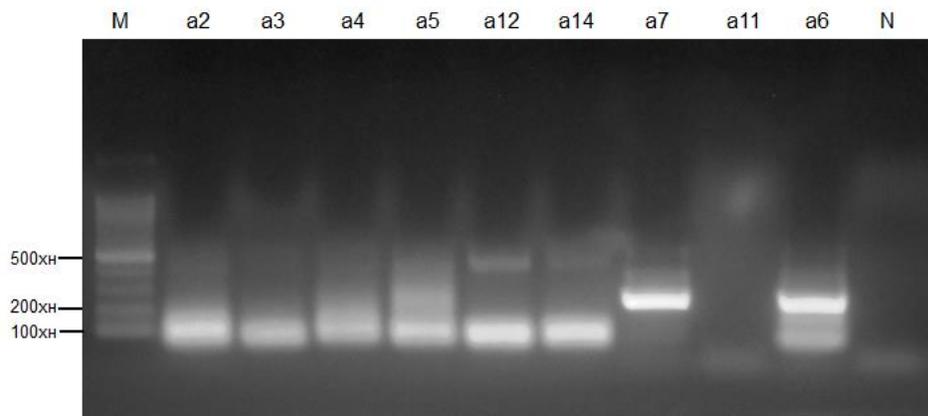
II.1.2.3.2 Полимеразын гинжин урвалын (ПГУ) үр дүн

Эртний булшнаас олдсон хүний ясны мтДНХ-ийн ПГУ-ын үр дүн

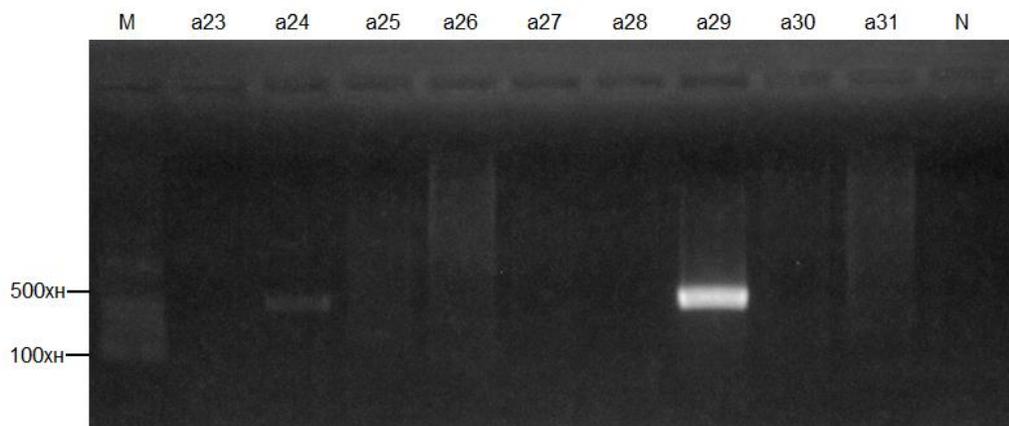
Булган, Баянхонгор, Завхан аймгуудаас олдсон эртний булшнаас авсан хүний ясны а2-5, а12, а14, а24-р дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа хэт хувьсамтгай 1-р хэсгийг нь mtL15997/mtH16410 праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 433хн болсон. а4-с бусад дээжүүдийн мтДНХ-ийн 1-р хувьсамтгай хэсэг амжилттай олширсон. Эерэг хяналтаар орчин үеийн хүний m1-р дээжийг ашигласан (зураг 17-19)



Зураг 17. Эртний хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ПГУ-ын бүтээгдэхүүн. М-Маркер, а2-5, а12, а14, а24 эртний дээжүүд, Р- эерэг хяналт, N-сөрөг хяналт.



Зураг 18. Эртний хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ПГУ-ын бүтээгдэхүүн. М-Маркер, а2-5, а12, а7, а11, а6 эртний дээжүүд, N-сөрөг хяналт.



Зураг 19. Эртний хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ПГУ-ын бүтээгдэхүүн. М-Маркер, а23-31 эртний дээжүүд, N-сөрөг хяналт.

Эртний а2-5, а12, а14-р дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа хэт хувьсамтгай 2-р хэсгийг нь mtL00029/mtH00408 праймераар олшруулахад Баянхонгор аймгаас олдсон хүрлийн үеийн булшны а12 болон а14-р дээжүүд дээр 422 хн урттай ПГУ-ын бүтээгдэхүүн үүссэн. а7, а11-р дээжийн мтДНХ-ийн 1-р хувьсамтгай хэсгийг mtL16190/mtH16401 праймераар, а6-р дээжийн мтДНХ-ийн 1-р хувьсамтгай хэсгийг mtL16190/mtH16410 праймераар олшруулахад Булган аймгийн хүннү үеийн булшнаас авсан а6-р дээжид 221хн урттай, Баянхонгор аймгаас олдсон хүрлийн үеийн булшнаас авсан а7-р дээжид 231хн урттай ПГУ-ын бүтээгдэхүүн тус тус үүссэн (зураг 18).

Говь-Алтай, Завхан, Булган аймгуудаас олдсон эртний булшнаас авсан хүний ясны а23-31-р дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн хэт хувьсамтгай 1-р хэсгийг mtL15997/mtH16410 праймераар олшруулсан. Үр дүнд нь Завхан аймгаас олдсон хиргисүүрийн а24, Булган аймгаас олдсон дөрвөлжин булшны а29-р дээжүүдийн мтДНХ-ийн 1-р хувьсамтгай хэсэг амжилттай олширсон (зураг 19).

Нийт 33 эртний дээжээс ДНХ-ийг ялгаж, мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахаар ПГУ тавьсанаас 9 эртний дээжид хяналтын хэсгийн 1-р хувьсамтгай хэсгийг амжилттай олшруулсан (6-р хүснэгт).

Хүснэгт 6. Эртний дээжүүдийн ПГУ-ын үр дүн

№	Дээжийн дугаар	Эртний дээжүүдийн дурсгалын хаяг	Нас (жил)	L15997/ H16410 (433bp)	L16190/ H16401 (231bp)	L16190/ H16410 (221bp)
1	a2	Дорноговь, Айраг, Баруун цагаан дэл уул, Булш-8	800	+		
2	a3	Дорноговь, Айраг, Баруун цагаан дэл уул, Булш-25	800	+		
3	a5	Булган, Хутаг өндөр, Эгийн гол, Баруун бэлсэнгийн ам, Булш-20	2000	+		
4	a6	Булган, Хутаг өндөр, Эгийн гол, Баруун бэлсэнгийн ам, Булш-29	2000			+
5	a7	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, В-1 (баруун талын хүн)	3500		+	
6	a12	Баянхонгор, Өлзийт, Их суваргын хөндий, Булган уул SG-1 (шоргоолжин булш)	3500	+		
7	a14	Баянхонгор, Эрдэнэцогт, Бор шорооны ам, Sg-4 (зүүн хөл)	3500	+		
8	a24	Завхан, Тосонцэнгэл, Хиргисүүр, тоногдсон булш	3500	+		
9	a29	Булган, Хутаг Өндөр, Уургын гол Eg UG8	3500	+		

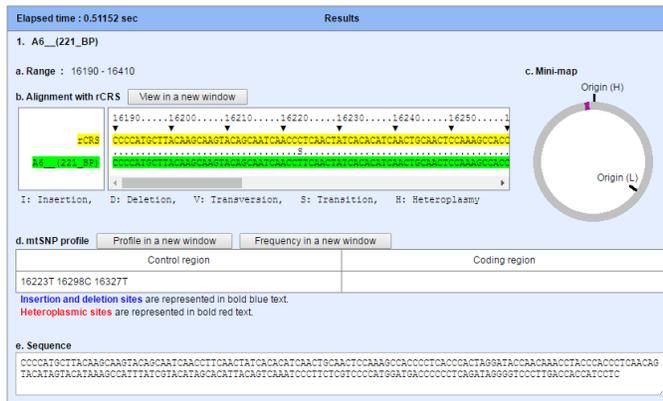
II.1.2.3.3 Нуклейн хүчлийн шинжилгээ

Дээрхи 9 эртний дээжээс А6, А7, А29-р дээжүүдийн нуклеотидын дарааллыг тогтоосон (зураг 20).

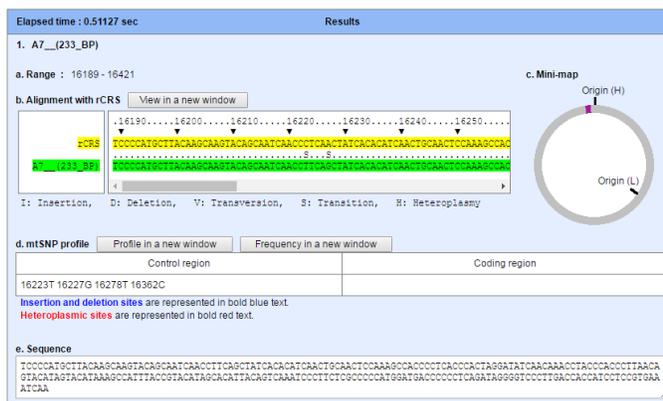


Зураг 20. А7-р дээжийн электроферограм

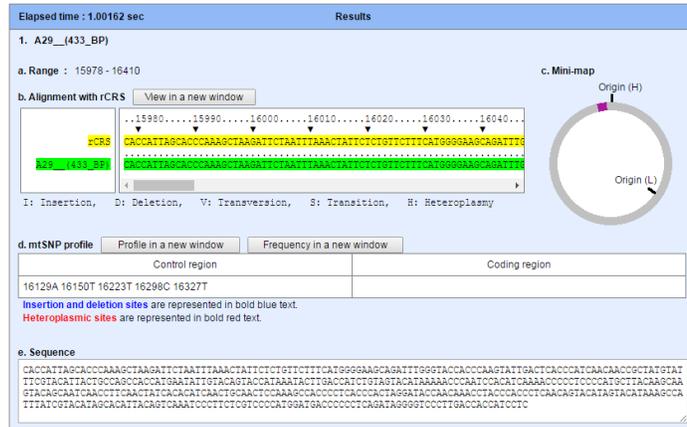
mtDNAprofiler онлайн програм ашиглан Кембрижийн жишиг дараалалтай харьцуулж ялгаатай нуклеотидын байрлалыг илрүүлсэн (зураг 20-23). А6 буюу Булган аймгийн Хутаг өндөр сумаас олдсон Хүннү үед хамаарах эртний хүний мтДНХ-ийн 16223Т (16223-р нуклеотид Тиминээр солигдсон), 16298Ц, 16327Т болж өөрлөгдсөн байсан. А7 буюу Баянхонгор аймгийн Өлзийт сумаас олдсон хамтад нь оршуулсан 2 хүний баруун талын хүний мтДНХ-ийн 16223Т, 16227Г, 16278Т, 16362Ц-р өөрчлөлттэй байсан бол А29 буюу Булганы Хутаг өндөр сумаас олдсон Хүрлийн үеийн эртний хүний мтДНХ дээр 16129А, 16150Т, 16223Т, 16298Ц, 16327Т гэсэн өөрчлөлтүүд гарсан (зураг 23).



Зураг 21. А6-р дээжийн урт 221хн **а)** Хамрах хүрээ нь мтДНХ-ийн 16190-16410-р нуклеотидууд **б)** Кембрижийн жишиг дараалалтай харьцуулсан хэсэг **с)** мтДНХ-ийн аль хэсэгт таарч буйг харуулсан зураг **д)** Хяналтын эсвэл кодлогч хэсгүүдтэй харьцуулахад гарсан ялгаа хэд дүгээр нуклеотид дээр байгааг үзүүлэв **е)** А6-р дээжийн нуклеотидын дараалал.



Зураг 22. А7-р дээжийн урт 233хн **а)** Хамрах хүрээ нь мтДНХ-ийн 16189-16421-р нуклеотидууд **б)** Кембрижийн жишиг дараалалтай харьцуулсан хэсэг **с)** мтДНХ-ийн аль хэсэгт таарч буйг харуулсан зураг **д)** Хяналтын эсвэл кодлогч хэсгүүдтэй харьцуулахад гарсан ялгаа хэд дүгээр нуклеотид дээр байгааг үзүүлэв **е)** А7-р дээжийн нуклеотидын дараалал



Зураг 23. A29-р дээжийн урт 433хн **а)** Хамрах хүрээ нь мтДНХ-ийн 15978-16410-р нуклеотидууд **б)** Кембриджийн жишиг дараалалтай харьцуулсан хэсэг **с)** мтДНХ-ийн аль хэсэгт таарч буйг харуулсан зураг **д)** Хяналтын эсвэл кодлогч хэсгүүдтэй харьцуулахад гарсан ялгаа хэд дүгээр нуклеотид дээр байгааг үзүүлэв **е)** A29-р дээжийн нуклеотидын дараалал.

mtDNA tree Build 17 онлайн мэдээллийн сан дээрээс дээжийн нуклеотидын ялгаа тус бүрээр хайлт хийн тохирох гапlobүлгүүдийг тодорхойлсон (хүснэгт7). Он цагийн хувьд хоорондоо хол зөрүүтэй ч Булган аймгаас олдсон А6, А29-р дээжүүд С4 гапlobүлэгт хамаарч байхад Баянхонгор аймгаас олдсон А7-р дээж G2a гапlobүлэгт хамаарч байсан.

Хүснэгт 7. Эртний дээжүүдийн гапlobүлгийг тогтоосон үр дүн

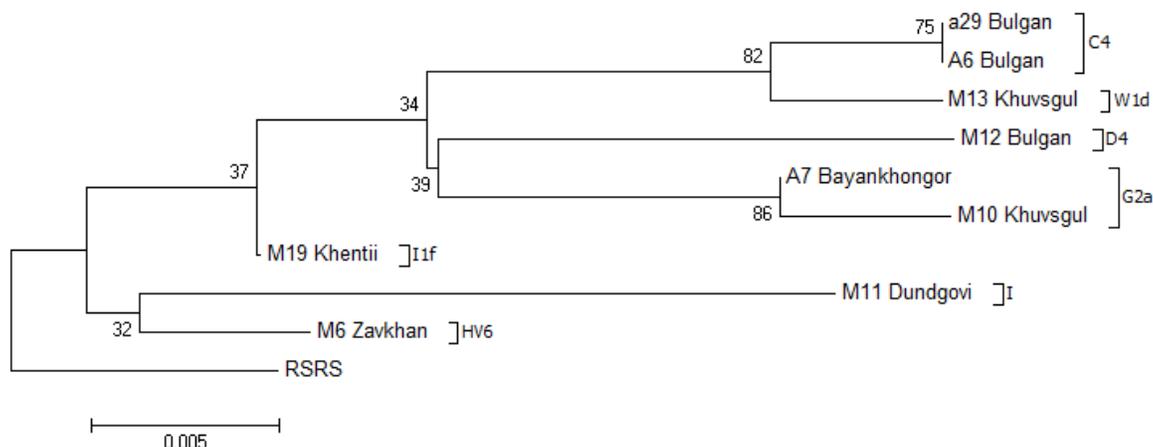
№	Хамрах хүрээ	Полиморфизм XX1					Гаплогрупп
		16223T	16298C	16327T			
A6	16190-16410	16223T	16298C	16327T			C4a1a4a
A7	16190-16401	16223T	16227G	16362C	16278T		G2a
A29	15997-16410	16129A	16150T	16223T	16298C	16327T	C4a1a4a

Орчин үеийн Монгол хүний дээжүүдээс 6 дээжийн нуклеотидын дарааллыг тогтоож, гапlobүлгүүдийг эртний дээжүүдтэй ижил аргаар тогтоосон (мод байгуулахад) (хүснэгт8).

Хүснэгт 8. Орчин үеийн Монгол хүний гаплогруппүүдийг тогтоосон дүн

№	Полиморфизм XX1										Гаплогрупп
M6	16172C	16311C	16519C								HV6
M10	16117A	16223T	16227G	16278T	16301G	16362C	16496T	16512C	16547T		G2a
M11	16129A	16223T	16252C	16276A	16311C	16339A	16391A	16496A	16512C	16519C	I
M12	16223T	16245T	16362C	16368C	16399C						D4c2
M13	16223T	16260T	16298C	16496C	16519C						W1d
M19	16171G	16223T	16311C	16362C							I1f

Орчин үеийн Монгол хүний болон эртний хүний нуклеотидын дарааллыг Mega 6 програм ашиглан Maximum Likelihood аргын Кимура 2 параметрт загвараар филогенетикийн мод байгуулав (зураг 24). Филогенетикийн мод байгуулахдаа RSRS жишиг дарааллыг үндэс болгон авсан. Зургаас харахад M10 болон A7-р дээжүүд нь ижил гаплогрупптэй тул нэг кластерт орсон нь харагдаж байна. Эртний A6 болон A29-р дээжүүд ижил гаплогрупптэй тул мөн адил нэг кластер үүсгэж байна.



Зураг 24. Орчин үеийн Монгол болон эртний хүний мтДНХ-ийн хяналтын хэсэг дээр Maximum likelihood аргаар байгуулсан филогенетикийн мод

II.1.2.4 Хэлэлцүүлэг

a29-р дээж болох Булган аймгийн Хутаг өндөр сумаас олдсон хүрлийн үеийн дөрвөлжин булшнаас авсан хүний ясанд мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн 433хн урттай ПГУ-ын бүтээгдэхүүн үүссэн (19-р зураг). Булган аймгаас олдсон Хүннү болон Хүрлийн үеийн эртний дээжүүд болох Булган аймгийн Хутаг өндөр сумаас олдсон хүннүгийн үед хамаарах A6, хүрлийн үед хамаарах A29-р эртний дээжүүдэд илэрсэн “C4” гаплогрупп нь Зүүн хойд азид түгээмэл бөгөөд монголчуудад 16% давтамжтай байдаг (10,11,12). Судалгаанд ашигласан орчин үеийн 6 монгол хүний нуклеотидын

дарааллыг эртний 3 дээжтэй харьцуулж Mega 6.0 программ дээр Maximim likelihood аргаар филогенетикийн мод байгуулахад нэг гаплогруппд хамаарч буй дээжүүд болох Хөвсгөлийн M10 болон Баянхонгороос олдсон Хүрлийн үеийн дээж болох A7-р дээжүүд нэг кластерт мөн Булган аймгаас олдсон эртний A6, A29-р дээжүүд хамтдаа нэг кластер үүсгэсэн. Энэ судалгаагаар Завхан, Хэнтий, Хөвсгөл, Булган, Дундговь аймгаас гаралтай нийт 6 орчин үеийн Монгол хүний мтДНХ-ийн гаплогруппыг тогтооход HV6, G2a, I, D4c2, W1d, I1f гаплогруппүүд илэрсэн. Завханаас гаралтай M6-р дээжид илэрсэн HV гаплогрупп бол R0 гаплогруппээс уламжлалтай бөгөөд H болон V гаплогруппүүдийг агуулдаг. Энэ гаплогрупп Азийн баруун хэсгээр, Европын зүүн өмнөд хэсэг, Африкийн хойд хэсгүүдээр өргөн тархсан байдаг. Хөвсгөлийн M10 болон Баянхонгороос гаралтай эртний A7-р дээжүүдэд илэрсэн G гаплогрупп бол Зүүн Азид зонхилдог гаплогрупп. Япон, Солонгос, Монгол, Төвдүүдэд маш өндөр давтамжтай илэрдэг. 2009 онд 47 монголчуудад хийгдсэн судалгаагаар 17% нь G гаплогрупптэй байсан (Han-Jun Jin, 2009) (зураг 25). Мөн Kolman, Derenko, Yao нарын судалгааны дүнг нэгтгэсэн графикаас харахад (1-р график Г) G гаплогрупп 11% давтамжтай байсан. Дундговь аймгийн M11, Хэнтий аймгийн M19-р дээжүүдэд илэрсэн I гаплогрупп нь Европ, Баруун азид маш ихээр тархсан. Тэр дундаа Кени улсын Элмолчуудад 23% давтамжтай байдаг. Монголчуудад хийсэн судалгаагаар (1-р график Г) маш бага давтамжтай илэрч байсан. Булган аймгийн M12 дээжид илэрсэн D гаплогрупп нь Зүүн хойд азид болон Төв азид ихээр тархсан байдгаас гадна тэр дундаа D4 нь Япон, Солонгос, Монголчуудад түгээмэл тохиолддог. Мөн Буриад, Хамниган, Халимаг, Казак, Теленгитүүдэд D4 гаплогрупп өндөр давтамжтай байдаг. Хөвсгөлийн M13 дээжид илэрсэн W гаплогрупп нь Европ, Азийн баруун болон өмнөд хэсэгт их тохиолддог. Булган аймгаас олдсон Хүннү болон Хүрлийн үеийн эртний дээжүүд болох A6, A29-р дээжүүдэд илэрсэн C4 гаплогрупп нь Зүүн хойд азид түгээмэл бөгөөд монголчуудад 16% давтамжтай байдаг (1-р график Г) (зураг 25). Монгол орноос олдсон эртний хүний дээжүүд дээр хийсэн Rogers-ийн судалгаагаар Өвөрхангай, Архангай, Булган, Төв аймгуудийн хэд хэдэн сумдуудаас олдсон Хүннүгийн үеийн булшнуудийн гаплогруппүүдийг давтамжийг шалгахад H болон D гаплогруппүүд 17%, A гаплогрупп 15%, B, M гаплогруппүүд 8%, R гаплогрупп 6%, C, G, T, J гаплогруппүүд 4%, үлдсэн 12%-ийг HV, N, U, V, W, Y, Z гаплогруппүүд үүсгэсэн (2-р график Б).

Мөн Хүрлийн үед хамаарах булшнуудийн гаплогруппын давтамжийг тооцоход Н гаплогрупп 35%, М гаплогрупп 23%, А гаплогрупп 12%, С гаплогрупп 8% байсан ба К, N, R, Z, В, D, G гаплогруппүүд үлдсэн 22%-ийг бүрдүүлж байсан (2-р график В). Судалгаанд ашигласан орчин үеийн 6 монгол хүний нуклеотидын дарааллыг эртний 3 дээжтэй харьцуулж Mega 6.0 порграмм дээр Maximim likelihood аргаар филогенетикийн мод байгуулахад нэг гаплогруппд хамаарч буй дээжүүд болох Хөвсгөлийн M10 болон Баянхонгороос олдсон Хүрлийн үеийн дээж болох А7-р дээжүүд нэг кластерт багтсан. Мөн Булган аймгаас олдсон эртний А6, А29-р дээжүүд хамтдаа нэг кластер үүсгэсэн.



Зураг 25. G2a гаплогруппын газар зүйн тархалт



Зураг 26. C4 гаплогруппын газар зүйн тархалт

Бид Баянхонгорын Бор шорооны ам, Хар сайрын амын хиргисүүр болон хиргисүүрийн цогцолбор дахь дөрвөлжин хэлбэрт булшны дээжээр палеогенетикийн

судалгаа хийж байгаа ба зарим нэг үр дүн гарсан байна. Бор шорооны амын ДНХ–ийн дээжийг түүхэн өөр цаг үе болон орчин үеийн монголчуудтай харьцуулсан филогенетикийн анализын үр дүнгээс харахад дээрх Бор шорооны ам болон Дорноговийн Хар айрагийн XIII-XIV зууны монгол булш болон Говь- Алтайн орчин үеийн хүмүүсийн хооронд генетик холбоо байгааг тогтоосон нь маш чухал үр дүн юм. Бидний судалгаа юуны өмнө хиргисүүр буган хөшөөний соёлыг тээгчдийн угсаа гарвальд өмнө өгүүлсэн шалтгаанаар онцгойлон анхаарч байгаа юм. Баруун болон Төв Монголын хиргисүүрийн соёлыг тээгчид, одоогийн байдлаар евразийн баруун бүсийн гентэй байгаа хэдий ч морфологийн хувьд монгол ба монгол, европ завсарын хэв шинж зонхилж 5 байгааг тогтоосон нь манай судалгааны ажлын нэгэн гол үр дүн болно. Гэхдээ Монголын түүхийн нэгэн чухал үе, хиргисүүрийн соёлыг тээгчдийн палеоантропологи болон палеогенетикийн судалгаа эхлэлийн төдий байна.

Ухаа худагийн түрүүлгэ нь харуулан оршуулдаг соёлынхоны C5 гагло бүлгийг тээгчид үр удмаа үлдээх хэмжээний хүн амтай байжээ (13). Манай судалгаанд орсон Баянхонгор аймгийн Түйн голын хөндий, Булган уулын баруун талд малтан судалсан шоргоолжин булшны бодгаль хүрлийн үе, дундад эртний монгол болон орчин үеийн монголчуудаас хол тусдаа кластер болж байгаа нь түрүүлгэ нь харуулан оршуулдаг соёлынхон ойролцоо цаг үеийн бусад соёлын хүн амаас угсаа гарвалийн хувьд өөр байж болохоор байна. Түрүүлгэ нь харуулан оршуулдаг соёлынхон хиргисүүрийн соёлын тэлэлт, газар нутгийн түрэмгийлэлийн улмаас зарим хэсэг нь ургаш нүүж хятадын Инь, Жоу улсад дагаар орж оршуулагын зан үйлийн этгээд хэлбэрээ тээж очсон бол үлдсэн хэсэг нь хиргисүүрийн соёлынхонд бүрэн эзлэгдсэн бололтой. Сүүлийн үед “дөрвөн хөшөөт” гэж нэрлэж буй хиргисүүр маягын зарим булшнаас түрүүлэг нь харуулсан оршуулага гарч байгаа нь (13) дээрх таамагыг дэвшүүлэх үндэс болох бөгөөд дараа нь дөрвөлжин булшт соёлын хүн амын дотор бүрэн уусан шингэжээ гэж үзэлтэй.

Тохиолдолын байдлаар сонгон авсан оюутнуудын ДНХ дээжид хийсэн судалгаагаар Хөвсгөл аймгийн нэг оюутан W1d, Завханы өөр нэг оюутан HV6 гагло бүлгийг тээгч байлаа. Өмнөх судалгаанд бүртгэгдээгүй HV ялангуяа, W, I зэрэг бага тархалттай гагло бүлэг орчин үеийн монголд байгааг тогтоосон нь уг ажлын нэгэн чухал үр дүн болох бөгөөд одоогоор Хөвсгөл, Завхан, Хэнтий болон Дундговь зэрэг аймгийн 7 оюутны 4 нь Баруун Ази ба европчуудын дунд илүү өргөн тархсан дээр

дурдсан гапло бүлгийг тээгчид, үлдсэн 3 нь A, C, D, G гэх мэт Дорнод болон Төв Азид өндөр давтамжтай гений санг тээгчид болж байгаа нь ерөнхийдээ хүннү нарын хүн амын бүтэц бүрэлдэхүүнийг эрхгүй санагдуулж байна.

II.1.2.4 Дүгнэлт

Завхан, Хэнтий, Хөвсгөл, Булган, Дундговь аймгаас гаралтай нийт зургаан орчин үеийн Монгол хүний мтДНХ-ийн гаплогруппыг тогтооход 16 гаплогрупп илэрсэн. HV, W, I гапlobүлэг нь Европ, Баруун азид, D болон G гаплогрупп нь Төв ази, Зүүн азийн хэсгээр тархсан байдаг. Европын зүүн өмнөд хэсэг, Төв болон баруун азийн хэсгүүд мөн Африкийн хойд хэсгүүдээр тархсан гаплогруппүүд нь орчин үеийн Монгол хүмүүсийн дунд илэрч байгаа нь генетикийн хувьд маш олон янз баялаг болохыг харуулж байна.

Хүннүгийн (a6) болон хүрлийн (a29) үед хамаарах Булган аймгийн нутгаас олдсон цаг хугацааны хувьд ялгаатай эртний 2 хүний хүний мтДНХ-д хийсэн молекул генетикийн шинжилгээгээр зүүн хойд азид өргөн тархсан C4a1a4a гаплогрупп илэрсэн бөгөөд хэдийгээр 1500 жилийн зөрүүтэй ч ижил гаплогруппд хамаарч байгаа нь тухайн нутаг дэвсгэрт байнгын оршин сууж байсныг илэрхийлж байж болох юм. Хүрлийн үед хамаарах Баянхонгор аймгийн Өлзийт сумын нутгаас олдсон (a7) булшны хүний гаплогрупп нь зүүн болон төв азид өргөн тархсан G2a байна. Хүннүд A, B, C, N, G, D5, D4, D4a, D, M9, M, R болон F гаплогрупп илэрсэн бөгөөд G, C нийтлэг шинжтэй, харин Дорнод Монголын хүннү нарт өндөр давтамжтай байжээ. C, D гаплогрупп Дорнод Монголын хүннү нарт түгээмэл байхын хамт орчин үеийн монголчуудад тархмал байдаг ажээ. Бидний судалгаагаар орчин үеийн Монголчуудад Хүннүд илэрдэг R-аас (бусад судлаачдын судалгаагаар илэрдэг) бусад бүх гаплотип илэрсэн. Хүннүгийн гүрэн нь олон гарал үүсэлтэй омгуудаас бүртгэж байсан гэдэг нь генетикийн судалгаагаар харагдаж байна.

Хүннүүчүүдийн Археологийн ясаны олдворт илэрсэн гаплогруппүүд өнөө цагийн Монголчуудад бүгд илэрсэн. Археологийн олдвор болон түүхэн баримт бичгээр орчин цагийн Монголчууд нь Хүннүүчүүдийн үр сад мөн гэдэг нь уг генетикийн судалгаагаар давхар батлагдаж байна.

Хавсралт 2

Дээжийн дугаар	Эртний дээжүүдийн дурсгалын хаяг	Булшны төрөл	Дээжийн төрөл
1	Дорноговь, Айраг, Баруун цагаан дэл уул, Булш-5	Монгол булш	яс
2	Дорноговь, Айраг, Баруун цагаан дэл уул, Булш-8	Монгол булш	яс
3	Дорноговь, Айраг, Баруун цагаан дэл уул, Булш-25	Монгол булш	яс
4	Булган, Хутаг өндөр, Эгийн гол, Баруун бэлсэнгийн ам, Булш-19	Хүннү булш	яс
5	Булган, Хутаг өндөр, Эгийн гол, Баруун бэлсэнгийн ам, Булш-20	Хүннү булш	яс
6	Булган, Хутаг өндөр, Эгийн гол, Баруун бэлсэнгийн ам, Булш-29	Хүннү булш	яс
7	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, В-1 (баруун талын хүн)	Хүрлийн үеийн булш	яс
8	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, В-1 (зүүн талын хүн)	Хүрлийн үеийн булш	яс
9	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, В-5	Хүрлийн үеийн булш	яс
10	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, В-6	Хүрлийн үеийн булш	яс/эр
11	Баянхонгор, Өлзийт, Хар сайрын ам, Хиргисүүр Б-4	Хиргисүүр	яс
12	Баянхонгор, Өлзийт, Их суваргын хөндий, Булган уул SG-1	Шоргоолжин булш	яс/хүүхэд
13	Баянхонгор, Өлзийт, Тэмээн хүзүүний гол, Мааньт уул, Sg-1	Хүрлийн үеийн булш	яс
14	Баянхонгор, Эрдэнэцогт, Бор шорооны ам, Sg-4 (зүүн хөл)	Дөрвөлжин булш хиргисүүртэй	яс
15	Баянхонгор, Бөмбөгөр, Арцат дэлийн хадны оршуулга	Хадны оршуулга	яс
16	Архангай, Хотонт, Олон дов, 26-р булш	Бунхант оршуулга	яс
17	Баян-Өлгий, Цэнгэл, цуурхай уул	Монгол булш	яс
18	Ховд, Мянгат, улаан үнээтийн хадны оршуулга	Хадны оршуулга	яс
19	Завхан, Шилүүстэй, Шүүтийн хадны оршуулга	Хадны оршуулга	яс

Дээжийн дугаар	Эртний дээжүүдийн дурсгалын хаяг	Булшны төрөл	Дээжийн төрөл
20	Архангай, Өгий нуур, Тамирын улаан хошуу, Булш-03086535293602	Хүннү булш	яс
21	Булган, Дашинчилэн, Заан хошуу, ZK-M2		яс
22	Дорнод, Хөлөнбуйр, Өгөөмөр, Цуврал уул, Булш-1 АТ-572	Монгол булш	яс
23	Говь-алтай, Алтай хот, морьтой оршуулга		яс
24	Завхан, Тосонцэнгэл, Хиргисүүр, тоногдсон булш	Дөрвөлжин 4буландаа хөшөөтэй	яс
25	Булган, Хутаг Өндөр, Дархан уул Egdu076	Хиргисүүр	яс
26	Булган, Хутаг Өндөр, Дархан уул Egdu076T10	Дөрвөлжин булш	яс
27	Булган, Хутаг Өндөр, Дархан уул EgDU076-T11	Дөрвөлжин булш	яс
28	Булган, Хутаг Өндөр, Уургын гол Egug 072	Дөрвөлжин булш	яс
29	Булган, Хутаг Өндөр, Уургын гол Eg UG8	Дөрвөлжин булш	яс
30	Булган, Хутаг Өндөр, Уургын гол UG1 (1-066)	Дөрвөлжин булш	яс
31	Булган, Хутаг Өндөр, Уургын гол 1-067	Дөрвөлжин булш	яс
32	Булган, Бугат сум, Улаан хошуу	Хиргисүүр	яс
33	Булган, Хутаг Өндөр, Шар могойтын дэнж EgSMT1	Монгол булш	яс

Ном зүй

1. A.C. Stone, M. Stoneking, Analysis of ancient DNA from a prehistoric American cemetery, *Philos. Trans. R. Soc. Lond.*, B. 354 (1999) 153-159.
2. T.Schuletes, S. Hummel, B. Hermmann, Ancient DNA typing approaches for the determination of kinship in a disturbed collective burial site, *Anthropol. Anz.* 58 (2000) 37-44.
3. E. Crubezy, C. Masset, E. Lorans, F. Perrin, L. Tranoy, *Archelologie funeraire*, Errance, France, 2000.
4. Minajev SS (1996) *Les Xiongnu. Dossiers d'Archelologie* 212: 74-85.
5. Marx. I. The Xiongnu culture – third century BCE (Silk-Road June 12, 2000).
6. Behar D. M., van Oven, M., Rosset. A “copernican” reassessment of the human mitochondrial DNA tree from its root. *The American Journal of Human Genetics.* 2012:675-684B
7. Munoz., Maria de Lourdes. Extraction and Electrophoresis of DNA from the Remains of Mexican Ancient Populations. *Gel Electrophoresis - Advanced Technique.* Rijeka: InTech, 2012:479-499.
8. Behar D. M., van Oven, M., Rosset. A “copernican” reassessment of the human mitochondrial DNA tree from its root. *The American Journal of Human Genetics.* 2012:675-684.
9. Yong-Gang Yao., Qing-Peng Kong., Cheng-Ye Wang. Different Matrilineal Contributions to Genetic Structure of Ethnic Groups in the Silk Road Region in China. *Molecular Biology and Evolution.* 2004:2265-2280.
10. Connie J. K., Nyamkhishig S., Eldredge B. Mitochondrial DNA Analysis of Mongolian Populations and Implications for the Origin of New World Founders. *Genetics.* 1996:1321-1334.
11. Derenko M.V., Lunkina A.V., Malyarchuk B. A. Restriction Polymorphism of Mitochondrial DNA in Koreans and Mongolians. *Russian journal of Genetics.* 2004:1292–1299.
12. Yong-Gang Yao., Qing-Peng Kong., Cheng-Ye Wang. Different Matrilineal Contributions to Genetic Structure of Ethnic Groups in the Silk Road Region in China. *Molecular Biology and Evolution.* 2004:2265-2280.
13. Гантулга, 2014 – Гантулга Ж. Хүрэл, түрүү төмрийн үеийн оршуулгын дурсгалын нэр томъёоны асуудалд. Хүрэл, түрүү төмрийн үе ба хүннүгийн өмнөх соёлын судалгааны асуудал // ЭШБХИЭ. УБ., 2014. т. 20-33

II.1.2.5 Археологийн Судалгаа

II.1.2.5.1 МОНГОЛЫН ХОЖУУ ХҮРЛИЙН ҮЕИЙН СОЁЛЫН АСУУДАЛ БА ХҮН АМЫН БҮРЭЛДЭХҮҮН

Өгүүлэлд хүрлийн хожуу үеийн хиргисүүр, буган хөшөөний соёл болон дөрвөлжин булшт соёлын анхаарал татсан зарим асуудал болон хүн амын бүтэц бүрэлдэхүүнийг палеогенетикийн өгөгдөхүүнээр судалсан эхний үр дүнг танилцуулж байна. Хүрлийн хожуу үед бүс нутгийн чанартай ойрын болон дундын шилжилт хөдөлгөөн нь тухайн үеийн археологийн соёлын өвөрмөгц тал соёлын нийтлэг бий болох нэг хүчин зүйл болсон ба янз бүрийн үүсэл гаралтай угсаатны бүлгүүд соёлын хувьд ижилсэн уусах үйл явц эрчимжсэн ажээ. Судалгаанаас үзэхэд монголын хүрлийн хожуу үеийн угсаатны бүлгүүдийн тодорхой хэсэг нь хожмын хүн амын үндэс суурь болсон байна.

Монголын энеолит болон хүрлийн түрүү үеийг төлөөлөх гол дурсгалын нэг бол афанасьевийн соёл болно. Уг соёлын дурсгалуудыг анх 1927 онд Хакасын Афанасьев ууланд илрүүлэн судалжээ. Афанасьевийн соёлын ихэнх булшууд НТӨ 32-25 оны үед холбогдож байгаа ба зарим нэг булшны он цаг НТӨ 39-р зуун хүртэл ургашлах боломжтой байгаа ажээ. Харин суурингууд нь НТӨ V мянганы заагт дөхөж очиж байгаа тухай судалгааны зарим бүтээлд дурдажээ. Афанасьевийн соёлын нийтлэгийн дурсгалууд Енисейн эх, Өмнөд Сибирь, Хакас-Минусын хотгор, Орос Алтай, Дорнод Казахстан, Шиньжан болон Баруун Монголоос Хангайн нуруу хүртэлх газар нутагт тархсан байна. Афанасьевчууд бол Дорнод Европоос гаралтай нүхэн булшт соёлынхон бөгөөд Уул Алтай, Енисейн дунд биед ирж суурьшсан эртний өвөг европ төрхтөнүүд гэж олонх судлаачид үздэг боловч сүүлийн үеийн судалгаа нүхэн булшт соёлынхон афанасьевчуудын цорын ганц өвөг дээдэс байсан гэдгийг үгүйсгэж байна. Учир нь Дорнод Европын бүх эртний оршин суугчид нутгийн уугуул иргэд биш ажээ (14). Нөгөө талаас палеогенетикийн судалгаагаар афанасьевчууд Y- хромсомын R1a, N1 гаплогрупп бүлэг, митохондрин J2a2a, T2c1a2, U5a1a1 (32), хакасын афанасьевийн бодгаль Y хромсомын R1b, монголын афанасьевийн бодгаль Q гаплогрупп бүлэгт хамаарч байгаа нь гарал үүслийн хувьд нэгдмэл биш болохыг харуулж байна. Энд европ төрхтөний гаплогрупп бүлэг зонхилж байгаа боловч Баян-Өлгий аймгийн Цагаан голын Алтан толгойн афанасьевийн

булшны бодгаль монгол, европ холимог гентэй байсан нь ижилсэн уусах үйл явц хүрлийн түрүү үеэс эхэлсэн гэдгийг харуулж байна (19).

Афанасьевчуудын шилжилт хөдөлгөөн, аж ахуй, соёлын зарим нэг дэвшилтэт зүйлийг дагуулан авч ирсэн бөгөөд Төв Ази түүний хөрш зэргэлдээх бүс нутагт мал аж ахуйн үндэс суурийг тавьж, төмөрлөгийн салбарын хөгжилд түлхэц үзүүлсэн байна. Хүрлийн үеийн хожмын окунев, карасук болон хиргисүүр, буган хөшөөний соёл үүсэн бий болоход афанасьевчууд ямар нэг хэмжээгээр оролцсоноос гадна тухайн бүс нутагт монгол, европ төрхтөний холбоо сүлбээ хөгжлийн эхний үе шатанд тавигдсан байж болох ажээ (1).

Хүрлийн хожуу үеийн эхэнд монголын говь, тал хээр болон ойт хээрийн бүсэд хүн ам жигд тархан сууж, мал аж ахуй давамгайлах салбар болж, үйлдвэрлэх аж ахуйд шилжин орох үйл явц дуусгавар болсон байна. Монголын говь, тал хээрийн бүсэд хүрлийн дунд үеэс үзэгдэж эхэлсэн түрүүлгээ нь харуулан оршуулдаг соёл мөхөхийн хамт хиргисүүр, буган хөшөөний соёл, арай хожуухан дөрвөлжин булшт соёл шинээр гарч нийлмэл бүтэц зохион байгуулалттай оршуулгын байгууламж, сүрлэг том хөшөө босгох гэх мэт археологийн дурсгалууд өөрчлөгдөж эхэлсэн байна. Энэ нь илүү нарийн бүтэц, зохион байгуулалттай нийгэмд дэвшин орсныг харуулахын хамт социаль ялгаа гарч хүн ам нийгмийн янз бүрийн давхраанд хуваагдах болсны илрэл юм. Шилжилт хөдөлгөөн тасралтгүй үргэлжилж бүс нутгийн хүрээний археологийн соёлд ижил төстэй зэр зэвсэг, гоёл чимэглэлийн зүйлс нэг газраас нөгөөд дэлгэрч байсан ажээ.

Үүний хамт овог аймгуудын хооронд нутаг, бэлчээрийн төлөө тэмцэл мөргөлдөөн үе үе гарах болсон нь хүрлийн хожуу үеийн хадны зурагт тусгагдсан байх ба буган чулуун хөшөөнд нум сумнаас гадна урт матга, ооль, сүх маягийн зэвсэг дүрсэлсэн байдаг нь тухайн үед өргөн дэлгэрсэн тулааны гол зэвсэг болж байсан ажээ.

Хиргисүүр, буган хөшөөний соёл бол хүрлийн хожуу үеийн монголын төдийгүй бүс нутгийн хэмжээний зүйрлэшгүй том соёлын голомт юм. Хиргисүүр монголын баруун зах хязгаараас эхлээд Сүхбаатар аймгийн баруун талын Түвшинширээ сумын нутаг хүртэл өргөн тархсан дурсгал болно. Хиргисүүрийн соёлын хүрээнд дугуй ба дөрвөлжин хүрээтэй хоёр үндсэн хэв шинжээс гадна 4

хөшөөтэй хүрээгүй дугуй болон дөрвөн буландаа 4 хөшөөтэй дөрвөлжин, мөн дунджаар 5 метр орчим голчтой овгор дугуй булш зэргийг хиргисүүрийн нэг хэв шинжийн дурсгал гэж үзэж байсан боловч сүүлийн жилүүдэд хийсэн малталт судалгаанд тулгуурлан 4 хөшөөтэй дугуй ба дөрвөлжин булшийг бие даасан “дөрвөн хөшөөт булш” хэмээн нэрлэх санал дэвшүүлжээ. Он цагийн хувьд НТӨ 1500-980 он гэж гарсан байна. Дөрвөн хөшөөт булшинд хүүрийг 30-40 см гүехэн нүхэнд эсвэл эртний өнгөн хөрсөн дээр баруун, зүүн хажуу, дээш харуулан тэнэгэр байдлаар болон түрүүлгээ нь харуулан тавьж хээтэй, хээгүй ваар савны хагархай, чулуун зэвсэг зэргийг дагуулан тавьдаг ажээ. Палеоантропологийн судалгааны урьдчилсан үр дүнгээр Баруун Монголын 2 булшны гавал европ, Орог нуурын 2 булшны гавал монгол, Тамирын голын Хөрөөгийн үзүүрийн 5 булшны гавал монгол төрхийн эмэгтэйчүүд байжээ (9). Хиргисүүрийн талбайд хамт байдаг өөр нэг хэв шинжийн булш бол 5 метр орчим голчтой дугуй булш болно. Түйн голын Цагаан сайр, эндээс 3 км зайтай Хар сайрын аманд хоёр булш малтахад эртний өнгөн хөрсийг 20-30 см орчим гүехэн ухааж хүүрийн толгойг баруун зүг чиглүүлэн, гарыг бие дагуулан, хөлийг жийлгэн тавьж дөрвөлжин чулуун хашлага хийж оршуулах ажээ. Булшинд ямар нэг эд өлгө тавиагүй. Булшны нүхийг 3-4 том хавтгай чулуугаар таглаж, үлдсэн хэсгийг багавтар чулуугаар дүүргэж, эцэст нь гадна талаар нь хавтгай чулуу тойруулж дэрлүүлэн өрж тавьсан байна. Цагаан сайрын булш тоногдож эвдрээгүй боловч хүний хоёр шилбэ байхгүй байлаа. Булшны хашлага чулууны хэмжээг үзэхэд шилбэгүй биенд тааруулан өрсөнөөс үзэхэд оршуулгын өмнө өвдөгөөр нь салгасан нь тодорхой байна. Хар сайрын аманд малтан судалсан дөрвөлжин хүрээтэй багавтар хиргисүүрийн хүүрний баруун шилбийг мөн өвдөгөөр нь салгаж, зүүн гуян дээр нь хөндлөн тавьж орхисноос үзэхэд хөл салгаж оршуулах этгээд ёс заншил байсан бололтой.

Хар сайрын дугуй булшны дараасыг цэвэрлэх явцад Бор шорооны дөрвөлжин хэлбэрт булшнаас олдсонтой адил ваарны хагархай гарч байна. Уг булшинд хоёр хүнийг баруун зүг харуулан оршуулжээ. Баруун талын хүний яснаас ДНХ-ын дээж авч МУИС-ийн функциональ геномиксний лабораторид Монголд анх удаа эртний хүний митохондр гаплогруппыг тодорхойлох судалгаа хийсэн бөгөөд хийсэн судалгаагаар тухайн бодгаль евразийн зүүн бүс нутгийн митохондрын G2a гаплогруппыг бүлэгтэй байлаа. Түүнчлэн, Дорнод Монголын дөрвөлжин булшны бодгал мөн дээрх

гапло бүлэгтэй байна (21). Бидний хийсэн судалгаагаар G2a гапло бүлэг Хөвсгөл 3 аймгийн орчин үеийн нэг монгол хүнд илэрсэнээс гадна монголд 0.051, казахстанд 0,041 буюу ойролцоо, харин Сибир болон Умард Азид тохиолдох давтамж баргад 0.094, буриадад 0.111, Алтай хасагт 0.093, орчонд 0.114, тожинчуудуудын дунд 0.187, корякад 0.419, чукчад 0.264, уйгурт 0.128 байх ажээ. Дараагийн онцлон дурдах ёстой хэв шинжийн булш бол Эгийн голын Холтост нугад малтан судлахад 5 м орчим дугуй чулуун дараасын дор зууван дугуй хашлага дотор баруун хойд зүгт толгойг нь чиглүүлж тавьсан ямар нэг эд өлгө дагуулаагүй хүүхдийн оршуулга гарч байлаа. Үүнтэй төстэй дугуй хэлбэртэй, том чулуу тойруулан өрж дунд нь чулуу дүүргэсэн хавтгайдуу булш монголын баруун болон төв нутгаар элбэг тохиолдох боловч мөн л хиргисүүр бүхий талбайд холилдон байх нь түгмээмэл ажиглагдана. Эгийн голын Уургын голын хөндийд дугуйвтар хэлбэртэй байсан бололтой 9 м орчим голчтой булшийг малтан судлахад хүний хэсэг бусад яс, ардаа сэнжтэй, хүрээ нь хэрчлээсэн хээтэй 10 ш хүрэл товруу гарсан байна. Үүнтэй ижил төстэй хүрэл товруу Монгол болон Өвөр Байгалийн дөрвөлжин булшнаас олдож байжээ. Дээр өгүүлсэн лабораторид хийсэн судалгаагаар тухайн булшны бодгаль C4a1a4a гапло бүлэгтэй байгаа бөгөөд Эгийн голын Баруун Бэлсэгийн 29-р хүннү булшны бодгальтай яг адил гарсан байна. Хэдийгээр хүрлийн сүүл болон хүннүгийн үе хүртэл хэдэн зуун жилийн зааг байгаа боловч тухайн гений санг тээгч угсаатны бүлэг олон зууны турш тодорхой газар нутгийн хүрээнд тогтвортой оршин сууж ирсэнийг харуулах чухал баримт болж байна. Орчин үеийн Төв Ази, Баруун ба Зүүн Сибирийн монгол, түрэг болон манж, түнгүс хэлээр ярилцагч ард түмний дунд митохондрын C гапло харьцангуй өндөр давтамжтай байдаг.

Өмнө өгүүлсэн янз бүрийн хэв шинжийн булшууд эд өлгө тавьдаггүй, хүүрийн толгойг баруун зүг чиглүүлэн тэнэгэр байдалтай тавих болон хөшөө чулуу түүний хувьсан өөрлөгдсөн хэлбэр гэж үзэж болохуйц хиргисүүрийн дөрвөлжин хүрээний өнцөгийн чулуун овоо зэрэг нийтлэг талууд давамгайлаж байдаг ба ялгаатай тал нь зөвхөн булшны гадаад хэлбэрт оршиж байна. Хиргисүүртэй холбон үзэх өөр нэг анхааралд өртөж байдаг онцлог бол хиргисүүртэй талбайд хамт нэг цогц болж оршиж байдаг, цаг хугацааны хувьд ч ойролцоо үед оршин байсныг харгалзан үзэх хэрэгтэй. Эдгээр олон хэв шинжийн булшны бүтэц зохион байгуулалтын онцлогыг илэрхийлэх оновчтой нэр томъёо бий болгох шаардлага байгаа боловч он

цагийн хувьд бие даасан хэв шинж, хэлбэр гэж үзэх үү аль эсвэл хиргисүүрийн нэг дэд хэв шинж гэж үзэх үү гэдэг асуудал чухал юм.

Дээрх олон хэлбэрийн ялгааг үүсгэгч учир шалтгааныг судлаачид он цаг болон хиргисүүрийн соёлыг тээгчдийн гарал үүсэл ба нийгмийн ялгаатай холбоотой байж болох юм гэж үзсэн байдаг боловч одоогоор ямар нэг дүгнэлт хийх хангалттай материал бий болоогүй байна. Ер нь хүрлийн үеийн бүх соёлд ажиглагдаж байгаа гол онцлог бол нэг соёлын хүрээнд нийтлэг тал байхын хамт 2-3, магадгүй түүнээс олон хэлбэр, хэв шинжийн булшууд байгаа юм. Энэ онцлог афанасьевийн соёлын үеэс эхлэн ажиглагдсан бөгөөд Монгол, Тува болон Хакасын афанасьевийн булш бүх шинж тэмдгээрээ ялгаатай болох тухай судлаачид бичсэн байна. Үүнээс үзвэл хүрлийн түрүү үеэс эхлээд тухайн соёлын нийтлэг бүрдэн бий болоход хэл, эдийн ба утга соёлын хувьд бие биеэсээ ялгаатай монгол, европ төрхтөний угсаатны бүлгүүд шинэ нөхцөлд зохицон амьдрах болсонтой холбоотой бололтой. Харин он цагийн ялгаа гэж тайлбарлах боломж харагдахгүй байна.

Хиргисүүрийн үүсэл гарваль бас л маргаантай асуудлын нэг юм. А.Д. Цыбиктаров Монгол, Тувагийн афанасьевийн хэв шинжийн дурсгалууд болон Тувагийн Мөнгөн тайгын дурсгал хоёрын хооронд тод биш боловч генетик холбоо байгааг дурдахын хамт хиргисүүр, Мөнгөн тайгын материалыг задлан шинжилж үзсэний эцэст хиргисүүр, буган хөшөөний соёл төмөрлөгийн түрүү үеийн монгол, тувагийн афанасьевийн соёлын нийтлэгийн хувилбарын үндсэнд бий болсон бололтой гэж үзсэн (23). Ю.С. Худяков хиргисүүр, 4 буган хөшөөний соёл “хөгжингүй хүрлийн үед үүсэн, хөгжиж дэлгэрсэн. Бидний төсөөллөөр анхдагч бүс нутаг нь Баруун Монгол байж болно (22) гэсэн нь үзэл баримтлалын хувьд ойролцоо байгаа юм. Үүний зэрэгцээ К.В.Чугунов хиргисүүрийн соёлын уламжлалыг НТӨ III-II мянган жилийн заагт Өмнөд Уралын нутагт бий болсон синташтын соёлд үүсэн гарч петровск, андроновын овог аймгуудад тархан, цаашлаад Төв Ази, Өвөр Байгаль болон Зүүн Хойд Монгол хүртэл дэлгэрсэн гэж үзсэн (24) бол А.А.Ковалев буган хөшөөний үүслийг Хойд Хятадын Ганьсу-Цинхайн бүсэд анх бий болсон (13) гэж үзсэнийг уг асуудлыг тухайлан судалсан А.Д.Цыбиктаров хангалттай үндэслэлд тулгуурлаагүй болохыг тэмдэглэсэн байна (23). Гэвч Ковалевын судалгааг бүхэлд нь огт харгалзалгүй өнгөрч болохгүй бөгөөд харин буган хөшөөний үүслийн тухай асуудалыг Ганьсу- Цинхайн соёлтой холбох үзэх нь эргэлзээтэй байж магадгүй.

Афанасьевийн соёл болон Мөнгөн тайга, хиргисүүрийн соёлуудын хооронд булшны хүрээ цагираг, эд өлгө дагуулдаггүй гэх мэт зарим нэг төстэй тал байгаа хэдий ч дээрх соёлуудыг наад зах нь мянга гаруй жил зааглаж байгаа тул шууд харьцуулан үзэх нь учир дутагдалтай. Харин афанасьевчуудын удам хойчис оролцсон байх бүрэн боломжтой. Хүрлийн хожуу үед тус бүс нутагт үйлдвэрлэх аж ахуйд шилжин орох үйл явц дуусгавар болж мал аж ахуй, эдийн засгийн зонхилох салбар болж нүүдлийн мал аж ахуйд шилжин орох эхлэл тавигдахын хамт түүнд тохирсон шинэ соёл, үзэл санаа бий болж тэр нь хожмын нүүдэлчдэд уламжлагдан хөгжсөн юм. Гагцхүү хиргисүүрийн соёлыг тээгчдийн угсаа гарвалын асуудал өнөөдрийг хүртэл судалгааны эхлэлийн шатанд байна. Буриадад хиргисүүрээс гарсан гавал байгаа боловч хэмжилт судалгаа хийгээгүй ажээ. Харин Өлзийт 3-ын (Буриад) гавлыг И.И.Гохман дөрвөлжин булсныхтай төстэй монгол төрхтөн гэж тодорхойлсон бол Хужиртын (Буриад) хиргисүүрийн гавлыг харьцангуй хавтгай нүүртэй боловч хамрын яс огцом өндөр, цогц шинж тэмдгээрээ монгол, европ төрхтөний завсарын төрхтэй гэж тодорхойлсан ажээ (10). Түүнчлэн, Баруун Монголд В.В.Волковын малталтаас гарсан 3 (Мөнгөн тайга) гавал эрлийз хүмүүсийнх байсан (2) ба Хужиртын гавалтай “гайхалтай адилхан” байжээ (10). Орос болон Буриад улсад хийсэн хиргисүүрийн ясанд хийсэн судалгаа үүгээр хязгаарлагдаж байна. Монголд 90-ээд оноос хойш хиргисүүрийн судалгаа харьцангуй эрчимжиж, энэ хугацаанд ойролцоогоор 150-170 орчим хиргисүүрийг малтан судалж цөөнгүй гавал олсон боловч тухайлан судалсан дорвитой бүтээл гараагүй байна. 2004-2007 онд Хөвсгөл аймгийн Бүрэнтогтох суманд хиргисүүрийн судалгаа хийсэн тухай өгүүлэлд тэндээс гарсан гавлууд ерөнхийдөө монгол төрхтөн байсан тухай Дэвид Хантын (David Hunt) судалгааг иш татсан байна (3). Түүнчлэн, Увс, Баян-Өлгий, Баянхонгор болон Булган аймгаас олдсон хиргисүүрийн 9 гавалд (1 афанасьев) хийсэн хэмжилт судалгаагаар 7 нь бөөрөнхийвтөр болон данхар толгойтой хавтгайдуу нүүр, гол төлөв намхавтар хамартай, босоо духтай монголжуу төрхтөнүүд байжээ (7).

Бид Баянхонгорын Бор шорооны ам, Хар сайрын амын хиргисүүр болон хиргисүүрийн цогцолбор дахь дөрвөлжин хэлбэрт булшны дээжээр палеогенетикийн судалгаа хийж байгаа ба зарим нэг үр дүн гарсан байна. Бор шорооны амын ДНХ-ийн дээжийг түүхэн өөр цаг үе болон орчин үеийн монголчуудтай харьцуулсан филогенетикийн анализын үр дүнгээс харахад дээрх Бор шорооны ам болон

Дорноговийн Хар айрагийн XIII-XIV зууны монгол булш болон Говь- Алтайн орчин үеийн хүмүүсийн хооронд генетик холбоо байгааг тогтоосон нь маш чухал үр дүн юм. “Монголын эртний нүүдэлчдийн угсаа гарвацийн залгамж холбоо төсөл”-ийн хийж буй судалгаа юуны өмнө хиргисүүр буган хөшөөний соёлыг тээгчдийн угсаа гарвальд өмнө өгүүлсэн шалтгаанаар онцгойлон анхаарч байгаа юм. Баруун болон Төв Монголын хиргисүүрийн соёлыг тээгчид, одоогийн байдлаар евразийн баруун бүсийн гентэй байгаа хэдий ч морфологийн хувьд монгол ба монгол, европ завсарын хэв шинж зонхилж 5 байгааг тогтоосон нь манай судалгааны ажлын нэгэн гол үр дүн болно. Гэхдээ Монголын түүхийн нэгэн чухал үе, хиргисүүрийн соёлыг тээгчдийн палеоантропологи болон палеогенетикийн судалгаа эхлэлийн төдий байна.

Сүүлийн жилүүдэд Баруун Монголын олон тооны дурсгалуудын дотроос хиргисүүртэй олон талаараа төстэй булшийг ялган Сагсай хэлбэрийн дурсгал гэж томъёолсон байна (19). Уг дурсгал НТӨ 1500-800 оны үед холбогдох боловч ихэнх хэсэг нь НТӨ II мянганы үеийнх болох бөгөөд үндсэндээ хиргисүүртэй нэг цаг үеийн дурсгал ажээ. Сагсайн булшны палеогенетикийн судалгаа хүрлийн үеийн Монгол Алтайн хүн амын нэгэн адил дорно болон өрнийн холимог шинжтэй байсан ба зарим бодгаль хөх нүдтэй, цайвар үстэй байжээ. Үүнээс гадна хоёр алслагдсан газрын булшны бодгаль гений холбоотой байсныг тогтоосноос гадна нэг оршуулгын газрын хоёр өөр хэв шинжийн булшны бодгаль удмын холбоотойг тогтоожээ (34, 19). Хүрлийн хожуу үед монгол, европ төрхтөн ижилсэн уусах үйл явц эрчимтэй явагдаж эхэлсэн бөгөөд тухайн үеийн олон соёлын хүн амыг тодорхойлох гол шинж тэмдэг болсон байна.

Хиргисүүр, буган хөшөөны соёл ялангуяа, буган хөшөөнд дүрсэлсэн зэр зэвсгийн зүйлийг карасук хэв шинжтэй гэж олонх судлаачид үздэг учир зарим нэг зүйлийг зайлшгүй тодруулах шаардлага байгаа юм.

Хиргисүүртэй нэг цаг үеийн дурсгал бол Минусын хотгороор төвлөрсөн карасукийн хэмээх соёл болно. Нэгэн үе карасукийн соёл буюу соёлын нийтлэгийн хүрээнд Ойрх Дорнод, Төв Европоос Хар мөрөн, Солонгос хүртэлх газар нутагт тархсан хүрэл зэр зэвсэг, гоёл чимэглэлийг хэв шинжит карасук эдлэл гэж хэт хавтгайруулан үзэж байсан бол сүүлийн үеийн судалгаа энэхүү үнэмлэхүй соёлыг олон талаар няцааж байна. Өнгөрсөн зууны 80-90 оны хооронд евразийн тал нутаг

болон ойт хээрийн бүсийн хүрлийн хожуу үеийн оршуулгын зан үйл, шавар сав суулга зэрэг нь карасукийн соёлын нөлөөгөөр бий болсон гэх чиг хандлагыг үгүйсгэсэн олон бүтээл дараалан гарсан байна. Хамгийн гол нь “карасукийн”, “сонгодог карасукийн” болон “карасук хэв шинжит” гэж тодорхойлдог гол төлөв түүврээр олдсон хүрэл хутга, матга зэрэг зэвсгүүд карасукийн цогцолбор дурсгалаас одоо болтол олноогүй байна (22).

Монгол, Ар Байгалиас олдсон карасукийн гэх их хэмжээний түүвэр хэрэглэгдэхүүн дээр түшиглэн уг соёлын үүслийг зүүн өмнө зүгээс гаралтай гэж үзэх хандлага байдаг ба Умард Хятад, Өвөр Монголд карасук маягийн түүвэр олдвор элбэг байх төдийгүй булшны малталт судалгаагаар илэрсэн байна. Судлаач Э.А.Новгородова дээрх өргөн хүрээтэй газар нутгийг илүү тодорхой болгож карасукийн соёл Монголын умардад хаа нэгтээ үүсэн бий болсон ба чухам тэнд карасукийн хүрлийн үйлдвэрлэлийн төв байсан гэж үзсэн. Эндээс карасукчууд хэдэн чиглэлээр нүүж нэг хэсэг нь хойд зүгт Минусын хотгор хүрч хожуу андроновчуудтай холилдсон бол Минусын өмнөдөд үлдсэн хэсэг нь окуневын соёлын зарим нэг зүйлийг хүлээн авчээ. Эцэст нь нэг бүлэг нь дорно зүгт “карасукийн хэв шинжит” хүрэл олон тоогоор олдож буй хятадын умард болон баруун мужуудын чигт нүүсэн тухай таамаглал дэвшүүлсэн байдаг. Судлаачид карасукийн соёлын үүслийн тухай олон тооны онолоос хамгийн илүү үндэслэлтэй нь гэж дүгнэжээ (17). Хиргисүүр, буган хөшөөний соёл нь Баруун Монголд үүсэн бий болж дараа нь Алтай, Тува, Өвөр Байгаль, Дорнод Туркестан, Дорнод Монгол хүртэл тархан нөлөөлсөн юм. Уг соёлынхны дайн тулааны үйл ажиллагаатай холбоотой карасукийн хэв шинжийн гэж судлаачид нэрлэдэг зэр зэвсэг бий болсон (18). Гэхдээ хиргисүүр, буган хөшөөний соёлыг тээгчид бол карасукчууд биш гэдэг нь ойлгомжтой бөгөөд ийнхүү өргөн утгаар хэрэглэх нь нөхцөл байдалтай огт нийцэхгүй байгаа юм. Өнөөдрийг хүртэл энэхүү өргөн хүрээтэй том соёлын хүн амын угсаа гарваль төдийлөн тодорхойгүй байгаа ба цөөн хэдэн судалгаанаас харахад Баруун Монголд европ болон монгол-б европ завсарын төрхтөн, Төв Монголд монгол төрхтөн давамгайлж байгаа дүр зураг ажиглагдаж байгаа ба (3, 6, 19, 9, 7) үүнийг сүүлийн жилүүдэд зохион явуулж буй судалгаа нотлож байна.

Палеоантропологийн судалгааны хэрэглэгдэхүүнээс үзвэл хүрлийн хожуу үед Төв Азийн тал нутгаас Өмнөд Сибирьт шинэ оршин суугчид шилжин ирсэн (8)

бөгөөд тэд наад зах нь хадны зургийн зарим дүр дүрслэлийн сэдвийг тус бүс нутагт тээж очжээ. Нөгөө талаас монголын зарим овог аймгууд нүүх болсон шалтгаан нь өмнө болон зүүн өмнө зүгээс ирсэн шилжилт хөдөлгөөнд шахагдан дайжсантай холбоотой байж болох юм. Тал нутагтай холбоотой хятадын умардын соёлын нэг бол сяцядяны соёл болно. Уг соёлын доод үе давхарга нь газар тариалангийн соёлын онцлог шинж төрхтэй байсан бол дээд үе давхаргын оршин суугчид мал аж ахуй эрхлэх болсон ба малталтаас евразийн амьтны загварт урлагийн хэв маягаар хийсэн хүрэл эдлэлүүд гарах болжээ. Доод Сяцядяны соёлд Шар мөрний хөндийгөөс гаралтай Y хромсомын O3-M122 болон O3, O3a хоёр өөр гапло бүлгийн дэд хэв шинжүүд зонхилж байсан бол дараагийн үеэс N1c, C3e гэх умардын гапло бүлэг анх удаа үзэгдэж эхэлсэн байна. Түүнчлэн, Баруун Ляо голын хөндийгөөс зүүн хойш орших Jinggouzi гэх дурсгалт газар, Dashangian-тай (сяцядянь) ойролцоо цаг үед (3000-2500 BP) умардын малчин овог аймгуудад эзлэгдсэн ажээ. Жингоузигийн бүх дээж C3e байгаа юм (30). Үүнээс үзвэл дээрх гапло бүлгийг тээгч малчин нүүдэлчин овог, аймгууд өмнө зүгт шилжин суурьшиж Умард Хятадын зарим соёлын аж ахуй, угсаатны бүрэлдэхүүн өөрчлөгдөх үндэс болсон байна. Гагцхүү N1c, C3e гапло бүлэг Төв Азийн тухайн үеийн археологийн ямар соёлтой холбогдох нь төдийлөн тодорхойгүй байгаа боловч И.И.Кириллов нар Өвөр Байгалын дворцовын соёл болон сяцядяны соёлын хооронд далавчаа дэлгэсэн махчин шувууны дүрс гэх мэт зарим нэг ижил төстэй тал байдаг тухай дурджээ (12). C3 гарплогрупп Монгол, Ойрад, Халимаг болон Хасагуудын дунд 50-иас дээш хувийн өндөр давтамжтай байдаг бол N1c Якут, Буриадад багагүй тархсан зонхилогч ген ажээ. Харин C3-ын охин салбар C3e ховор ген болохыг судлаачид онцлон тэмдэглэсэн байх бөгөөд Монгол, Өвөр Монгол, Уйгур, Хан болон Эвэнкийн дунд маш бага хувьтай байх ажээ. Энэ эртний генийг тээгч гол угсаатны бүлэг бол Манж Чин улсын үед Зүүн Хойд Хятадын нутгаас Шиньжанд шилжүүлэн суулгасан шивэй нар юм байна. Үүнээс гадна сүүлийн арав гаруй жилд түрүүлгэ нь харуулан оршуулдаг зан үйл бүхий дурсгалуудыг шинээр малтан судалж байна. Хүрлийн дунд үеэс эхлээд Монголын говь, тал хээрийн бүсэд Тэвш уул, Бага газрын чулуу, Ухаа худаг, Чандмань Хар уул, Дэлгэрхаан уул зэрэг газарт үхэгсэдийг түрүүлгэ нь харуулан этгээд байдлаар оршуулдаг бүлгүүд гэнэт гарч ирсэн бөгөөд тэдгээрийн нэг хэсэг нь хүрлийн хожуу үе хүртэл оршин байжээ (5, 13). Эдгээр булшууд оршуулгын зан үйлийн нэг хэсэг болох булшны гадаад бүтэц,

зохион байгуулалтын хувьд бие биеэсээ ялгарна. Хятадын Инь ба Баруун Жоу улсын түрүү үеийн дурсгалууд дотор түрүүлгэ нь харуулан оршуулсан олон булш малтан судалсан тухай мэдээ байгаа бөгөөд хятадын судлаачид тэдгээрийг харь ард түмний булш гэх дүгнэлтэд хүрсэн байна. Одоогоор эдгээр булшуудын гарал үүсэл тодорхойгүй байгаа ба харьцуулах хэрэглэгдэхүүн байхгүй байгаа боловч А.А.Ковалев ямар нэг үндэслэлгүйгээр хятадын неолиттой холбоотой байж болно гэж үзсэн. Бүтэц зохион байгуулалт, хэлбэрийн хувьд дээрхтэй төстэй булш Өвөр Монголын Улаан Хад ба Мони уул зэрэг газарт байдаг ажээ.

Харин Ухаа худагт малтан судалсан түрүүлгээ нь харуулсан оршуулгаас С5 митохонд гагло бүлэгтэй бодгаль гарсан байна [Монголын соёл II, 2011:277-287]. С5 гагло бүлэг гол төлөв Энэтхэгийн баруун, хойд ба зүүн хойд хэсэг Пакистаны өмнөд, Саудын Арабын дорнод хэсэг болон Непалд тун бага давтамжтай байдаг ажээ. Эгийн голын хүннүгийн 47-р булшны бодгаль 7 мөн С5 гагло бүлгийг тээгч байсан бөгөөд харин Монголын Эзэнт Гүрний хэмжээнд С(5) гагло хэв шинж түгээмэл байгаа тухай Рожэрс тэмдэглэсэн байна. Үүнээс үзвэл дээрх гагло бүлгийг тээгчид хиргисүүр болон дөрвөлжин булшт соёлынхонд эзлэгдсэн эсвэл дагаар орж өсөж үржин хүннүгээр дамжин хожмын монголчуудын угсаа гарвацийн үйл явдалд багагүй үүрэгтэй оролцсон байна. Ухаа худагийн түрүүлгэ нь харуулан оршуулдаг соёлынхоны С5 гагло бүлгийг тээгчид үр удмаа үлдээх хэмжээний хүн амтай байжээ. Манай судалгаанд орсон Баянхонгор аймгийн Түйн голын хөндий, Булган уулын баруун талд малтан судалсан шоргоолжин булшны бодгаль хүрлийн үе, дундад эртний монгол болон орчин үеийн монголчуудаас хол тусдаа кластер болж байгаа нь түрүүлгэ нь харуулан оршуулдаг соёлынхон ойролцоо цаг үеийн бусад соёлын хүн амаас угсаа гарвацийн хувьд өөр байж болохоор байна. Түрүүлгэ нь харуулан оршуулдаг соёлынхон хиргисүүрийн соёлын тэлэлт, газар нутгийн түрэмгийлэлийн улмаас зарим хэсэг нь ургаш нүүж хятадын Инь, Жоу улсад дагаар орж оршуулагын зан үйлийн этгээд хэлбэрээ тээж очсон бол үлдсэн хэсэг нь хиргисүүрийн соёлынхонд бүрэн эзлэгдсэн бололтой. Сүүлийн үед “дөрвөн хөшөөт” гэж нэрлэж буй хиргисүүр маягын зарим булшнаас түрүүлэг нь харуулсан оршуулага гарч байгаа нь (9) дээрх таамагыг дэвшүүлэх үндэс болох бөгөөд дараа нь дөрвөлжин булшт соёлын хүн амын дотор бүрэн уусан шингэжээ гэж үзэлтэй. Газрын зураг дээр хийсэн хиргисүүр, түрүүлгэ нь харуулан оршуулдаг булшны тархалтын зургаас харахад

хиргисүүрийн соёлынхон зүүн ба зүн өмнө зүгрүү хушууран түрэн орсон байна. НТӨ II мянган ба I мянганы заагт гарч ирсэн соёлын нэг бол дөрвөлжин булшт соёл бөгөөд говиос Өвөр Байгаль, Завхан, Говь-Алтайн зүүн хэсгээс Дорнод аймгийн зүүн зах хүртэл тархсан байх боловч зарим судалгааны бүтээлд хятадын хойд болон зүүн хойд хязгаар төдийгүй Төвд хүртэл байдаг гэх ташаа ойлголт явсаар байна. Хамгийн их нягтрал Төв, Хэнтий, Дорнод аймгийн хойд хэсэг Далай нуурын араар байгаа бол зүүн урд болон баруун зүгийн нутгаар эрс цөөрч Баянхонгор аймгаас цааш тохиолдохгүй ажээ. Төв Монголд дөрвөлжин булшт соёлын булшууд хиргисүүртэй нэг талбайд холилдон орших нь цөөнгүй байх ба олон тохиолдолд хиргисүүрийн чулуу, тэр ч байтугай буган хөшөөг дөрвөлжин булшны гадаад байгууламжид ашигласан цөөнгүй тохиолдол байгаа юм (16). Иймээс дөрвөлжин булшт соёлын дурсгалууд зах хязгааргүй өргөн уудам нутагт тархаагүй

байна.

Үүнээс гадна буган хөшөөг булшны дотоод бүтцэд олноор нь ашигласан, буган хөшөөг нүх ухан хүн мэт оршуулсан зэрэг хэд хэдэн тохиолдол илэрснийг судлаачид мөн л дөрвөлжин булш гэж үзсэн нь зарим талаар эргэлзээ төрүүлнэ. Учир нь судлаачдын дөрвөлжин булш гэж тодорхойлсон тэдгээр дурсгалууд жинхэнэ хэв шинжит дөрвөлжин булштай харьцуулахад бүтэц, зохион байгуулалтын зарим нэг ялгаа, дөрвөлжин хашлага байдаггүй, харьцангуй том хэмжээ, тэгш хавтгай битүү чулуун дараас, буган хөшөөг булшинд ашигласан байдал, дотоод зохион байгуулалтын онцлог болон олон тооны мал амьтны толгой дагуулан тавих гэх мэтийн ялгааг дурдаж болно. Хэрвээ буган хөшөөг хүнчлэн оршуулсан мөн олон тооны буган хөшөөг булш байгуулахад ашигласан зэргийг онцлон авч үзвэл тэдгээр дөрвөлжин хэлбэрт булш хиргисүүрийн соёлтой ямар нэг сэжмээр холбоотой байж болох юм. Нөгөө талаас хиргисүүр, буган хөшөөний соёлын хөгжлийн сүүлийн шатанд дөрвөлжин булшт соёлынхны хооронд ямар нэг онцгой холбоо тогтсон байж болох зарим нэг шинж тэмдэг ажиглагдаж байгаа юм. Энд жишээ болгон Баянхонгор аймгийн Эрдэнэцогт сумын Хужирын голын Бор шорооны аманд малтан судалсан хиргисүүрийн цогцолборт багтах дөрвөлжин хэлбэрт булш болон Архангайн Өндөр-Улаан сумын Жаргалантын амны хэдэн булшийг дурдаж болох юм. 1-р дөрвөлжин хэлбэрт булшны хойд, урд хашлага 4.7 метр, баруун талын хашлага 4.2 метр, зүүн талын хашлага 4.6 метр хэмжээтэй чулуун хашлага гарсан бөгөөд хашлагыг шууд 8

эртний өнгөн хөрсөн дээр тавьсан байна. Хашлагын дотор талыг 20 см орчим гүн малтаж цэвэрлэхэд толгой талыг нь зүүн зүг чиглүүлэн тавьсан буган хөшөө байсан ба 40 см хүртэл малтахад шоон болон сараачмал хээтэй ваар савны хагархай, адууны шүд гарч энэ түвшинд өргөрөгийн дагуу 230x70 см хэмжээтэй зууван дугуй нүхний толбо илэрч дагуулан малтахад оршуулага байсан ул мөр илрээгүй байна. 2-р дөрвөлжин хэлбэрт булш уртрагийн дагуу 6.4 метр, өргөрөгийн дагуу 7.4 метр хэмжээтэй талбайг цэвэрлэж үзэхэд эртний өнгөн хөрсөн дээр дөрвөлжин хэлбэртэй хашлага өрж тавиад доторх зайд 1-2 үе чулуугаар дүүргэсэн байлаа. 30 см гүнд өргөрөгийн дагуу 5,5 х 3.4 метр хэмжээтэй дөрвөлжин толбо илэрч дагуулан малтахад 80-100 см гүнд өргөрөгийн дагуу 2.8 х 1.5 метр нүхний толбо илэрсэн байна. Нүхийг 3 метр орчим урт нарийн шургаагаар хөндлөн хучиж тавьсан байх ба зүүн талд нь 7 адуу, 2 үхэр, 4 ямаа, 24 хонины толгойг хошууг нь зүүн зүг харуулан зэрэгцүүлэн өрж тавьсан байлаа. Булшны нүхийг дагуулан малтахад 220 см гүнд тоногдсон боловч мөчний ясууд анх тавьсан анатомын байрлалаараа толгойг нь зүүн зүг хандуулан тавьсан оршуулга гарсан байна. Өмнө өгүүлснээс үзвэл хиргисүүрийн цогцолбор дахь дөрвөлжин байгууламжууд жинхэнэ хэв шинжит дөрвөлжин булшнаас гадаад, дотоод бүтэц зохион байгуулалт болон олон мал амьтны толгой дагуулах гэх мэт оршуулгын зан үйлийн зарим элементээрээ ялгаатай байна. 1-р дөрвөлжин байгууламжийн хувьд бол огт оршуулга байсан ул мөр илрээгүйгээс үзэхэд буган хөшөөтэй холбоотой тахилгын байгууламж эсвэл буган хөшөөний “оршуулга” байж болох юм.

Т.Санжмятав үүнтэй төстэй хиргисүүрийн цогцолборт орж байсан дөрвөлжин байгууламжийг Архангай аймгийн Өндөр-Улаан сумын нутаг Хануй голын Жаргалант ууланд цөөнгүй дурсгалыг малтан судалсан байна. Түүний өгүүлснээр буган хөшөөний хажууд орших 8x4,5 метр хэмжээтэй 2-р дөрвөлжин булшнаас 10 хонины толгой, хонины 2 дал, хүрэл ба ясан зэв, цагираг хэлбэрийн хүрэл ээмэг, товруу зэргийг булшинд тавьсан тухай товчхон дурдсан байна. Мөн дээрх ууланд нэг буган хөшөөгөөр хашлага хийсэн 4-р булшны өнгөн хөрсийг цэвэрлэж үзэхэд нар сарны дүрс сийлсэн чулуугаар булшны нүхийг тагласан байсан ба нүхэнд улаан зос цацаж 1 адуу, 1 үхэр, 32 хонины толгой дагуулан тавьсан байна. Түүнчлэн, дахиад 2 гэж дугаарласан дөрвөлжин маягийн байгууламжийг малтахад 5 буган хөшөөгөөр хана (дотоод хашлага, З.Б) хийсэн том булш болох нь мэдэгдсэн ба зүүн хананы дагуу

гурван давхар өрсөн малын толгой гарсаны дотор том эвэртэй үхэр, 2 тэмээ, суран амгайтай, хүрэл зуузайтай 4 адууны толгой гарсан байна. Эдгээр малын толгойг 94 хүртэл дугаарласан байх ба таван төрлийн малын толгойг аман хүзүүний хамт хушууг нь зүүн зүг харуулан тавьсан байжээ. Үүнээс гадна халбага мэт хүрэл эдлэл, цөгцөн суурьтай хүрэл тогооны ёроолын хэсэг гарсан байна [Санжмятав, 1993:29-34., МА VIII:47-48]. Энэ мэт хэд хэдэн сонирхолтой дурсгалыг малтан судалсан байх боловч зарим чухал өгөгдөхүүнийг орхигдуулжээ. Гэвч “буган хөшөөг бүтээгчдийн нэг өвөрмөц зан үйл бол буган хөшөөг булшны нүхэнд хүнээ байрлуулан тавьдаг газар булсан байдаг”-ийг [Санжмятав, 1993:38] дурдаад хэдэн сонирхолтой жишээг дурдсан зэрэг сайн тал байгаа юм. Өмнө өгүүлснээс үзвэл Төв Монголд ажиглагдаж буй хиргисүүр, буган хөшөө болон дөрвөлжин булшт соёлын зэрэгцэл нь тохиолдлын үзэгдэл биш болохыг харуулахын хамт дээрх хоёр соёлын хооронд илүү нягт, ойр дотно нарийн холбоо байжээ гэж үзэхэд хүргэж байна. Юуны өмнө буган хөшөөг ашигласан булшууд он цагийн хувьд төмрийн эхэн үед холбогдохоор байгаа боловч өмнөх хиргисүүр, буган хөшөөний соёлтой шууд залгамж холбоотой гарсан гэх үндэстэй байгаа ба соёл хэсэгчлэн өөрчлөгдсөн тал ажиглагдаж байна. Э.А.Новгородова дөрвөлжин булшт соёлыг мянга гаруй жил үргэлжилсэн боловч оршуулгын зан үйлд нь нийгмийн ялгаа харагдахгүй байна гэж зөв ажигласан байдаг бөгөөд үнэхээр нийгмийн ялгааг харуулах том хэмжээний дөрвөлжин булш одоо болтол мэдэгдээгүй байгаа 9 юм. Гэтэл асуудлын гол байхгүйдээ бус харин өөр хэлбэрээр илэрч байгаа бололтой юм. Хиргисүүр, буган хөшөөний соёл мөхөж үгүй болоогүй харин дөрвөлжин булшт соёлын элит хэсэг болж төмрийн түрүү үеийн түүх, угсаатны үйл явцад оролцсон байж болох тал ажиглагдаж байна. Судлаачид дөрвөлжин булшт соёлыг тээгчдийг дунху нар буюу өвөг монголчууд гэж үздэг боловч уг соёлын гарал үүслийн талаар судлаачид нэгдмэл байр сууринд хүрээгүй байгаа юм. Дөрвөлжин булшнаас гарсан маш хязгаарлагдмал тооны бүтэн гавал дээр хийсэн хэмжилт судалгааны материал нь үндсэн үзүүлэлтээрээ Байгалын эртний хүн амтай төстэй Умард Азийн монгол төрхтөн гэж үзсэн байдаг ба энэ нь зөвхөн Дорнод Монголын дөрвөлжин булшны хүн амын тодорхой хэсгийн төлөөлөл байж болно. Энэхүү маргаантай асуудлын нэг тийш нь шийдвэрлэхэд палеогенетикийн судалгаа чухал ач холбогдолтой. Хэнтий аймгийн Дэлгэрхаан сумын Дадарт уулын дөрвөлжин булшны бодгаль А митохондр гапло бүлэгтэй гарсан байна.

Хэрэглэгдэхүүнээс үзвэл орчин үеийн Азийн ард түмэнд А, С, D, G, Y болон Z митохондр гагло бүлэг Азийн зүүн хойд хэсэгт өндөр давтамжтай байдаг бол С, Y, ба Z гагло бүлэг Зүүн Өмнөд Азид тун ховор байх аж. А гагло бүлэг орчин цагийн монгол болон сибирийн ард түмэнд түгээмэл тархсан байна (27). Үүнээс гадна Баянхонгор, Архангай, Өвөрхангай, Төв болон Булган аймгийн хүрлийн үеийн 12 дөрвөлжин булш (үүний хоёр нь шоргоолжин булш бололтой)-ны соёлын хамаадал нь тодорхойгүй 14 дээжээс авсан 26 бодгалийн митохондр ДНХ-ийн А, В, С, D, G, H, K, M, N, R болон Z гагло бүлгүүд гарсан бөгөөд үүний 15 евразийн дорнод бүсийн (57,79%), 11 баруун бүсийн (42,3%) гагло бүлэг байна. Үүнээс Н гагло бүлгийн найман бодгаль, М гагло бүлгийн янз бүрийн хувилбар 7 бодгальд илэрсэн бөгөөд дөрвөлжин булшны А, С гагло бүлгээс гадна Европ, Ойрх Дорнод, Умард Энэтхэгт өргөн тархсан Н, түүнчлэн, европ төрхтөний К гагло бүлэг багагүй байна (29). Дөрвөлжин булшт соёл нь орон нутгийн хөгжлийн үр дүн байсан бөгөөд дорнод талын тухайн үеийн бусад хүн амаас эрс ялгаагүй байна. Хүрлийн үеийн Монголын хүн амын залгамж холбоог харьцуулан үзэхэд Дорнод Евразийн митохондр ДНХ-ийн гагло бүлэг Хятад, Цинхай (Хөх нуур) болон Шиньжанаас Монголын тал нутагт хүрлийн үеэс эхлэн баруун зүгийн хүн амын шилжилт хөдөлгөөнөөс өмнө ирсэн гэх сонирхолтой дүгнэлт хийжээ (29). Үүнээс үзвэл Төв Азийн зүүн болон урд зах хязгаараас гарсан шилжилт хөдөлгөөн монголын хүрлийн хожуу үеийн соёлд зохих нөлөө үзүүлсэн бөгөөд археологийн судалгаан дээр үндэслэн дэвшүүлсэн судлаачдын таамагтай зарим талаар тохирч байна. Түүнчлэн, хүрлийн хожуу үе болон төмрийн түрүү үед хиргисүүр, буган хөшөөний соёлыг тээгчдийн нэг хэсэг барууншлан нүүж Дундад Азийн зарим соёл хэлбэршин тогтоход оролцсон байж болох талтай. Дөрвөлжин булшт соёлын хүн амын дотор европ төрхтөний Н гагло бүлэг өндөр байгаа ба Төв Азийн эртний ихэнх соёлд ямар нэг байдлаар оролцсон байна. Иймээс дөрвөлжин булшт соёлын үүсэл гарал болон дунху-монголын “цэвэр монгол төрхтөний” тухай онол эргэлзээтэй болж байгаагаас гадна уг соёлыг тээгчид монгол, европ болон завсарын төрхтөнүүдээс бүрдсэн учир аль нэг талыг нь хатуу баримтлах боломжгүй байна. Нөгөө талаас дунху нар хожимын тал нутгийн овог аймгуудын цорын ганц өвөг дээдэс биш гэж үзэх нь зөв.

Хэрэглэгдэхүүнээс үзвэл хүрлийн хожуу эринд нэг цаг хугацаанд Монголын умард хэсэгт хиргисүүр, буган хөшөөний соёлынхон Тувад андроновчуудад

шахагдсан окуневчууд болон уюкчууд Минусын хотгорт карасукчууд болон андроновчууд, Өвөр Байгалийн зүүн өмнөдөд дворцовын хэмээх өвөрмөц соёлынхон оршин сууж байсан бол хиргисүүрийн соёл, хүрлийн хожуу үеийн эхэнд түрүүлгээ нь харуулж оршуулдаг соёлынхонтой өмнөд талаараа зэрэгцэж харин сонгодог дөрвөлжин булсныхантай хожуу хүрлийн дунд үеэс нэгэн үе холилдон сууж байсан учир тус бүс нутагт угсаа гарвацийн үйл явц нарийн түвэгтэй замаар явж байжээ. Хүрлийн хожуу үе болоход Баруун Монголд ноёрхож байсан европ гаралтай 10 оршин суугчдын морфологи шинж монгол, европ завсарын төрхтөн болж хувьсан өөрчлөгдсөн нь палеоантропологиин хэмжилт судалгаанд тодорхой илэрч байна.

Хиргисүүр, буган хөшөөний соёл хэлбэршин тогтоход Сибирь, Төв, Дорнод болон Баруун Азийн тухайн үеийн олон ард түмэн оролцсон нь хүрлийн хожуу үеийн оршууллагын байгууламжийн олон янз хэлбэр гархад хүргэсэн гол хүчин зүйл бололтой. Хүрлийн хожуу үед Төв Ази, Өмнөд Сибирьт монгол, европ төрхтөн эрчимтэй холилдож эхэлсэн нь археологийн олон соёл түүний дотор дөрвөлжин булшт соёлыг мөн нэгэн адил хамарсан байна. Ижилсэн уусах үйл явц ийнхүү эрчимжсэн нь монгол төрхтөнүүдийн шинэ шилжилт хөдөлгөөн, овог аймгуудын нэгдэл холбоо өргөжин тэлж тухайн үеийн түүхэн үйл явдалд ноёлох байр суурьтай оролцох болсонтой холбоотой бололтой. Харин түрүүлгээ нь харуулж оршуулдаг соёлынхны зарим нэгийнх нь хувьд хиргисүүрийнхэд эзлэгдэн соёлын хувьд бүрэн уусан шингэсэн бололтой. Гэхдээ антропологи, палеогенетикийн судалгаа хангалтгүй байна. Хүрлийн хожуу үеэс эхлээд монгол зарим түрэг хэлт ард түмний угсаатны зүйн онцлог тухайлбал, малыг төлөөлүүлэн толгой, шийрийг тахилга ба оршуулгад хэрэглэх, янз бүрийн нас, шүдтэй бод, богийн олон тооны толгойг оршуулгад хойлго болгон дагуулах, оршуулгын зан үйлд нар, сарны дүрс эрхэмлэх гэх мэт ёс заншил хэдийнээ хэлбэршин бий болж дараа дараагийн үед оршуулга, хурим найр, уул, ус тахих болон ан гөрөөтэй холбоотой зан үйлд уламжлагдан иржээ.

Ном зүй

1. Алексеев, 1968 -Алексеев В.П. Сибирь как очаг расообразования // Проблемы исторической этнографии и антропологии Азии. М.: Наука, 1968.
2. Алексеев, 1974 -Алексеев В.П. География человеческих рас. М., 1974
3. Амаглантөгс нар, 2007 - Амгалантөгс Ц., Эрдэнэ Б., Прохлич Б., Хант Д. Умард
4. Монголд явуулсан хиргисүүрийн судалгаа. АС. Tom IV-XXIV. Fasc6 1-25. УБ., 2007. т. 123
5. Амартүвшин нар, 2015 - Амартүвшин Ч., Батболд Н., Эрэгзэн Г., Батдалай Б.Чандмань хар уулын археологийн дурсгал I. УБ., 2015
6. Баярсайхан, 2013 - Баярсайхан Ж. Умард Монголын нутагт олдсон хүрлийн үеийн нэгэн булш. Нүүдэлчдийн өв судлал. Т6 (XV). fasc. I-258. УБ., 2013
7. Бямбадорж, 2016 - Бямбадорж Б. Монголын эртний нүүдэлчдийн антропологийн зарим олдворын краниологийн судалгаа. Бакалаврын дипломын ажил. УБ., 2016 т. 25-28
8. Волков 1967 - Волков В.В. Бронзовый и ранний железный века Северной Монголии. Изд. АН МНР. УБ., 1967. с. 95
9. Гантулга, 2014 - Гантулга Ж. Хүрэл, түрүү төмрийн үеийн оршуулгын дурсгалын нэр томъёоны асуудалд. Хүрэл, түрүү төмрийн үе ба хүннүгийн өмнөх соёлын судалгааны асуудал // ЭШБХИЭ. УБ., 2014. т. 20-33
10. Гохман др., 1991 - Гохман И.И., Влчек Э.Э. Древнее погребение из Худжирта (Центральная Монголия) // Новые коллекции и исследования по антропологии и археологии.
11. Сб. Музея антропологии и этнографии АН СССР. Т. XLIV. СПб., 1991. с. 52 Кириллов 1979 - Кириллов И.И. Образ птицы в искусстве племен дворцовой культуры бронзового века Восточного Забайкалья // Тезисы докладов Всесоюзной археологической конференции “Проблемы скифо-сибирского культурно-исторического единства”. Кемерово, 1979. с. 136-139
12. Кириллов др., 1985 - Кириллов И.И., Кириллов О.И. Новые данные о культурно-исторических контактах восточно-забайкальских племен в эпоху бронзы // Древнее Забайкалье и его культурные связи. Новосибирск, 1985. с. 22-33
13. Ковалев 1986 - Ковалев А.А. Культуре оленных камней. // История и культура Восточной и Юго-Восточной Азии. Ч. I. М., 1986. с. 53-54 Ковалев нар, 2007 - Ковалев А.А., Эрдэнэбаатар Д. Монгольский Алтай в бронзовом и раннем железном веках (по результатам работ Международной Центральноазиатской археологической экспедиции СПбс-кого государственного университета, Института истории АН Монголии и Улан-Баторского государственного университета) // Алтай-Саянская горная страна и история ее освоения кочевниками. Барнаул, 2007. с. 80-85
14. Козинцев, 2009 - Козинцев А.Г. О ранних миграциях европеоидов в Сибирь и Центральную Азию (в связи с индоевропейской проблемой). Археология, этнография и антропология Евразии 4 (40). 2009. с. 130-131
15. МА VIII - Монголын Археологи. Хээрийн судалгааны тайлан VIII боть. т. 47-48 Монголын соёл II, 2011 - Монголын соёлын өвийн судалгаа II. Солонгос-Монгол хамтарсан судалгаа. УБ., 2011. т. 277-287

16. Новгородова, 1970 - Новгородова Э.А. Центральная Азия и карасукская проблема. Москва, 1970
17. Савинов, 1993 - Савинов Д.Г. Население среднего Енисея в эпоху сложения скотоводческих обществ (III Тыс. До.Н.Э.- Середина I Тыс. Н.Э.) 1993 Санжмятав 1993 - Санжмятав Т. Архангай аймгийн нутаг дахь эртний түүх соёлын дурсгал. УБ. 1993. т. 29-34, 38
18. Соловьёв, 2003 - Соловьёв А.И. Оружие и доспехи. 2003. с. 50
19. Төрбат, 2014 - Төрбат Ц. Монгол Алтайн хүрлийн үеийн судалгааны тулгамдсан асуудлууд. Хүрэл, түрүү төмрийн үе ба хүннүгийн өмнөх соёлын судалгааны асуудал // ЭШБХИЭ. УБ., 2014. т. 8-19
20. Түмэн, 2011 - Тумен Д. Антропология Хунну // Древние культуры Монголии и Байкальской Сибири. Изд-во ИГТУ. Иркутск, 2011. с. 372-374
21. Түмэн, 2017 - Түмэн Д, Хатанбаатар Д, Эрдэнэ М, Дорнод Монгол: Археологи-антропологийн судалгааны үр дүнгээс. Сибирийн эртний соёл сэдэвт олон улсын 8-р эрдэм шинжилгээний бага хурал. Changchun. China 2017
22. Хаврин, 1994 - Хаврин С.В. Карасукская проблема? // ПАВ. СПб., 1994 Худяков 1987 - Худяков Ю.С. Херексуры и оленные камни // Археология, этнография и антропология Монголии. Новосибирск, 1987. с. 157
23. Цыбиктаров 2011 - Цыбиктаров А.Д. Происхождение культуры херексуров и оленных камней. Древние культуры Монголии и Байкальской Сибири // Материалы международной научной конференции. Вып 2. Иркутск, 2011. С. 287, 288
24. Чугунов 2002 - Чугунов К.В. Херексуры Центральной Азии (к вопросу об истоках традиции) // Северная Евразия в эпоху бронзы: Просвранство. Время Культура. Барнаул, 2002. с. 146-149
25. Hollard et al., 2014 - Hollard C., Keyser Ch., Giscard P.-H., Turbat Ts., Bayarkhuu N.,
26. Bemmann J., Crubezy E., Ludes B. Strong genetic admixture in the Altai at the Middle Bronze Age revealed by uniparental and ancestry informative markers. – in: Forensic Science International: Genetics. 2014 12
27. Miyamoto нар 2016 - Miyamoto Kazuo., Obata Hiroki. Excavations at Daram and Tevsh Sites. 2016. p. 68
28. Morten et. all “Population genomics of Bronze age” Nature june 2015. Vol522.p167
29. Rogers, 2016 - Leland Liu Rogers. Understanding ancient human population genetics of the Eastern Euroasian steppe through mitochondrial DNA analysis: Central Mongolian samples from the Neolithic, Bronze age, Iron age and Mongol Empire periods. Indiana University 2016. p. 55-62
30. Yinqiu Cui нар, 2013 -Yinqiu Cui., Hongjie Li., Chao Ning., Ye Zhang., Lu Chen., Xin
31. Zhao., Erika Hagelberg and Hui Zhou. Y Chromosome analysis of prehistoric human populations in the West Liao River Valley, Northeast China. BMC Evolutionary Biology, 2013
32. Morten et. all “Population genomics of Bronze age” Nature june 2015. Vol522.p167
33. Hollard et.all “Stromg genetic admixture in the Altai at the Middle Bronze age revealed by uniparental and ancestry informative markers” Forensic Science International Genetics, 12, 199-207.

II.1.2.5.2 Хүннүгийн соёлын гарал үүсэл ба угсаатны бүлгүүд

Тус өгүүлэлд Хүннүгийн соёлын гарал үүслийг археологи, палеогенетикийн сүүлийн үеийн судалгааны үр дүн дээр түшиглэн тусгайлан авч үзлээ. Хүннүд илэрч байгаа митохондр ДНК гений сангийн онцлог ба эх үндэс нь өмнөх болон тухайн үеийн түүхэн үйл явцтай холбоотой байна. Хүрлийн хожуу үеийн хиргисүүр, буган хөшөөний соёл болон дөрвөлжин булшт соёлыг тээгчдийн гений сантай хүннү нарыг харьцуулан үзэхэд евразийн зүүн бүсийн гапло бүлэг мэдэгдэхүйц өсөж харин евразийн баруун бүсийн гений сан багасах хандлага гарч эхэлжээ. Хүрлийн хожуу болон төмрийн түрүү үеийн нүүдэлчдийн угсаатны зүйн зарим онцлог, угсаатны бүлгүүдийн гений сан тодорхой хэмжээгээр хүннүд давтагдаж байгаа нь гарал үүслийн холбоотой болохыг харуулж байна.

Эгийн гол Монголын археологийн судалгаа эрчимжихийн хирээр шинэ хэв шинжийн дурсгал олж илрүүлэхийн хамт өмнө мэдэгдэж байсан дурсгалын тархалтын хүрээ хязгаарыг шинэчлэн тогтоох боломжтой болсон бөгөөд өнөөдрийн байдлаар монголын олон аймаг, сумын нутгийг хамарсан олон, цөөн булштай 320 гаруй хүннүгийн оршуулгын газар, 11500 орчим булш бүртгээд байгаа ажээ. Хүннүгийн улс төр, соёлын төв ийнхүү улам бүр тодорхой болж байгаа боловч хүннүгийн угсаа гарвацийн асуудлаар судлаачид нэгдмэл байр сууринд хүрээгүй байна.

Уг асуудлыг судлах бичгийн сурвалж, археологийн болон антропологийн сурвалж эцэст нь харьцангуй залуу палеогенетикийн гэх дөрвөн төрлийн сурвалж байхаас гадна цөөнгүй судалгааны бүтээл гарчээ. Хүннүгийн соёл, угсаа гарвацийн талаарх судлаачдын байр суурийг нэгтгэн үзэхэд хятадын умардын гэх тодотголтой соёлуудтай голчлон холбон тайлбарласан байдаг. Тухайлбал, С.С.Миняев хүннүгийн ихэнх хүрэл болон эвэр, ясан эдлэл зарим шавар сав суулганы хэлбэр, оршуулгын бүтэц зохион байгуулалт нь өмнөх скифийн үеийн соёлоос эхтэй болох нь эргэлзээгүй гэхийн хамт хожим нь Сяцядяны соёлын дээд үе давхраанд хамаарах булшны бүтэц зохион байгуулалт, зан үйлийг задлан шинжлээд өвөг хүннүгийн шинж тэмдэг илэрч байгааг тэмдэглээд НТӨ IV-III зууны үед Баруун Өмнөд Манжуураас хөдөлж Ордос, Өвөр Байгалийн хоорондох тал нутгийг эзэмшин суух

болсон гэжээ (3). Гэвч энэ таамаглал нь бичгийн сурвалжийн мэдээтэй зөрчилдөж байгаа юм.

Хүннүгийн энгийн иргэдийн булш болон дээд сяцядяны (дунху) булшны хооронд төстэй тал багагүй байгаа нь аж ахуй соёлын ижил хэв шинж, хоорондын харилцаатай холбоотой байж болохоос гадна дунху бүлгийн тодорхой нэг хэсэг хүннүгийн овог аймгийн холбоонд оролцсон байж болно (2). С.А.Комиссаров хүннүгийн оршуулгад хойд зүг зонхилдог бол сяцзядянд зүүн зүг зонхилдогийг онцлон тэмдэглэсэн. Хүннүгийн 166 булшны оршуулгын зүг чигийн тодорхойлолтод хойд зүгийн хандлага 80 %, зүүн зүгийн хандлага 18 %, өмнө зүг ердөө л 2 % тус тус 2 гарсан байна (8). Гэхдээ хүннүгийн зарим оршуулгын газарт жишээлбэл, Архангайн Тамирын Улаан хошуунд зүүн зүг зонхилох чиглэл болдог бөгөөд харин Эгийн голын зүүн зүг чиглүүлэн тавьсан булшууд талбайн зүүн урд хэсэгт байх ба эд өлгийн хувьд баялаг гэх мэт ялгаа харагдаж байдаг. Үүнээс гадна Тамирын Улаан хошууны малталтаас гарсан бүх гавал монгол, европ завсрын төрхтөн байсныг дурдах хэрэгтэй.

Хятадын хүннү судлаач Тянь Гуанцзинь Ордосыг хүрлийн соёл тархсан бүс нутаг нь үндсэндээ хүннүгийн өвөг дээдэс болох гуйфан, сяньюнь болон цагаан ди нарын оршин сууж байсан газар нутагтай давхцаж байна [1983:19] гэхийн зэрэгцээ хүрлийн үеийн ордосын соёл нь скиф, карасукийн соёлоос эрт үеийнх бөгөөд Шан улсын (НТӨ XIII) хожуу үед холбогдоно гэжээ. Ордосын хүрэл эдлэлтэй адил том эвэртэй цутгамал 4 ширхэг хүрэл буга (тонуулчдын ухсан булш) Баян Тээгийн нүүрсний уурхайн орчим газрын булшнаас олдсоноос үзэхэд Ордос маягийн соёлын тархалтын хүрээ хавьгүй тэлэх бололтой.

П.И.Шульга хүннүгийн оршуулгын зан үйл бол НТӨ I мянган жилийн турш Байгал далайгаас Ордос хүртэлх өргөн уудам газар нутагт оршиж байсан ямар нэг түүх, соёлын нийтлэгийн оршуулгын зан үйлийн хувилбараас эх үндэстэй гэж үзсэн байна Тэрээр хүннүгийн оршуулгын зан үйл хоорондоо мэдэгдэхүйц ялгаатай болохыг дурдахын хамт гол төрх нь хүүрийн толгойг ялимгүй зүүн хандлагатай хойд зүг чиглүүлэн дээш харуулан тэнгэр байдалтай тавих ба гүехэн давчуу нүхэнд гол төлөв модон авсанд хийж тавина. Толгойн талд амьтны толгой, хөл болон сүүлийн үе тавьсан байдаг. Хятадад малтан судалсан булшинд толгойн талд нь сав суулга

тавих тусгайлан ухсан хөндий нүх байдаг [2011:391] гэх мэт монгол ба хятадын хүннү булшны зарим хэв шинжийг дурдаад, хүннү болон дөрвөлжин булшны оршуулгын зан үйлийн үндсэн элемент зүүн зүг толгойг хандуулан тэнэгэр байдлаар тавих, мал амьтны яс болон ваар сав дагуулах зэргээрээ адил байна. Энэ ижил төстэй тал нь хүннү ба дөрвөлжин булшт соёлууд төрлийн холбоотойг харуулж байна гэж үзсэн ажээ (12, 1).

Хүннүгийн соёл, угсаа гарвацийн судалгаанд Монголд явуулсан дөрвөлжин булшт соёлын судалгаа чухал үүрэгтэй бөгөөд өнгөрсөн зууны 60-аад оны эхээр шинжлэх ухааны үндэслэлтэй үзэл баримтлал гарсан юм. Монголын анхны археологийн нэгэн сэдэвт бүтээл болох “Умард Хүннү”-д чулуун хашлагат булш, дөрвөлжин булш болон хүннү булшинд тохиолддог бөгөөд заримдаа хүннүгийн энгийн иргэдийн булш гадна талаасаа дөрвөлжин булшны хашлагатай төстэй болохыг онцолсон байдаг (2) бөгөөд В.В.Волков сүүлийн жилүүдэд хийсэн 3 малталт судалгаагаар дөрвөлжин булшт соёл нь Умард Хүннүгийн соёл хэлбэршин бий болох нэг эх үндэс болсныг хангалттай тод харуулж байна гэж дүгнэж байжээ [1967:45].

Өнгөрсөн зууны дунд үед хүннүгийн соёлын уг гарвацийн талаарх монгол, оросын судлаачдын дэвшүүлсэн үзэл баримтлал дээр өнөөгийн судлаачид нэгдэх чиг хандлага үргэлжилсээр байгаа боловч харамсалтайн монголын материалыг тэр бүр мэдэхгүй байна. Гэхдээ энэ бол аль ч талаас нь харсан өргөн цар хүрээтэй асуудлын зөвхөн нэг тал нь гэдгийг судлаачдын дэвшүүлж байгаа янз бүрийн таамгууд баталж байгаа ба дөрвөлжин булшт соёл хэлбэршин бий болоход нутгийн уугуул ба суугуул овог аймгуудын хэрхэн оролцсоныг тодруулах нь зарчмын чухал асуудал юм.

Дөрвөлжин булшт соёлын нэг анхаарал татдаг хэв шинжийн бүлэг бол Төв Монголд олонтаа тохиолдох хиргсүүрийн талбай дахь хэв шинжит дөрвөлжин булш, хиргисүүртэй хамт орших дөрвөлжин хэлбэрт булш ба буган хөшөөг дотоод байгууламжид ашигласан булш болон буган хөшөөний “оршуулга”, буган хөшөөгөөр хэв шинжит дөрвөлжин булшны хашлага хийсэн булш зэрэг болно. Дээрх шинж тэмдэг Төв Монголын дөрвөлжин булшийг говь, тал хээрийн болон Дорнод Монголын хэв шинжит дөрвөлжин булшнаас ялгаруулж байна. Энд буган хөшөөг зөвхөн “гоё, сайхан” материалынх нь хувьд ашигласан уу эсвэл өөр ямар нэг шалтгаан байна уу гэсэн асуулт гарч болно. Дээрх онцлогийг гол шинж тэмдэг гэж

үзвэл монголын дөрвөлжин булшийг Төв болон Дорнод Монголын гэх хоёр том бүлэг болгон хуваан үзэж болох ба энэ шинж тэмдэг нь хүн амын бүтэц, бүрэлдэхүүнтэй холбоотой бололтой байна. Буган хөшөөг толгой талыг нь зүүн зүг чиглүүлэн хүнчлэн оршуулах, олон буган хөшөөг ашигласан оршуулга болон тахилгын байгууламжаас ваар савны хагархай, алтан гоёл чимэглэл, хүрэл тогоо олдож байгаагаас гадна олон тооны бод, богийн толгой тавьдаг зэргээс үзэхэд буган хөшөөнд онцгой хүндэтгэлтэй хандсан нь илэрхий байна. Дөрвөлжин булшны гадаад хашлагад буган чулуун хөшөөг ашигласан нь мөн л хүндэтгэлтэй холбоотой. Хиргисүүрийн талбай дахь өвөрмөц бүтэц, зохион байгуулалттай дөрвөлжин хэлбэрт булшнаас ваар савны хагархай олдохоос гадна зүүн зүг толгойг чиглүүлэн оршуулах гэх мэт оршуулгын зан үйлийн шинэ хэлбэр бий болсон нь дөрвөлжин булш болон хиргисүүрийнхний хооронд тогтсон соёлын харилцаа, гэр бүлийн харилцан нөлөөллийн үр дүн бололтой бөгөөд Төв Монголын дөрвөлжин булшт соёлын онцлог ийм замаар бий болсон гэлтэй. Хиргисүүр, буган хөшөөний соёл төмрийн түрүү үеийг хүртэл оршиж аажмаар дөрвөлжин булшт соёлын ноёлох хэсэг болсон байж болох талтай. Гэхдээ тэд өмнөх соёлын зарим гол элемент өвөг дээдсийн бодит дүр болох буган хөшөөг эрхэмлэн шүтэх зан үйл, тахил тайлга, оршуулгад олон мал гаргах зэрэг ёс заншлаа гээгээгүй төдийгүй дараагийн угсаатны үйл явцад оролцсон гэж үзэх үндэс байна. Төв Монголын хүннү нар дөрвөлжин булшт соёлынхонтой гений сангийн хувьд адил байгаа (23) төдийгүй дөрвөлжин булшт соёлын улс төрийн загварыг хүннү нар залгамжлан авчээ (16,17). Хүннүгийн оршуулгын зан үйлд тод ажиглагдаж байдаг зарим нэг онцгой элемент зөвхөн хиргисүүр, буган хөшөөний соёлд байгаа юм. Тухайлбал, авсны толгой талын банзанд хадаж тогтоосон хүрэл, төмөр болон үйс зүсэж хийсэн нар, сарны 4 дүрсийг буган хөшөөний нар, сартай зүйрлэж болохоос гадна Жаргалантын амын буган хөшөөг ашигласан 4-р булшинд, булшны нүхийг нар, сарны дүрс сийлсэн том хавтгай чулуугаар таглаж тавьсан байлаа. Түүнчлэн, хүннү булшны толгой талд үхэр болон адууны толгой, шийр, гурван хос богино хавирга, зарим тохиолдолд толгойг аман хүзүүний хамт, цөөн тохиолдолд сүүл зэргийг тодорхой эрэмбээр өрж тавьсан байх нь мөн л хиргисүүр, буган хөшөөний тахилын байгууламжид адууны толгой, шийр тавьдагтай адил байгаа нь удам төрлийн холбоотойг ямар ч эргэлзээгүй харуулж байна. Хүннүгийн цэрэг-улс төрийн холбоо үүсэн бий болоход зөвхөн дөрвөлжин булшт соёлыг тээгчид

төдийгүй, соёлын хувьд хэсэгчлэн өөрчлөгдсөн хиргисүүр, буган хөшөөний соёлыг тээгч уугуул овог аймгууд тэргүүлэх үүрэгтэй оролцсон гэж үзэх үндэстэй. Нөгөө талаас хүннүд евразийн зүүн бүсийн миторондр гапло бүлэг өсөхөд нөлөөлсөн хүчин зүйл бол нэгэн цагт хүннүгийн бүрэлдэхүүнд янз бүрийн замаар орсон зүүн хөрш ухуань, сяньби нар бололтой. Хүннүгийн соёлын гарал үүслийг дан ганц шилжилт хөдөлгөөний онолоор тайлбарлах нь учир дутагдалтай байгаа ба ер нь Төв Азийн малчин нүүдэлчид байнгын хөдөлгөөн дунд оршиж байсан хэдий ч афанасьевчуудаас хойш аж ахуй, соёл, угсаатны хувьд эрс өөрчлөгдсөн тохиолдол тэр бүр ажиглагдахгүй байгаа юм. Палеогенетикийн харьцуулсан судалгааны үзүүлэлтээс харахад хүннүд өрнө зүгийн гений сангийн давтамж 37,5 % буюу өмнөх хүрлийн үеэс буурсан байдалтай байгаа боловч митохондр ДНХ-ийн давтамж, удмын талаараа хүрлийн үеийн хүн амаас ялгаагүй байгаа ба харин дорно зүгийн митохондр ДНХ гений сан 4,8 % өссөн үзүүлэлт гарч байгаа нь хүннүгийн соёл, угсаатны нийтлэгт хэлбэршин тогтоход өмнөх хиргисүүр, дөрвөлжин булшт соёлынхон идэвхитэй оролцсон болохыг дахин баталж байна гэлтэй. Нөгөө талаас евразийн зүүн бүсийн гений сан өсөж байгаа нь юуны өмнө механик болон ойр зуурын шинэ шилжилт хөдөлгөөнтэй холбоотой гарсан өсөлт байж болох юм.

Монголын хэрэглэгдэхүүн дээр хийсэн анхны палеогенетикийн судалгааны бүтээл (2003) гарсанаас хойш франц, америк болон солонгос судлаачдын гол төлөв хүннүгийн палеогенетикийн асуудлыг хөндөн тавьсан хэд хэдэн өгүүлэл хэвлэгджээ. Анхны палеогенетикийн судалгааг Булган аймгийн Хантай сумын нутаг, Эгийн голын Бурхан толгой гэх газар малтан судалсан 100 гаруй булшны яснаас сонгон авсан 60 орчим дээжид хийснээр хүннүгийн хүн амын бүрэлдэхүүнийг генетикийн түвшинд хэлэлцэх боломж нээгдсэн юм. Эгийн голын хүннү нар Бурхан толгойд 400 гаруй жилийн турш үхэгсэдийг оршуулж ирсэн нь (19, 18) хүннүгийн овог аймгийн бүтэц бүрэлдэхүүнийг судлахад чухал ач холбогдолтой хэрэглэгдэхүүн болж байна. Эгийн голын хүннү нарт Азийн А, В4b, С, D4, D5 эсвэл D5 буюу F1b митохондр гапло бүлэг 89 %, Европын U2, U5a1a болон J1 митохондр гапло бүлэг ойлцоогоор 11 % байгаа (19) буюу монгол төрхтөний гений сан давамгайлсан бүрэлдэхүүнтэй байна.

Түүнчлэн, бидний хийсэн судалгаагаар Эгийн голын Баруун Бэлсэгийн 29-р хүннү булшны бодгаль митохондрын C4a1a4a гапло бүлгийг тээгч байсан бөгөөд мөн Уургын голын хүрлийн хожуу үеийн дугуй булшны бодгаль яг ижил гапло бүлгийг

тээгч байгаагаас үзэхэд Эгийн голын эртний хүн амын гений сан 5 маш эртний залгамж холбоотой байх үндэстэй байна. С гапло бүлэг Дорнод болон Төв Азид элбэг тохиолдох бөгөөд хүннү нарт нэгэн адил илэрч байна. Үүнээс гадна Америк тивийн уугуул оршин суугчдын митохондрийн А, В, D болон Х гапло бүлгийн нэг болно. Эгийн голын хүннү булшны палеогенетикийн судалгаатай зэрэгцүүлэн Эгийн голын орчин үеийн хүн амын дунд хийсэн судалгаагаар митохонд ДНХ-ийн 9 гапло бүлэг, мөн SNP-ийн 27 гапло бүлэг тухайн нутгийн эртний хүннүтэй ижил төстэй байгаа ажээ. Keyser-Tracqui нарын дараагийн судалгаа Эгийн голын одоогийн хүн ам, орчин цагийн монголчууд, орчин цагийн якут болон турк улсын хүн амын митохонд ДНХ өгөгдөхүүнтэй харьцуулан судлахад Эгийн голын хүннүгийн 8 гапло хэв шинж Эгийн голын одоогийн хүн амд, 4 гапло хэв шинж орчин цагийн монголын хүн ам, якутын хүн амд 2 байсан бол туркууд тусдаа кластер болж байна (18). Түүнчлэн, Өвөр Байгалийн Дэрст күтлүг, Ёнхор, Ильмийн ам болон Доод Иволгын хүннүгийн оршуулгын газрын 12 дээжийг судлахад зүүн евразийн А4, В5b, С, D баруун евразийн U2a, U7 зэрэг митохондрын 7 гапло бүлэг гарсан бөгөөд (5) Эгийн голын хүннү болон орчин үеийн монголчуудын гений сантай маш төстэй байна. Үүнээс гадна Архангайн Батцэнгэл, Эрдэнэмандал, Өгийнуур, Өвөрхангайн Өлзийт, Богд, Булганы Хутаг-Өндөр, Бүрэгхангай, Сайхан болон Эгийн гол, Төв аймгийн Баян-Өнжүүл, Өндөр-Сантын 48 хүннү булшны дээжийг судлахад 39 гапло хэв шинжийн 15 гапло бүлэг гарчээ. Зүүн зүгийн (Евразийн зүүн хэсэг) А, В, С, D, G, М, Y болон Z, баруун зүгийн (Евразийн баруун хэсэг) Н, HV, J, R, T, U, V болон W митохонд гапло бүлгүүд гарсан ба Баруун Евразийн гапло бүлэг хүрлийн үеийнхээс буурч 37,5 % болж, харин Дорнод Евразийн гапло бүлэг 6265 % болж илт давамгайлах болсон ажээ. Энэ нь хүрэл, төмрийн түрүү үед хиргисүүр, буган хөшөөний соёлыг тээгч европ гаралтай угсаатны бүлгүүд зонхилсон шилжилт хөдөлгөөн болсонтой холбоотой бололтой. Тэд Дундад Азийг чиглэн скиф маягийн соёл бий болход түлхэц үзүүлжээ.

Төв Монголын хүннүгийн хүн амыг хүрлийн үеийн Төв Монгол (НТӨ 1500-500), Төв Монголын афанасьев (НТӨ 2650-2400), эзэнт гүрний үеийн Төв Монгол (НТ 1200-1400), Минусын хотгор (НТӨ 700), Зүүн Өмнөд Таримын сав газар (НТӨ 1000-800), Умард Хятадын хүн ам ба дундад эртний Унгар (НТ 900-1000), Онгуд аймаг (НТ 1127-1368), Өвөр Монгол ба Пазырик (НТӨ 800-300), Алтайн сак ба Юань улсын умард нийслэл Шанду (эртний оршуулагын газар) (НТ 1260-1400), Тагарын

соёл (НТӨ1000-100), Минусын хотгор ба Таоџiazhai оршуулгын газар (НТ 200-400), Циньхай ба Тэнгэр уулын Weilu оршуулгын газар (НТӨ 1900-1300) зэрэг эртний хүн амын 14 бүлэгтэй харьцуулахад эрс ялгаа харагдахгүй байна (23).

Дээрх судалгааны хүрээнд монголын хүрэл, төмрийн түрүү үе болон хүннүд илэрч буй митохондр гапло бүлгүүдийг харьцуулж үзэхэд хүрлийн үед одоогоор бүртгэгдээгүй байгаа Баруун Евразийн U, T, W болон Зүүн Евразийн Y, F гапло бүлэг хүннүд шинээр нэмэгдсэн бол хүрлийн үед байсан K гапло бүлэг хасагдсан байна. Энэ нь орон нутгийн чанартай шилт хөдөлгөөнтэй холбоотой бололтой. U гапло бүлэг одоогоор Өвөр Байгал, Эгийн гол болон Архангайн хүннүд байгаа бол Пазырикийн 6 соёлд U, T, H зонхилох гапло бүлэг болж гуравын нэг хувийг нь эзэлдэг ажээ. Y гапло бүлэг сяцядяны соёлд байхгүй, харин Төв Хятадын Taosi соёл, нивхи, айна болон Зүүн Азид, F1b гапло бүлэг сяцядяны соёл, Дорнод Хятад, Японд илүүтэй тохиолдохоос гадна орчин үеийн монгол, буриадад байх ажээ. Үүнээс үзвэл хүннүгийн хүн амын бүрэлдэхүүнд пазырыкчууд болон соёлын хамаадал нь одоогоор төдийлөн тодорхойгүй шинэ оршин суугчид нэмэгдсэн байна. Гэхдээ дээрх гапло бүлгүүд дараа дараагийн судалгаагаар илрэх болох юм. Хэмжилтийн бус үзүүлэлт болон шүдний судалгаагаар Эгийн голын хүннү нарт, хүннү хэв шинж харагдахгүй байгаа ба харин сяньби болон умард хятадын доод сяцядяны соёл, Шиньжаны Тэнгэр уулын Weilu оршуулгын газрын хүн амтай ойртох хандлагатай байна (21, 22).

Түүнчлэн, тохиолдолын байдлаар сонгон авсан оюутнуудын ДНХ дээжид хийсэн судалгаагаар Хөвсгөл аймгийн нэг оюутан W1d, Завханы өөр нэг оюутан HV6 гапло бүлгийг тээгч байлаа. Манай судалгааны өөр нэгэн чиглэл бол орчин үеийн монголчуудын дунд хийсэн генетикийн судалгаа байлаа. Өмнөх судалгаанд бүртгэгдээгүй HV ялангуяа, W, I зэрэг бага тархалттай гапло бүлэг орчин үеийн монголд байгааг тогтоосон нь уг ажлын нэгэн чухал үр дүн болох бөгөөд одоогоор Хөвсгөл, Завхан, Хэнтий болон Дундговь зэрэг аймгийн 7 оюутны 4 нь Баруун Ази ба европчуудын дунд илүү өргөн тархсан дээр дурдсан гапло бүлгийг тээгчид, үлдсэн 3 нь A, C, D, G гэх мэт Дорнод болон Төв Азид өндөр давтамжтай гений санг тээгчид болж байгаа нь ерөнхийдээ хүннү нарын хүн амын бүтэц бүрэлдэхүүнийг эрхгүй санагдуулж байна.

A4, D, C гапло бүлгийн тодорхой хувилбарууд Өмнөд Сибирь (Өвөр Байгал ороод), Төв Азийн уугуул хүн амын гений санд байгаа ба хүннүгийн ген байж болох юм (5). Хүннүгийн митохондр ДНХ-ийн нийтлэг гапло бүлгүүд орон нутгийн хүн амаас гаралтай бөгөөд гадны эх сурвалжаас орж ирсэн ген байхгүй байгаа нь (22) тухайн нутгийн хүрлийн үеийн үндсэн оршин суугч хүн ам, шинээр шилжин ирж суурьшигсадтай генетикийн талаасаа шууд холбоотой байсан бололтой.

Үүнээс гадна Сибирийн хойд хязгаараас гаралтай бололтой C5b1b хувилбар байна (5). Ухаа худагийн хүрлийн дунд үед холбогдох түрүүлгэ нь харуулж оршуулдаг соёлын булшны бодгаль C5 гапло бүлэг [Монголын соёл II, 2011:277.287] байсан ба Эгийн голын 47-р булшны бодгаль мөн адил байгаа нь дээрх гапло бүлгийг тээгчид цөөнгүй байсныг харуулж байгаа бололтой. Монголын Эзэнт гүрний бүс нутгийн хүрээнд C(5) гапло хэв шинж түгээмэл байна (23) C5 гапло бүлэг Энэтхэгийн баруун хойд ба зүүн хойд хэсэг, Пакистаны өмнөд, Саудын Арабын дорнод хэсэг болон Непалд бага давтамжтай байдаг ажээ.

Дараагийн бүлэг хувилбар B4, B5 гапло бүлэг орчин үеийн Хятадын өмнөд муж болон Зүүн Өмнөд Азид илүү тархсан байх ажээ. Энэ нь хятад сурвалжид дурдсан хүннү, хятад хоёрын эртний холбоог тусгаж байж болох талтай гэж Пилипенко нар үзсэн [2011:222-225]. B гапло бүлэг сяцядяны соёлд одоогоор бүртгэгдээгүй байна. B гапло бүлэг орчин үеийн монголчуудад өндөр давтамжтай гардаг митохондрин D, C, M гапло бүлгийн дараа орж байгаа юм. Хүннү нарын гарал үүслийн талаарх хамгийн эртний домог Сыма Цянь-ы “Хүннүгийн шастир”-т гардаг бөгөөд судлаачид янз бүрийн өнцгөөс тайлбарласаар 7 ирсэн. Уг домогт өгүүлснээр “Хүннүгийн өвөг дээдэс бол ся-хоу овгийн удам бөгөөд Шуньвэй гэдэг” гэжээ. Эртний Хятадын тайлбарлагчдын тайлбараар Ся улсын сүүлчийн эзэн хаан Цзе харгис хэрцгий байсан учир Шан улсын (НТӨ 1766-1122) эзэн Тан түүнийг довтлон Минтао газар цөлжээ. Тэр гурван жил болоод үхэхэд түүний хүү Хуньюй нь Цзегийн татвар эмтэй гэрлэн, умар зүгт явж мал маллан, нүүдэллэн амьдрах болжээ. Тэднийг хятадууд хүннү гэх болсон (7). Судлаач Г.Сүхбаатар уг домгийг эрс няцаасан, нөгөө талаас дээрх судлаачийн санааг батлах боломж харагдахгүй байна.

Учир нь Америкийн уугуул оршин суугчдын дунд митохондрин A, B, C, D ба X зэрэг 5 гапло бүлэг зонхилдог бөгөөд индианчуудын өвөг дээдэс 34-17 мянган

жилийн тэртээ Өмнөд Сибирь, Төв Ази ба түүний зүүн бүсээс Берингийн хоолойг дамжин хэд хэдэн удаагийн нүүдлээр Америк тивд хүрсэн байна. Өөрөөр хэлвэл дээрх домог үүссэн цаг хугацаанаас өмнө В гаплог бүлгийг тээгчид Төв Азид шилжин ирж тэдний нэг хэсэг нь цаашлан нүүж, шинэ тивийн анхны оршин суугчдын нэг болсон байж магадгүй юм. Иймээс Пилипенко нарын таамаглал эргэлзээтэй байгаа бөгөөд дахин нягтлан үзэх шаардлагатай.

Монгол, Өмнөд Солонгосын судлаачдын хамтарсан “Азийн хүн амын шилжилт хөдөлгөөн ба ээдрээтэй гарал үүсэл” төслийн хүрээнд хийсэн судалгаагаар Монголын хүннү нарын митохондр ДНХ-ийн гаплог бүлгийг тодорхойлсон байна. Хүннүд А, В, N, G, D5, D4a, D4, D, C, M9, M, R болон F гаплог бүлгүүд илэрсэн бөгөөд G, C нийтлэг шинжтэй, харин Дорнод Монголын хүннү нарт өндөр давтамжтай байжээ. C, D гаплог бүлэг Дорнод Монголын хүннү нарт түгээмэл байхын хамт орчин үеийн монголчуудад тархмал байдаг ажээ. Баруун Монголын хүннү нарт R гаплог бүлэг илүү тохиолдох ба мөн л одоогийн монголчуудын дунд байна (10). Хэнтий аймгийн Баян-Адаргын Дуурлигийн хүннү булшны бодгаль эцгийн талын R1a1, эхийн талын U2e1 гаплог бүлэгтэй евразийн баруун бүсийн гаралтай эрэгтэй хүн байсан байна (20). Y-хромсомын R1a гаплог бүлэг афанасьев, андронов, карасук, пазырык, тагар болон ташьтыкын соёлд илэрсэн бөгөөд Төв ба Дорнод Европ, Дундад ба Өмнөд Ази орчин үеийн Алтайчууд, киргиз, уйгурчуудад өндөр давтамжтай байдаг зонхилгч гений болно. Митохондрийн U2e гаплог бүлэг Туркменистан, Тажикстан болон Пакистаны Калашт өндөр давтамжтай байх ажээ.

Эгийн голын Бурхан толгойн хүннү булшны G2a гаплог бүлгийн бодгаль Баянхонгорын Хар сайрын хүрлийн хожуу үеийн хиргисүүр маягын 1-р булшны бодгальтай адил байгаа бол Умард Казахстаны төмрийн түрүү үеийн Бэрлигийн булшны бодгаль G2 гаплог бүлгийг тээгч байсан ажээ. G гаплог бүлэг одоогоор дөрвөлжин булшт соёлын хүрээнд нэг удаа бүртгэгдэжээ. Монголын хүрлийн хожуу үеийн бусад дурсгал болон орчин үеийн монголчуудад илэрсэн байна. Уг гаплог бүлэг орчин үеийн Зүүн хойт Сибирь, Төвд, Уйгурт харьцангуй их байх боловч Төв болон Дорнод Азид бага тохиолдох ажээ. Судалгааны хэрэглэгдэхүүнээс үзэхэд хүннү нарт Евразийн зүүн бүсийн гаплог бүлэг давамгайлж, харин Евразийн дунд болон баруун бүсийн гаплог бүлэг удаалж байгаа ба хүннүгийн томоохон оршуулгын газрыг хооронд нь харьцуулахад гений сангийн зарим бүлгээрээ ялгагдах тал ажиглагдаж

байна. Гэхдээ энэ онцлог хүрлийн түрүү үеэс эхлэн тавигдсан бололтой бөгөөд хүрлийн дунд болон хожуу үеэс эхлэн 8 Монгол Алтай болон Хангайн нурууны хооронд монгол, европ завсарын хэв шинжийг хадгалсан бүхэл бүтэн угсаатны бүлгүүд бий болсон нь археологи, палеоантропологийн судалгаанд тодорхой илэрч байдаг бөгөөд энэ талаар янз бүрийн түвшинд дэвшүүлэн тавьсан онолын таамаглалыг палеогенетикийн судалгаагаар батлах эсвэл үгүйсгэх боломж бий болжээ. Афанасьевчуудаас хойш тус бүс нутгийн нүүр царайг эрс өөрчлөхөд хүргэсэн европ төрхтөн ард түмний том хэмжээний шилжилт хөдөлгөөн болсон гэх шинж тэмдэг археологийн соёлуудад илрэхгүй байна. Гэхдээ бүс нутгийн шинжтэй ойр зуурын шилжилт хөдөлгөөн тасралтгүй явагдаж байсан бололтой бөгөөд энэ нь монголын хэрэглэгдэхүүн дээр хийсэн палеогенетикийн судалгаанд тодорхой харагдаж байна. Тухайбал, хүрлийн хожуу үеэс Өвөр Монголын тал нутаг, Хөх нуур, Ганьсу, Тэнгэр уулын өмнө зүгийн овог, аймгууд магадгүй Хятадын Инь, Жоу улсын дайнч бодлого болон дотоодын зөрчил тэмцэл, дайн самууны улмаас умрыг зорин шилжин нүүж эхэлсэн байж болно. Мөн цаг агаарын өөрчлөлт нөлөөлсөн байж болох юм.

Хүннүгийн бүрэлдэхүүнд европ болон монгол төрхтөний, угсаатны олон бүлэг оролцсон боловч тэд чухам ямар хэлээр хоорондоо ярилцаж байсан нь сонирхолтой асуудал юм. Бидэнд ойлгомжтой байгаа нэг асуудал бол хүннүгийн бүрэлдэхүүнд индоевропын ямар нэг хэл магадгүй судлаачдын үзэж байгаачилан тохар хэл, монгол, түрэг, зүрчид хэл, фино-угор болон палеоазийн хэлээр ярилцагч ард түмэн оролцсон байна. Гэхдээ Төв Азид шилжин ирсэн европ төрхтөнүүд эхэн үедээ аж ахуй, соёлын зарим дэвшилт зүйлийг тээж ирсэн боловч яваандаа өөр хэл соёлын хүрээлэлд хүн амын цөөнх болж аажмаар бүрэн ижилсэн ууссан бол фино-угор ба палеоазийн хэлээр ярилцагч угсаатны жижиг бүлгүүд зах, хязгаар газраар оршин сууж хэл соёлын талаар давамгайлж байсан гэх үндэс харагдахгүй байгаа учир түрэг, монгол хэлний аль нэг нь зонхилогч нийтийн хэл байсан болов уу. Гэсэн хэдий ч эртний индоевропын хэл аялгуу монгол, түрэг хэлэнд гүн ул мөрөө үлдээсэн цөөнгүй жишээ баримт бий.

Монголын хүрэл, төмрийн түрүү үе, Хүннү болон Монголын Нэгдсэн улсын үеийн хэрэглэгдэхүүн дээр хийсэн палеогенетикийн судалгааны өгөгдөхүүнээс үзэхэд хүрэл, хүннү хоёр болон хүннү, монголын эзэнт гүрний хүн ам гений сангийн

хувьд адил байгаа бол хүрэл болон Монголын нэгдсэн улсын үеийн хүн ам гений сангийн хувьд өөр байна гэж үзжээ. Энэ ялгаа юуны өмнө хүрлийн үеэс эхлээд евразийн баруун бүсийн гапло бүлэг хүннүг дамжин цөөрсөөр Монголын нэгдсэн улсын үед 20.8 % болон буурч, харин зүүн бүсийн гапло бүлэг 79.2 % болж өссөн ажээ. Судалгааны хэрэглэгдхүүнээс үзэхэд хүрлийн хожуу үеэс хүннүгийн үе хүртэл тус нутагт оршин сууж байсан хүн амын гений санд эрс өөрчлөлт гараагүй байна. Хүннү улс НТ 160 оны орчим мөхөж түүхийн тавцанд Сяньби, Жужан, Түрэг болон Уйгур зэрэг улс монгол нутагт удаа дараалан төр улсаа байгуулсан гэж олонхи судлаачид үздэг. Гэвч өнөөдрийг хүртэл НТ II-VI зууны цаг үед холбогдох цөөн дурсгалыг Эгийн гол, Орхон аймгийн Айрагийн гозгор (4), Баян-Өлгий аймгийн Ногооннуур сумын Бургастай (9) зэрэг Төв болон Баруун Монголд судалж байгаа ба бүгд сяньбийн цаг үед холбогдох төлөвтэй байгаа юм. Харин жужаны цаг үед баттай холбогдох дурсгал одоогоор төдийлөн мэдэгдээгүй байна. Монголын албан түүхэнд түрэг хэлт ард түмэн, харь ард түмэн гэж томъёолдог түрэг, уйгурын үеийн цөөвтөр булшийг малтан судалсан боловч антропологийн 9 хэмжилт судалгаа байхгүй. Өөрөөр хэлбэл, хүннүгээс X-XII зууны монголчууд хүртэлх угсаа гарвацийн залгамж холбоог мөшгөх мянга гаруй жилийн палеоантропологи, палеогенетикийн судалгаа тун ядмаг байна. Ялангуяа, түрэг, уйгур болон тэлэ овог аймгуудын уг гарвацийн асуудал ээдрээтэй боловч монголчуудын угсаа гарвацийн судалгаанд тэргүүн зэргийн чухал ач холбогдолтой зангилаа тэнд оршиж байгаа болно.

Ном зүй

1. Бембеев др 2013 - Бембеев Е.В., Команджаев А.Н. Происхождение хунну в свете данных археологии, антропологии и анализа письменных источников. Вестник Калмыцкого Университета. Вып 2 (18). с. 14-21 Волков 1967 – Волков В.В. Бронзовый и ранний железный века Северной Монголии. Изд. АН МНР. УБ. с. 95
2. Доржсүрэн 1961 - Доржсүрэн Ц. Умард хүннү. УБ. т. 14 Комиссаров 1988 – Комиссаров С.А. Комплекс вооружения древнего Китая эпоха поздней бронзы. История и культура Востока Азии. Изд-во “Наука”. НСб.
3. Миняев 1982 - Миняев С.С. Бронзовые изделия хунну. Автореф. Дис. ...канд. ист. наук. Л., Монголын соёл II 2011 - Монголын соёлын өвийн судалгаа II. Солонгос-Монгол хамтарсан судалгаа. УБ. т. 277-287
4. Одбаатар нар., 2015 - Одбаатар Ц., Энхболд С., Бүрэнтөгс Г. Орхон аймгийн Жаргалант сумын Айрагийн гозгор хэмээх газарт явуулсан археологийн малтлага судалгааны тайлан. МҮМНС. УБ.
5. Пилипенко нар 2011 - Пилипенко А.С., Полосьмак Н.В., Коновалов П.Б.,
6. Журавлёв А.А. Генефонд митохондриальной ДНК хунну Забайкалья. Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных территории. Изд-во Института Археологии и Этнографии СО РАН, Т. XVII. Нсб. с. 222-225
7. Сүхбаатар 2011 - Сүхбаатар Г. Монголчуудын эртний түүх судлал. 1-р боть. УБ. т. 190
8. Төрбат, 2004 - Төрбат Ц. Хүннүгийн жирийн иргэдийн булш. УБ. т. 8-19, 52
9. Төрбат нар., 2016 - Төрбат Ц., Баярхүү Н., Лепец С., Бернад В. Монгол-Францын “Монгол Алтайн түрүү түүхэн ба түүхэн үеийн оршин суугчдын цогц судалгаа” төслийн хээрийн шинжилгээний ажлын тайлан. ШУА-ийн Түүх, археологийн хүрээлэнгийн ТБМС. УБ.
10. Түмэн, 2011 - Тумен Д. Антропология Хунну // Древние культуры Монголии и Байкальской Сибири. Изд-во ИГТУ. Иркутск. с. 372-374 10
11. Тянь Гуанцзинь, 1983 - Тянь Гуанцзинь. Цзиньняньлай нэй мэngu дицюю сюнну каогу [Археология сюнну в районе Внутренняя Монголия за последние годы] //Каогу сюебао. JSfe 1:1983. с. 27-35
12. Шульга, 2011 - Шульга П.И. Об истоках погребального обряда хунну //
13. Древние культуры Монголии и Байкальской Сибири. Изд-во ИГТУ, Иркутск. с. 391
14. Honeychurch, 2015 - Inner Asia and the Spatial Politics of Empire: Archaeology, Mobility, and Culture Contact. NY.
15. Honeychurch, 2013 - Honeychurch, William. The Nomad as State Builder: Historical Theory and Material Evidence from Mongolia. Journal of World Prehistory. 26:4:283-321.
16. Honeychurch et al., 2006a-Honeychurch W., Amartuvshin Ch. States on Horseback: The Rise of Inner Asian Confederations and Empires. In Miriam Stark (ed.), Asian Archaeology. Oxford.
17. Honeychurch et al., 2006b - Honeychurch W., Amartuvshin Ch. Survey and Settlement in Northern Mongolia: The Structure of Intra-regional Nomadic Organization //Beyond the Steppe and the Sown: Proceedings of the University of Chicago Conference on Eurasian Archaeology. Leiden.
18. Keyser-Tracqui et al., 2006 - Christine Keyser-Tracqui., Eric Crubezy., Horolma Pamzsav., Tibor Varga and Bertrand Ludes. Population Origins in Mongolia: Genetic

- Sturcture Analysis of Ancient and Modern DNA. American Journal of Physical Anthropology.
19. Keyser-Tracqui et al., 2003 - Christine Keyser-Tracqui., Eric Crubezy and Bertrand Ludes. Nuclear and Mitochondrial DNA Analysis of a 2000 Year Old Necropolis in the Egyin Gol Valley of Mongolia. Genetic Analysis of a Xiongnu Population.
 20. Kim et al 2010 - Kijeong Kim., Charles H. Brenner., Victor H. Mair., Kwang-Ho Lee., Jae-Hyun Kim., Eregzen Gelegdorj., Natsag Batbold., Yi-Chung Song., Hyeung-Won Yun., Eun-Jeong Chang., Gavaachimed Lkhagvasuren., Munkhtsetseg Bazarragchaa., Ae-Ja Park., Inja Lim., Yun-Pyo Hong., Wonyong Kim., Sang-In Chung., Dae-Jin Kim., Yoon-Hee Chung., Sung-Su Kim., Won-Bok Lee and Kyung-Yong Kim. A Western Eurasian Male Is Found in 2000 year old Elite Xiongnu Cemetery in Northeast Mongolia. American Journal of Physical Anthropology. Rogers, 2016 - Leland Liu Rogers. Understanding ancient human population genetics of the Eastern Euroasian steppe through mitochondrial DNA analysis: Central Mongolian samples from the Neolithic, Bronze age, Iron age and Mongol Empire periods. Indiana University. p. 55-62
 21. Schmidt, Seguchi 2016 - Ryan W.Schmidt., Noriko Seguchi. Craniofacial variation of the Xiongnu Iron Age nomads of Mongolia reveals their possible origins and population history. Quaternary International. Vol 405. p. 110–121
 22. Shelach, 2009 - Shelach G. Prehistoric societies on the northern frontiers of China: Archaeological perspective on identity formation and economic change during the first millennium BC. London.
 23. Rogers, 2016 - Leland Liu Rogers. Understanding ancient human population genetics of the Eastern Euroasian steppe through mitochondrial DNA analysis: Central Mongolian samples from the Neolithic, Bronze age, Iron age and Mongol Empire periods. Indiana University 2016. p. 55-62

II.2 Ямаа (*Capra hircus*)

II.2.1 Орчин үеийн ямаа

II.2.1.1 Орчин үеийн ямааны судлагдсан байдал

Гэрийн ямаа (*Capra hircus*) нь газар зүйн хувьд дасалдан зохицож хамгийн өргөн малын нэг юм. Ямаа нь хүн төрөлхтөнд олон янзын ашигтай хүнсийг өгдөг (жишээ нь: мах, сүү ба эслэг гэх мэт), энэ үзүүлэлтүүд нь хүн гаршуулсан амьтдын дотроос ямааг маш ашигтай амьтдын нэг болгосон. Ямааны гарал үүсэл, генетик олон янз байдал, ямааг хадгалж үлдэх болон тогтвортой ашиглахад удаан хугацаанд анхаарал хандуулж ирсэн. Эукариот эсийн генетик холбоог молекул-биологийн янз бүрийн маркерийг ашиглан судалдаг. Үүний дотроос хамгийн өргөн ашиглагддаг нь мтДНХ-ийн дараалал юм.

Монгол үүлдрийн ямааны гол онцлог нь Төв Азийн байгаль, цаг уурын эрс тэс нөхцөлд бэлчээрээр маллахад бүрэн зохилдсон ялангуяа говь, цөлөрхөг болон өндөр уулын бэлчээрийг чадамгай ашигладаг, биологи-аж ахуйн өвөрмөц онцлогтой. Өнөөгийн байдлаар манайд Монгол үүлдэр, Завхан буурал, Баяндэлгэрийн улаан, залаа жинст эдрэн, Алтай улаан, эрчим хар, Өлгийн улаан, говь гурван сайхан, уулын бор гэх 9 үүлдэр 1 бөмбөгөрийн улаан омог бүртгэгдээд байгаа. Бид судалгаандаа 4 омгийг хамруулсан (Завхан буурал, Баяндэлгэр улаан, Эрчмийн хар, Залаа жинстийн цагаан).

1970 оноос Завхан аймгийн хэмжээнд тулман хөхт ямааг илрүүлж, түүний тархалтын хүрээг тогтоох ажлыг ХААҮТС-ийн мэргэжилтнүүдийн оролцоотойгоор зохион явуулсны үр дүнд Алдархаан, Цагаан хайрхан, Дөрвөлжин, Ургамал, Цэцэн уул сумын тулман хөхт, цагаан болон улаан халтар, хар зүсмийн ямаан сүргийг 1971-1972 онуудад Дөрвөлжин сумын Цогт бригадад бөөгнүүлж, улмаар 1988 онд ноолуурын ямааны улсын үржлийн ферм байгуулж, шинжлэх ухааны үндэслэлтэй эрдэм-шинжилгээ үйлдвэрлэлийн ажил явуулж, тохиромжтой хэвшлийн ямааг “өөр дотор” нь сонгон үржүүлэх аргаар 30 шахам жил явуулсан үржил-селекцийн ажлын үр дүнд их нуурын хотгор орчмын болон хангайн бүсэд зохицсон нарийн /кашмир/ ноолуур, мах сүүний чиглэлийн “Завхан буурал” үүлдрийн ямаа бий болжээ (<https://www.muz.gov.mn/strains/animal/5>).

Баяндэлгэр сумын улаан ямааг 1960-аад оны үед орон нутгийн удирдлага, мал аж ахуйн мэргэжилтнүүд тусгай сүрэглэж, 1970-аад оны үед Асгат дахь ХАА-н үйлдвэрлэл туршлага станцаас эрхлэн үржил селекцийн ажил явуулах эхлэлийг тавьсан байна. 1985 онд нутгийн шилмэл улаан ямаа үржүүлэх улсын үржлийн фермийг 7,5 мянган ямаатайгаар байгуулж, чийрэг бие цогцостой, ноолууржилт сайтай улаан, үзмэн хүрэн, шарга зүсмийн ямааг шилэн сонгож, тохиромжтой хэвшлийн ямааг “өөр дотор нь” үржүүлэх аргаар тал хээрийн бүсэд зохицсон нарийн (кашмир) ноолуур, мах сүүний чиглэлийн “Баяндэлгэрийн улаан” үүлдрийн ямаа бий болгожээ (<https://www.muz.gov.mn/strains/animal/5>).

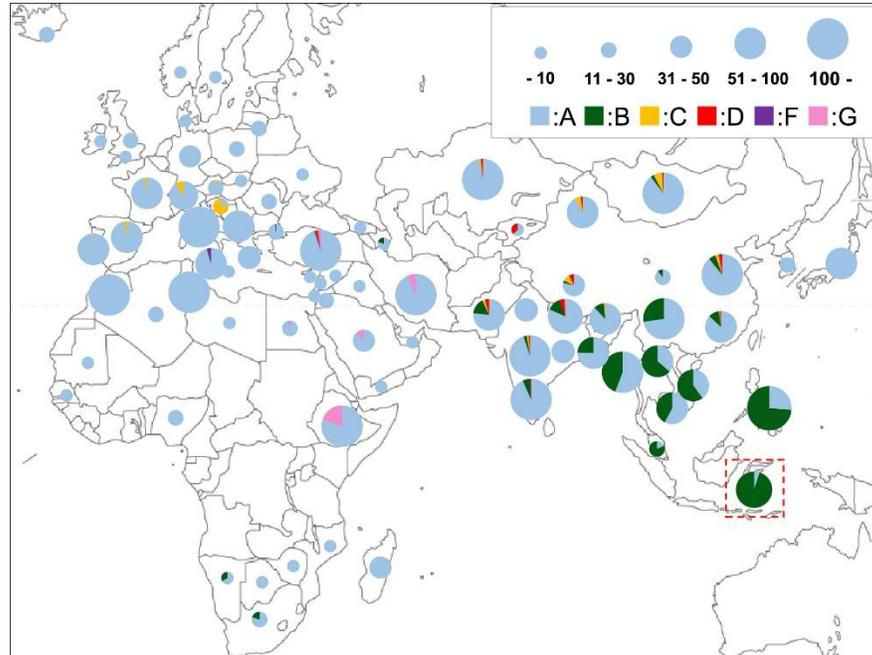
Баянхонгор аймгийн Шинэжинст, Баян-Өндөр сумдад 1950-аад оны сүүлчээр нэгдэл байгуулагдаж, түүнээс хойш нутгийн монгол ямааг донын хавийн үүлдрийн гаралтай ухнаар эрлийзжүүлж байгаад 1987 оноос цагаан ямааг ангилан суурилж, “өөр дотор нь” үржүүлж эхэлснээр өөр хоорондоо мэдэгдэхүйц ялгаатай удмуудыг бий болгож, удам дагуулах болон удам хоорондын солбицуулах аргуудыг ашиглан говь, цөлийн бүсэд зохицсон нарийн (кашмир) цагаан ноолуур, мах сүүний чиглэлийн “Залаажинст-Эдрэн” үүлдрийн ямаа бий болжээ (<https://www.muz.gov.mn/strains/animal/5>).

Ойт хээрийн бүс дэх Хөвсгөл аймгийн Төмөрбулаг сумын нөхцөлд ардын уламжлалт селекцийн үр дүнд бий болсон ямаан сүргийг түшиглэн Горно-Алтай үүлдрийн ямаагаар сайжруулах ажлыг шинжлэх ухааны үндэстэй явуулсны үр дүнд ноолуур-мах сүүний ашиг шимийн чиглэлийн Эрчим хар ямааг бий болгожээ (<https://www.muz.gov.mn/strains/animal/5>).

II.2.1.2 Орчин үеийн ямааны мтДНХ-ийн судлагдсан байдал

Гэрийн ямаа (*Capra hircus*) нь газар зүйн хувьд дасалдан зохицож хамгийн өргөн малын нэг юм. Ямаа нь хүн төрөлхтөнд олон янзын ашигтай хүнсийг өгдөг (жишээ нь: мах, сүү ба эслэг гэх мэт), энэ үзүүлэлтүүд нь хүн гаршуулсан амьтадын дотроос ямааг маш ашигтай амьтадын нэг болгосон. Ямааны гарал үүсэл, генетик олон янз байдал, ямааг хадгалж үлдэх болон тогтвортой ашиглахад удаан хугацаанд анхаарал хандуулж ирсэн. Эукариот эсийн генетик холбоог молекул-биологийн янз бүрийн маркерийг ашиглан судалдаг. Үүний дотроос хамгийн өргөн ашиглагддаг нь мтДНХ-ийн дараалал юм. Ямааны референс дарааллыг А, В, С, D, F, G гэх 6 гол

гапlobүлэг болгодог (зураг 27, хүснэгт 9, зураг 28). Үүнээс В гапlobүлэг голдуу ази даяр тодорхойлогддог бага тоогоор Сахараас урд хэсэгт мөн Грецийн нэг ямаанд тодорхойлогдсон байна. В2 зөвхөн Монгол, Хятадаар хязгаарлагддаг байна. С гапlobүлэг Ази ба Европ тодорхойлогддог байна.



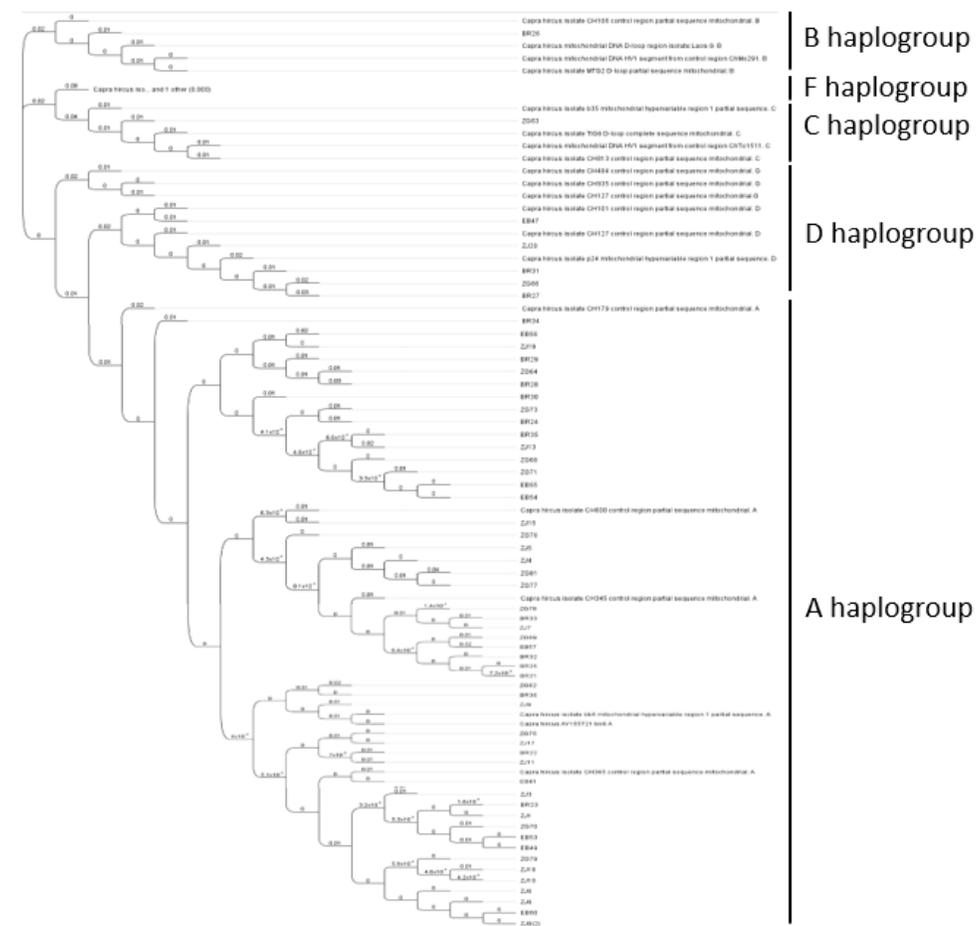
Зураг 27. Ямааны референс дарааллыг А, В, С, D, F, G гэх 6 гол гапlobүлэг.

Хүснэгт 9. The haplogroup specification of 22 modern reference goats (3).

Accession no.	H*	Region	Original work	Ref. 1	Ref. 2
AY155721	A	India	Joshi <i>et al.</i> , 2004	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
EF618134	A	Italy	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
EF617779	A	France	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
EF618200	A	Jordan	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
EF617945	A	Iran	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010

EF617965	A	Iran	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
AB044303	B	Laos	Mannen <i>et al.</i> , 2001	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
EF617706	B	Azerbaijan	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
AJ317833	B	Mongolia	Luikart <i>et al.</i> , 2001	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
DQ121578	B	China	Liu <i>et al.</i> , 2006	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
AY155708	C	India	Joshi <i>et al.</i> , 2004	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
AJ317838	C	Switzerland	Luikart <i>et al.</i> , 2001	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
EF618413	C	Spain	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
DQ188892	C	China	Liu <i>et al.</i> , 2005	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
AY155952	D	India	Joshi <i>et al.</i> , 2004	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
EF617701	D	Austria	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
DQ188893	D	China	Liu <i>et al.</i> , 2005	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
DQ241349	F	Sicily	Sardina <i>et al.</i> , 2006	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
DQ241351	F	Sicily	Sardina <i>et al.</i> , 2006	Naderi <i>et al.</i> , 2007	Han <i>et al.</i> , 2010
EF618084	G	Iran	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
EF618535	G	Turkey	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010
EF617727	G	Egypt	Naderi <i>et al.</i> , 2007	NA	Han <i>et al.</i> , 2010

*H, haplogroup; NA, not announced or applicable



Зураг 28. Phylogenetic tree of domestic goat (*C. hircus*) mtDNA D-loop of control region sequences, constructed by MEGA X software v10 using neighbor-joining method. Bootstrap resampling was calculated 1000. If phylogenetic tree separated into A, B, C, D, F haplogroups

II.2.1.2 Материал арга зүй

II.2.1.2.1 Орчин үеийн Монгол ямааны дээж

Монголд орчин үеийн ямааны 10 үүлдэр байдгийн 4 үүлдрийг сонгон судалгаандаа хамруулаа. Судалгаанд Завхан буурал, Баяндэлгэр улаан, Эрчмийн хар, Залаа жинстийн цагаан 49 ямааны цусны дээж цуглуулав.

II.2.1.2.2 Цуснаас ДНХ ялгах арга зүй

Цусны дээжээс 50 мкл авч эппендорф тيوبенд шилжүүлээд дээр нь 250 мкл задлагч буфер (СТАВ буфер (10%), 5M Натрийн хлорид, 0.5M EDTA, 1M Tris-HCl (pH=8.0), β-меркаптоэтанол) болон 20мг/мкл концентрацитай протейназа К нэмээд

сайтар хольж инверт хийнэ. Холимог дээр хлороформ:изоамилын спирт (24:1) нэмээд 12000 грм-д 10 минут центрифугдэнэ. Дээрх шингэн фазыг шинэ тюбенд авч хийгээд дээр нь эзлэхүүний 1/3-тэй тэнцүү хэмжээтэй изопропанол: аммонын ацетат (5:1) нэмээд -20⁰С-д 30 минут тунадасжуулна. Үүний дараа 12000 грм-д 10 минут центрифугдээд дээрх шингэн фазыг асгаад тунадсыг 70% этанолоор угааж 12000 грм-д 10 минут центрифугдэнэ. Дээрх шингэн фазыг асгаад этанолыг уурштал өрөөний температурт инкубацлана. Тунадсыг 50 мкл давхар нэрсэн усанд уусгаж -20⁰С-д хадгална.

II.2.1.2.3 Полимеразын гинжин урвалаар (ПГУ) олшруулах

Орчин үеийн ямааны дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа

FW: 5'-CAGTCGAACATCCCTACATTATTATTGG-3'

REV: 5'-TTAGTCTTATTGATTTGGAGGGCGTTA-3'

праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 1500 хн болсон. Урвалын холимгийг DreamTaq PCR Master Mix ашиглаж зааврын дагуу бэлдэв. (Thermo scientificTM, Arktik Thermal cycler) ПГУ-ын машин дээр 95⁰С-д 2 минут; 95⁰С-д 30 секунд, 55⁰С-д 30 секунд, 72⁰С-д 2 минутаар 2-р циклээс 35 удаа давтан; 72⁰С-д 7 минут гүйцээн уртасгаад; 4⁰С-д хадгалах горимын дагуу урвалыг явуулав. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг гель электрофорезийн аргаар шалгав.

II.2.1.2.4 Нуклейн хүчлийн шинжилгээ

Солонгос улс дахь Макроген компанийн лабораторид эртний болон орчин үеийн ямааны мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоосон. Бид энэхүү судалгаагаар 22 ишлэл мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг ГенБанкнаас (22 ишлэл мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг 6 гаплогруппт хуваасан байна.) татаж авч өөрсдийн сонгож авсан 4 омгийн 56 дээжийн мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг (Завхан буурал, Баяндэлгэр улаан, Эрчмийн хар, Залаа жинстийн цагаан) харьцуулсан. Бид мтДНХ-ийн хяналтын дарааллыг MEGA X ба DnaSP онлайн программ ашиглан жишиг дараалалтай харьцуулж мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ялгаатай нуклеотидын байршлыг тогтоосон. MEGA X ба Arlequin v3.1.5 program ашиглан гапlobулгийг тогтоов. Эртний ямааны нуклеотидын дарааллыг *BLAST* (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) онлайн программ ашиглаж нуклеотидын

дараалал болгоныг GenBank reference sequence-тэй харцуулж Snapgene 2.3.2 ба mtDNA profiler программ ашиглан боловсруулалтыг хийв.

II.2.1.3 Үр дүн

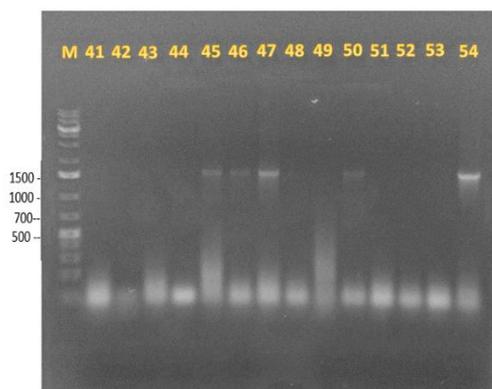
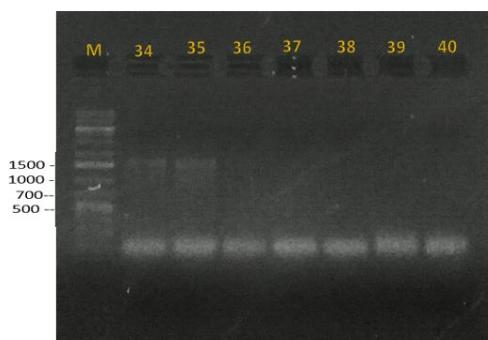
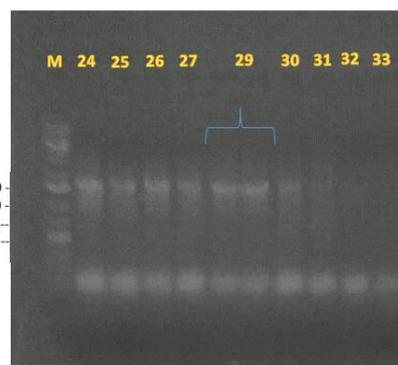
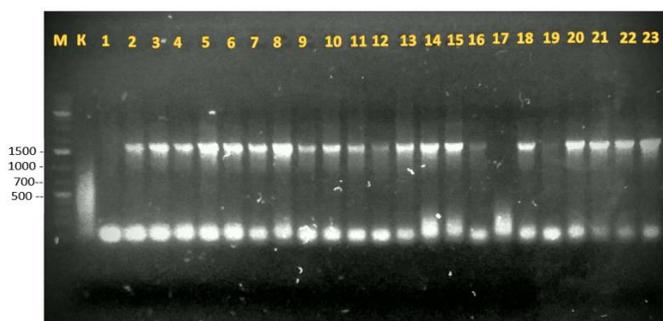
II.2.1.3.1 Орчин үеийн ямааны ДНХ-ийн ПГУ-ын үр дүн

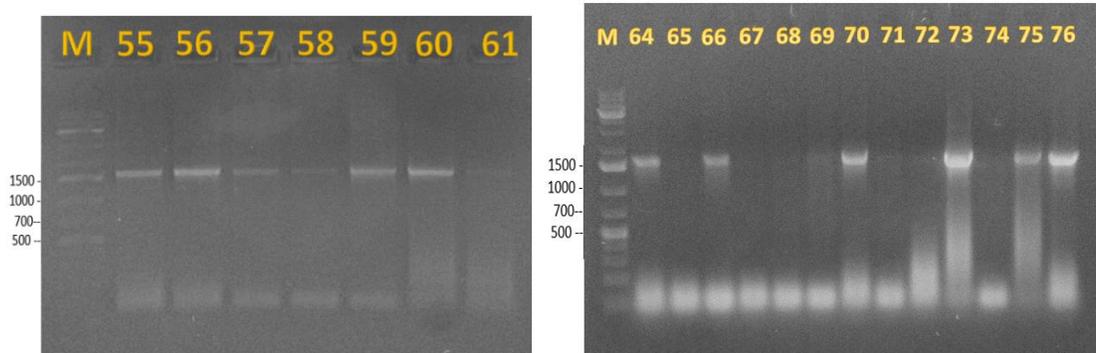
Судалгаанд Завхан буурал, Баяндэлгэр улаан, Эрчмийн хар, Залаа жинстийн цагаан 49 ямааны цусны дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа хэт хувьсамтгай 1-р хэсгийг

FW: 5'-CAGTCGAACATCCCTACATTATTATTGG-3',

REV: 5'-TTAGTCTTATTGATTTGGAGGGCGTTA-3'

праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 1500 х.н. болсон (зураг 29). Нийт 76 сорьц дээр ПГУ явуулав.

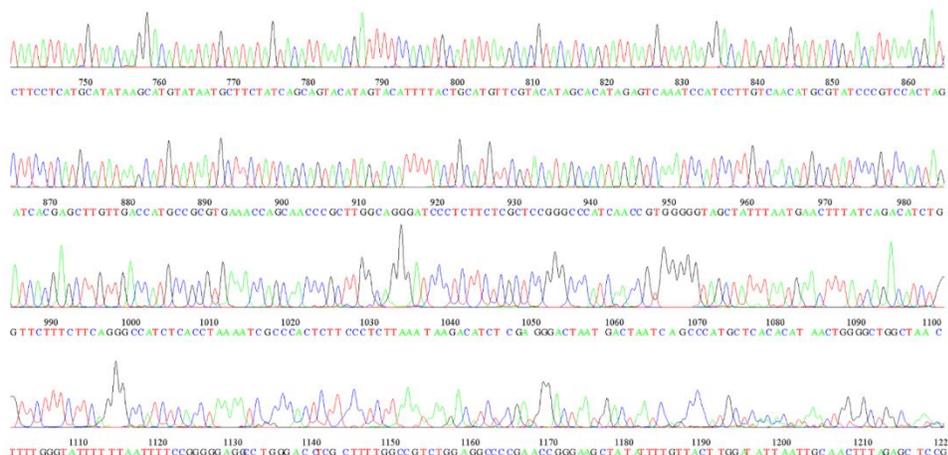




Зураг 29. Орчин үеийн Монгол ямааны мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан үр дүн. 1-76-р дээж.

II.2.1.3.2 Нуклейн хүчлийн анализ

Секвенсингд явуулсан дарааллын дугаар:- 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 15, 18, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 29, 20, 34, 35, 45, 47, 50, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 64, 66, 70, 73, 75, 76, 77, 81, 82,

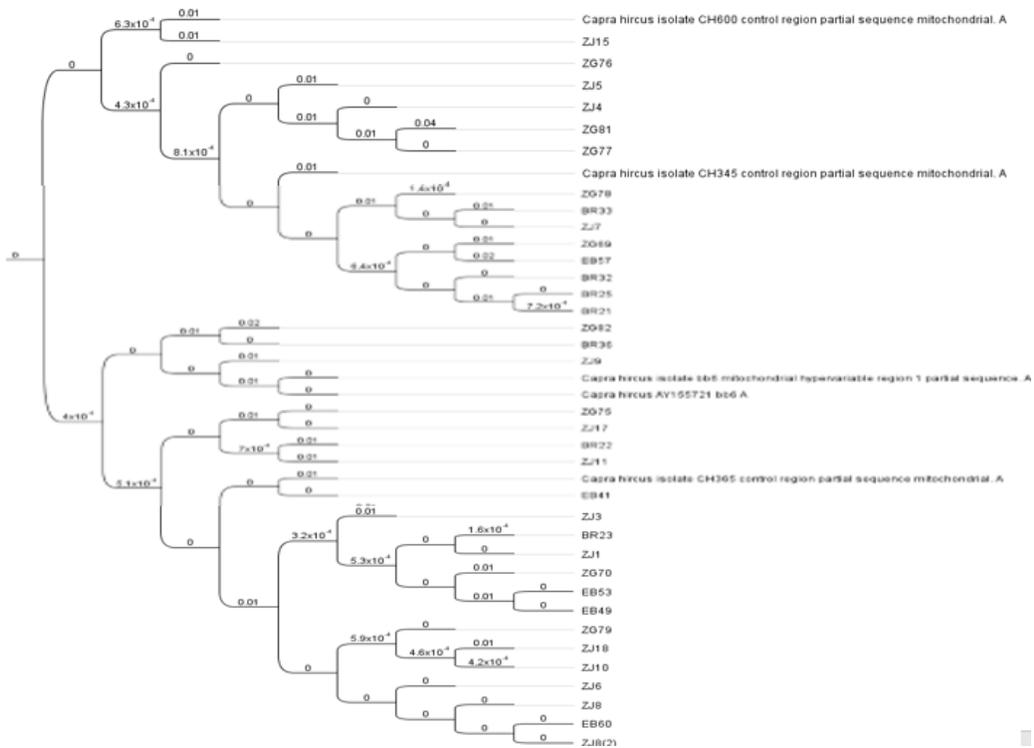


Зураг 30. Орчин үеийн ямааны мтДНХ D-Лоор хяналтын хэсгийн гений дараалал.

Ямааны эволюц хөгжлийн судалгааг хийх геномын гол хэрэглэгдэхүүн бол мтДНХ юм. мтДНХ-ийн хяналтын дарааллаар А, В, С, D, F, G 6 өөр гаплогруп болгосон. Luikart нар (2001) эхний 3 бүлгийг тодорхойлсон ба А шугам хамгийн өргөн тархсан, В зүүн болон өмнөд азид (Монголиу, Хятад, Лаос, Пакистан, Энэтхэг, Малайз) тархдаг тухай мэдээлсэн. С гаплогруп Монгол, Швейцар, Словенд бага тоо толгойтойгоор тархсан байдаг байна [10]. Сүүлд D, F, G-ийг нээсэн. D Хятад,

Хүснэгт 11. Орчин үеийн монгол ямааны генетик олон янз байдлыг тодорхойлсон дүн.

Үүлдэр	N	H	S	D	Hd	π
Завхан буурал	15	10	23	-2.14	0.8571	0.008902
Буяндэлгэр улаан	16	12	16	-1.80	0.9417	0.006797
Эрчмийн хар	9	4	4	-1.61	0.5833	0.002309
Залаа жинстийн цагаан	16	8	9	-2.00	0.7000	0.003212



Зураг 31. Орчин үеийн ямааны А гаплогрупп В haplogroup



Зураг 32. Орчин үеийн ямааны В гаплогрупп В haplogroup



Зураг 33. Орчин үеийн ямааны С гаплогрупп



Зураг 34. Орчин үеийн ямааны D гаплогрупп

Хүснэгт 12. Монгол ямааны 4 үүлдрийн мтДНХ-ийн гаплогруппын генетик девергац.

№	Гаплогрупп	Үүлдэр	Сорьцын тоо	Гаплогруппийн тоо	Сорьцын тэмдэглэгээ	(%)
1	Наплогрупп А	Завхан буурал, Буяндэлгэр улаан, Эрчмийн хар, Залаа жинстийн цагаан	49	26	ZG82, ZG81, ZG9, ZG78, ZG7, ZG75, ZG1, ZG68, ZG4, EB60, EB7, EB55, EB4, EB53, EB1, BR30, BR5, BR23, BR1, ZJ18, ZJ1, ZJ11, ZJ8, ZJ6, ZJ5, ZJ4, ZJ1, ZG76, ZG73, ZG70, BR29, BR28, ZG69, EB56, BR34, EB49, BR36, BR35, BR33, BR32, BR24, BR22, ZJ19, ZJ15, ZJ13, ZJ10, ZJ9, J7, ZJ3	87.5
2	Наплогрупп В	Буяндэлгэр улаан	1	1	BR26	1.78
3	Наплогрупп С	Завхан буурал	1	1	ZG63	1.78
4	Наплогрупп D	Залаа жинстийн цагаан, Завхан буурал, Буяндэлгэр улаан, Эрчмийн хар	5	4	EB47, ZJ20, BR31, ZG66, BR27	8.94

II.2.1.4 Хэлэлцүүлэг

Орчин үеийн Монгол ямааны 87.5% А гаплогруппд хамрагдаж байсан нь Luikart нарын А шугам хамгийн өргөн тархсан гэдэгтэй тохирч байна (хүснэгт 12). Onolragchaа Ganbold нарын судалгаагаар Монгол ямааны популяцад А гаплогрупп 90.8%-аар давамгайлжээ (11). Буяндэлгэр улаан үүлдэрт В гаплогрупп нэг тодорхойлогдсон нь Naderi нарын 2007 оны судалгаатай тохирч байна. Luikart нарын судалгаагаар С гаплогрупп Монголд тодорхойлогдсон ба бидний судалгаагаар Завхан буурал үүлдэрт С гаплогрупп нэг илэрсэн. D гаплогруппын хувьд 4 үүлдрийн 5 ямаанд тодорхойлогдсон нь Onolragchaа Ganbold нарын 2020 (11) хэвлүүлсэн мэдээлэлтэй тохирч байна (Зураг 31-34).

II.2.1.5 Дүгнэлт

Орчин үеийн Монгол ямааны популяц А-D гаплогруппээс тогтож байна. Үүнээс А гаплогрупп 87.5%-тай давамгайлж байлаа. Өөрөөр хэлбэл орчин үеийн Монгол ямааны популяцад хамгийн өргөн А гаплогрупп тархсан байна. Бидний судалгаанд авсан ямааны популяцын генетик олон янз байдал бага байна.

Ном зүй

1. Byambasuren. Ts¹, Dulgoon. D¹ and Choi-Ish. L² Molecular Genetical Research of Mongolian Goat Breeds' Mitochondrial DNA
2. Han. L., H. X. Yu, D. W. Cai, H. L. Shi, H. Zhu and H. Zhou (2010). Mitochondrial DNA analysis provides new insight into the origins of Chinese domestic goat. *Sml. Rumt. Res.* 90: 41–46.
3. H. Mazdarani¹, M. T. Akbari^{2,3*}, R. M. N. Fard⁴, M. Hessari⁵, K. C. Pour⁶ (2014) Molecular identification of *Capra hircus* in East Chia Sabz, an Iranian pre-pottery Neolithic site, Central Zagros, based on mtDNA. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 24(3): 2014, Page: 945-950 ISSN: 1018-7081
4. Naderi, S., H. R. Rezaei, F. Pompanon, M. G. B. Blum, R. Negrini, H. R. Naghash, O. Balkiz, , M. Mashkour, O. E. Gaggiotti, , P. A. Marsan, A. Kence, J. D. Vigne, and P. Taberlet (2008). The goat domestication process inferred from largescale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *PNAS*. 105:17659–17664.p
5. Sardina, M. T., M. Ballester, J. Marmi, R. Finocchiaro, van Kaam, J. B. C. H. M. Portolano, and J. M. Folch (2006). Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Anim. Genet.* 37: 376–378.
6. Sultana, S., H. Mannen and S. Tsuji (2003). Mitochondrial DNA diversity of Pakistani goats. *Anim. Genet.* 34: 417–421.
7. Tamura, K., J. Dudley, M. Nei and S. Kumar (2007). MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version
8. Joshi, M.B., P. K. Rout, A. K. Mandal, C. T. Smith, L. Singh and K. Thangaraj (2004). Phylogeography and origin of Indian domestic goats. *Mol. Biol. Evol.* 21: 454–462.
9. Liu, R.Y., G. S. Yang and C.Z. Lei (2006). The genetic diversity of mtDNA D-loop and the origin of Chinese goats. *AGS*. 33: 420–428.
10. Luikart G, Gielly L, Excoffier L, Vigne J-D, Bouvet J, et al. (2001) Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proc Natl Acad Sci USA* 98: 5927–5932.
11. Ganbold O, Lee SH, Paek WK, Munkhbayar M, Seo D, Manjula P, Khujuu T, Purevee E, Lee JH. Mitochondrial DNA variation and phylogeography of native Mongolian goats. *Asian-Australas J Anim Sci.* 2020 Jun;33(6):902-912. doi: 10.5713/ajas.19.0396. Epub 2019 Oct 21. PMID: 32054227

II.2.2 Эртний ямаа

II.2.2.1 Судлагдсан байдал

Хүн гаршуулсан амьтадын дотор ямаа байдаг ба неолитын үед гаршуулсан гэж эрдэмтэд үзэж байна. Хэрэв ийм бол хаана анх гаршуулсан бэ эсвэл нэгэн үед хэд хэдэн газар зэрэг гаршуулсан уу гэдэг асуулт гарна. Эдгээр асуултад Kevin G. Daly нар Science сэтгүүлд өгүүллээ гаргаж хариулсан. Үүнд: Археологийн олдворын судалгаагаар 11 мянган жилийн өмнө Ойрх Дорнодод зэрлэг безоарын ямааг гаршуулсан. 10 мянган жилийн өмнө Анатолийн газар нутаг дээр гэрийн ямааны үүлдэр байсан байна.

Гэрийн ямааг нэг удаа гаршуулаад тархсан уу эсвэл параллель хэд хэдэн популяцыг гаршуулсан уу?

Kevin G. Daly нар палеолитын үе (Армен, Анатоли) мөн донеолитик, неолитик үеийн (Анатоли, Балкан), дорнод (Иран), өмнөд (Иордан, Израиль) эртний ямааны ясыг цуглуулжээ. Эдгээр эрдэмтдийн судалгаагаар ихэнх эртний гэрийн ямааны мтДНХ нь орчин үеийн А, В, С, D, G гаплогруппд хамрагдсан ажээ. Хэдий ийм боловч неолитик ямааны мтДНХ-ийн шугамын олон янз байдал 3 субпопуляцад хуваагдсан байна. Модель хийж харахад Ойрх Дорнодод ямааг гэршүүлэхээс өмнө ямааны популяц 3 мөчирт хуваагдаж байжээ. Уг баримт энэ 3 орон нутагт бие биеэс үл хамааран параллель гэршүүлэлт явагдсаныг илтгэж байна. Сүүлдээ Ойрх Дорнодын ард иргэдийн хооронд контакт ихэссэнээр ялгаа бараг алга болсон.

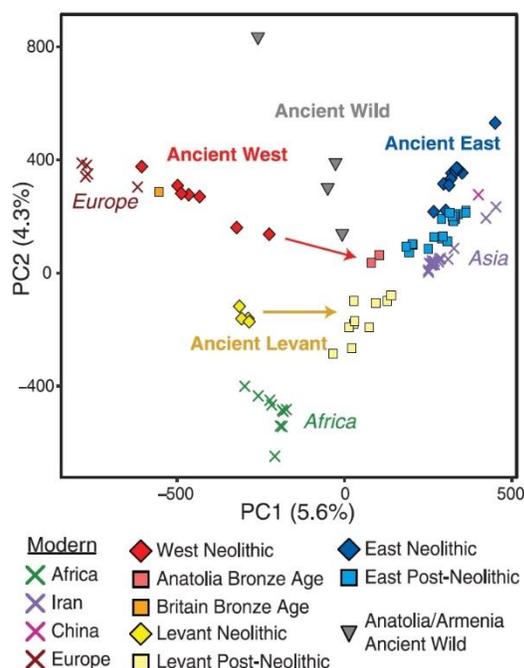


График 3. Орчин үе, эртний ямааны гол геномын өгөгдлийн анализ. Эртний өгөгдлийг өнгөт дүрсээр тэмдэглэв. Өнгөт Х-ээр орон нутгийг тэмдэглэв (Kevin G. Daly *et al.* 2018).

3 орон нутгийн өгөгдлийг хамруулж график байгуулсан байна (график 3). Эдгээр бүлгүүд янгиртай ялгаатай ерөнхий аллельд хуваагдсан: Диреклийн агуй (зүүн өмнөд Анатоли, 3 мянган жилийн өмнө), Новк-1 агуйн (47 мянган жилийн өмнөх, Армен) безоаровын ямаа. Үүн дээр үндэслэн эрдэмтэд дараах дүгнэлтэд хүрсэн. Баруун, зүүн зүгийн популяцын генетик салалт 47 мянган жилийн өмнөөс явагджээ (12).

II.2.2.1 Материал арга зүй

II.2.2.1.1 Эртний ямааны дээж

Энэхүү судалгаанд ашиглагдсан дээжүүд нь цаг хугацааны хувьд ялгаатай бөгөөд одоогоос 800-3000 жилийн өмнө амьдарч байсан ямааны ясны дээжүүд юм. Ясны дээжүүдийг Завхан аймгийн Дөрвөлжин, Булган аймгийн Хутаг өндөр сумаас олдсон эртний булшнаас авсан (Батсайхан, Амарбилэг, Содномжамц, & Баяндэлгэр, 2015). -a1, a2, a3, a4 МЭӨ 300 жилээс урьдах үлдсэн нь 13-р зуунд хамрагдах сорьцууд.

II.2.2.1.2 Эртний үеийн ямааны яснаас ДНХ ялгасан арга зүй

Эртний яснаас ДНХ-ийг ялгахдаа Цахиурт холбогч баганын, Фенол хлороформын, Chelex-100 аргуудыг ашигласан ба доорх дарааллын дагуу ДНХ-ийг ялгасан болно

Цахиурт холбогч баганын арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4г авч ариутгасан 15мл-ийн тюрбэд хийж дээр нь 1мл хандлах (экстракшн) буфер (0.01M Tris-HCl, 0.025M EDTA pH=8) нэмж 37°C хэмд 16 цаг инкубацлана. Дараагаар нь 56°C хэмд 3 цаг инкубацлаад 6000 эрг/мин хурдаар 2 минутын турш центрифугдэн тунгааж супернатантыг соруулан авч, 15мл-ийн тюрбэд урьдчилан бэлдсэн 3мл холбогч буферт (5M GuSCN, 0.025M NaCl, 0.01M Tris-HCl pH=8) нэмнэ. Уг холбогч буфер бүхий дээжийг давсны хүчлээр (37% HCl) pH=4 болтол бууруулсан дараа цахиурт холбогч багана руу (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) шилжүүлээд 8000 эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэн шингэн хэсгийг асгана. Баганаа 2мл-ийн цуглуулах (collection) тюрб рүү шилжүүлээд дээр нь AW1 буфер (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) 500мкл хийж 8000 эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэнэ. Баганаа шинэ 2мл-н цуглуулах тюрб рүү шилжүүлээд дээр нь AW2 буфер 500мкл хийж 14000 эрг/мин хурдаар 3 минутын турш центрифугдэнэ. Дахин 14000эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэнэ. Баганаа 1.5мл-ийн тюрбрүү шилжүүлж тасалгааны хэмд сайтар хатаана. Баганад холбогдсон ДНХ-ийг уусгаж авахдаа уг баганадаа 50мкл ионгүйжүүлсэн ус нэмж, 1 минутын турш тасалгааны хэмд инкубацлаад, 1 минутын турш 14000 эрг/мин хурдаар центрифугдэж тюрбтэй шингэнийг авч -20°C хэмд хадгална (Munoz, бас бус., 2012).

Фенол хлороформын арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4 гр авч 15мл-н тюрбэд хийж дээр нь 2мл хандлах буфер (0.01M Tris-HCl, 0.1M EDTA, 0,2% SDS pH=8) нэмж 37°C хэмд 1 цаг инкубацлана. Дээж дээр 1мг/мл Протейназ К нэмээд 50°C хэмд 2 цаг инкубацлана. Дээд хэсгийг соруулан авч шинэ 15мл-н тюрб уруу шилжүүлнэ. Уусмалын эзлэхүүнтэй тэнцүү хэмжээгээр фенол-хлороформ-изоамилалкохол (25:24:1) нэмж холиод 3000эрг/минутын хурдаар 5 минут центрифугдэнэ. Дээд хэсгийг болгоомжтой соруулан авч шинэ 1.5мл-ийн тюрбэд хийгээд нийт эзлэхүүний 10%-тай тэнцэх 3M

натрийн ацетат (pH=5) болон нийт эзлэхүүнээс 2.5 дахин их 96% этилийн спирт нэмж сайтар холин -80°C хэмд 48 цаг инкубацлана. Дараагаар нь 10 минутын турш 8000эрг/минут хурдаар центрифугдэн шингэнийг соруулж хаян үүссэн тунадас дээр 1мл 70% этилийн спирт нэмнэ. Дахин 8 минутын турш 13000эрг/минутын хурдаар центрифугдээд этилийн спиртийг соруулж хаян, тасалгааны хэмд тунадсыг 1-2 цаг хатаана. Үүссэн тунадас дээр 50μл давхар нэрсэн ус хийж -20°C хэмд хадгална.

Chelex-100 арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4 гр авч 15мл-ийн тюрб рүү хийж дээр нь 2мл хандлах буфер (0.01M Tris-HCl, 0.1M EDTA, 0.2% SDS pH=8) нэмээд 37°C хэд 1 цаг инкубацлана. Дээж дээр 1мг/мл Протеиназ К нэмээд 50°C хэд 2 цаг инкубацлана. Дээд хэсгийг соруулан авч шинэ 15мл-н тюрб рүү шилжүүлнэ. Уусмалын эзлэхүүнтэй тэнцүү хэмжээгээр фенол-хлороформ-изоамилалкохол (25:24:1) нэмж холиод 3000 эрг/минутын хурдаар 5 минут центрифугдэнэ. Дээд хэсгийг авч болгоомжтой соруулан авч шинээр дугаарласан тюрбэд хийнэ. Дараа нь уусмалын нийт эзлэхүүнд 5% байхаар Chelex-100 нэмж вортексдоно. 98°C хэд 8 минут инкубацлана. Хугацаа дууссаны дараа хэдэн секунд вортексдоод 13000эрг/минутаад 6 минут центрифугдэнэ. Дээд фазыг нь авна. Авахдаа Chelex-н бөмбөлөг оруулахгүй. Хөргөгчид 4°C хэмд хадгална.

II.2.2.1.3 Эртний үеийн ямааны ДНХ-ийн ПГУ. Polymerase chain reaction (PCR) and Restriction fragment length polymorphism (RFLP)

50 μl урвалын холимогт 2 units Taq DNA Polymerase (Thermoscientific), 5μl 10хбуфер, 3μl 25mM MgCl₂, 4 μl 2mM dNTP, 1μl of 10μM праймер, 1.1μl ДНХ, ариун ус. (Thermo scientific™, Arktik Thermal cycler) ПГУ-ын машин дээр 95°C-д 2 минут; 95°C-д 30 секунд, 55°C-д 30 секунд, 72°C-д 2 минутаар 2-р циклээс 40 удаа давтан; 72°C-д 7 минут гүйцээн уртасгаад; 4°C-д хадгалах горимын дагуу урвалыг явуулав. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг электрофорезын аргаар шалгав.

Жич: Эртний ямааны эвдэрсэн ДНХ-ийг олшруулахдаа дараах праймерийг ашигласан.

GQF1: 5'-TACAATCAATACACTGGTCTT-3',

GQR1:5'-ATTACGTTTATGCTGGATT-3';

GQF2:5'-ATAACGCGGACATACAGC-3',

GQR2:5'-AGAGTGGGCGATTTTAGGTGAGAT-3';

GQF3:5'-GGGCCATCTCACCTAAAATC-3';

GQR3: 5'-GGCTGGGACCAAACCTATG-3'.

II.2.2.1.4 Нуклейн хүчлийн шинжилгээ

Солонгос улс дахь Макроген компанийн лабораторид эртний болон орчин үеийн ямааны мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоосон. Бид энэхүү судалгаагаар 22 ишлэл мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг ГенБанкнаас (22 ишлэл мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг 6 гаплогруппт хуваасан байна.) татаж авч өөрсдийн сонгож авсан 4 омгийн 56 дээжийн мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг (Завхан буурал, Баяндэлгэр улаан, Эрчмийн хар, Залаа жинстийн цагаан) эртний ямааны дараалалтай (800-3000 жилийн өмнө амьдарч байсан ямааны ясны дээжүүд юм. Ясны дээжүүдийг Завхан аймгийн Дөрвөлжин, Булган аймгийн Хутаг өндөр сум) харьцуулсан. Бид мтДНХ-ийн хяналтын дарааллыг MEGA X ба DnaSP онлайн программ ашиглан жишиг дараалалтай харьцуулж мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ялгаатай нуклеотидын байршлыг тогтоосон. MEGA X ба Arlequin v3.1.5 program ашиглан гапlobулгийг тогтоов. Эртний ямааны нуклеотидын дарааллыг *BLAST* (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) онлайн программ ашиглаж нуклеотидын дараалал болгоныг GenBank reference sequence-тэй харьцуулж Snapgene 2.3.2 ба mtDNA profiler программ ашиглан боловсруулалтыг хийв (зураг 36).

II.2.2.2 Үр дүн

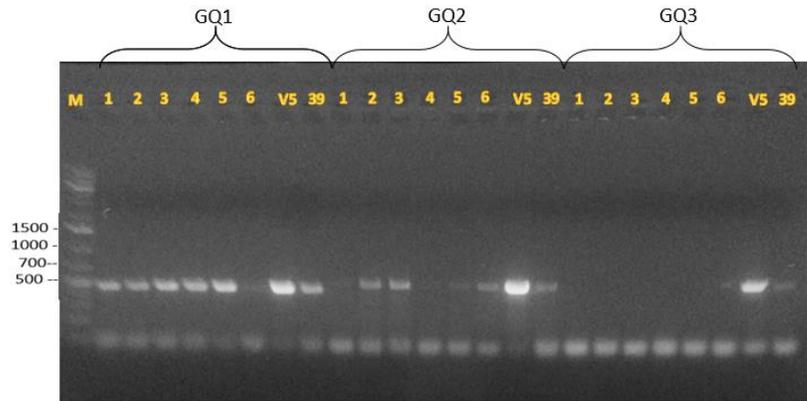
II.2.2.2.1 Эртний ямааны ДНХ-ийн ПГУ-ын үр дүн

Эртний ямааны мтДНХ-ын хяналтын хэсгийн (D-Loop) ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг гель электрофорезийн аргаар илрүүлсэн дүн (зураг 35). Эртний 11 ямааны ясны дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа эвдэрсэн ДНХ-д зориулж зохиосон праймеруудыг ашиглав.

FW: 5'-CAGTCGAACATCCCTACATTATTATTGG-3',

REV: 5'-TTAGTCTTATTGATTTGGAGGGCGTTA-3'

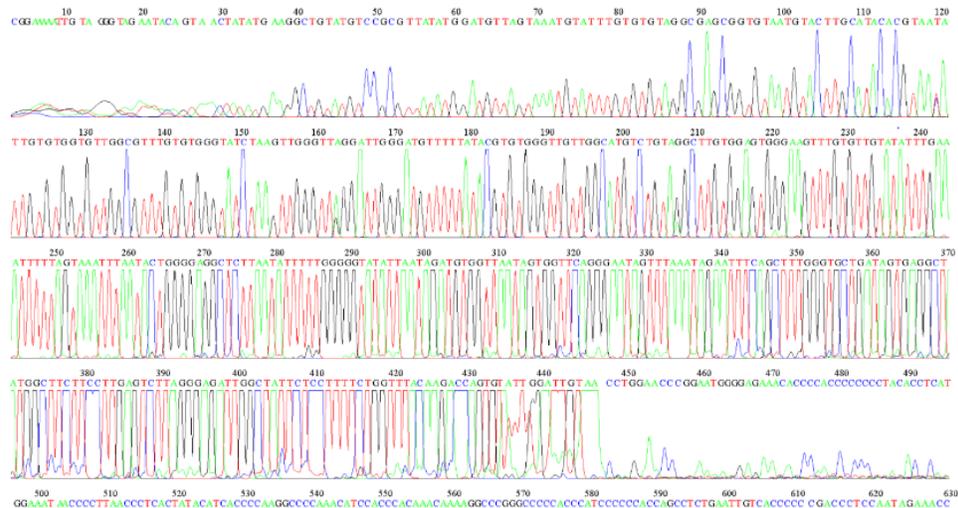
праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 500 х.н. болсон (зураг 35).



Зураг 35 1-6 Эртний ямааны дээж (GQ1 сонгож гений дараалал тогтоолгох судалгаанд явуулав.) V5 - эерэг контроль 39 - Баяндэлгэрийн улаан (+).

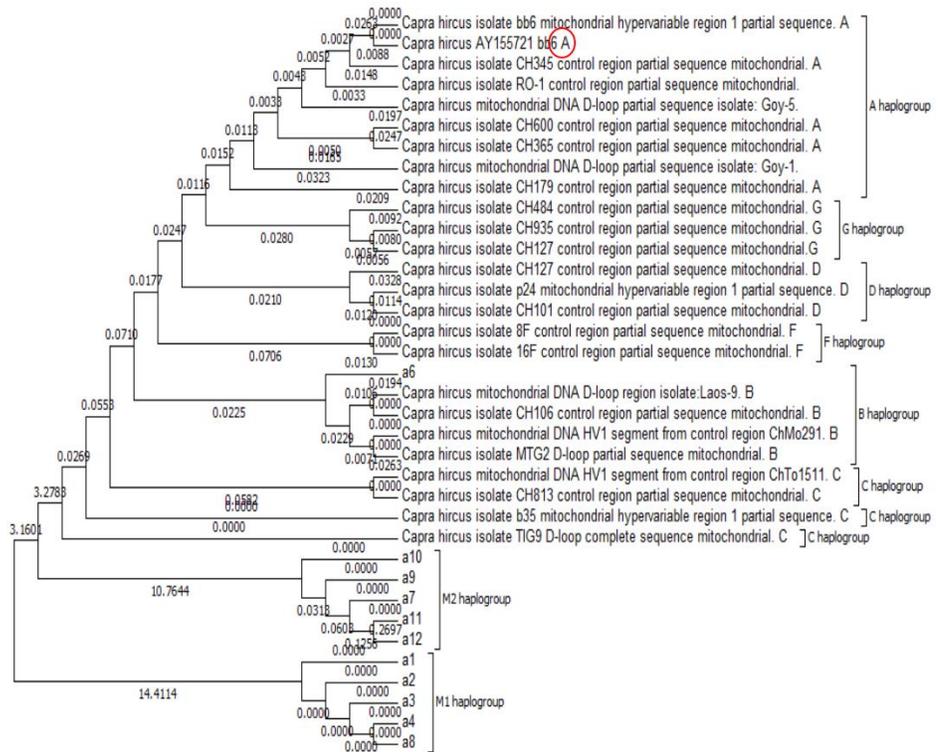
II.2.2.2.2 Нуклейн хүчлийн анализ

Солонгос улс дахь Макроген компанийн лабораторид эртний болон орчин үеийн ямааны мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоосон (зураг 32).



Зураг 36. Эртний үеийн ямааны мтДНХ D-Loop хяналтын хэсгийн гений дараалал.

орчин үеийн ямааны өвөг болж хамгийн түрүүнд салж А гаплогбүлэгт багтсан хэмээн үзэж байна (зураг 37,38). Үлдсэн дээжүүд аль ч гаплогруппд багтаагүй ба орчин үеийн ямааны бүх гаплогруппийн өвөг хэмээн үздэг С гаплогбүлэгтэй хамгийн ойр байрлаж байв.



Зураг 37. Филогенетикийн модоос хархад М1 гаплогрупп болон орчин үеийн ямааны гаплогруппын хоорондох за 10.7644 байна. М 2 гаплогрупп болон орчин үеийн ямааны гаплогруппын хоорондох за 14.41 байв.

Филогенетик модоос харахад бидний шинээр илрүүлсэн М1 гаплогрупп орчин үеийн ямааны гаплогрупп хоорондын генетик зай 14.41, М2 гаплогрупп орчин үеийн ямааны гаплогрупп хоорондын генетик зай 10.76 байв (зураг 37).



Зураг 38. 13-р зууны сорьц болох а8 МЭӨ 300 жилээс урьдах М1 гаплогрупп харьяалагдсан.

II.2.2.3 Хэлэлцүүлэг

Гэрийн ямаа (*Capra hircus*) нь газар зүйн хувьд дасалдан зохицож хамгийн өргөн малын нэг юм. Ямаа нь хүн төрөлхтөнд олон янзын ашигтай хүнсийг өгдөг (жишээ нь: мах, сүү ба эслэг гэх мэт), энэ үзүүлэлтүүд нь хүн гаршуулсан амьтадын дотроос ямааг маш ашигтай амьтадын нэг болгосон. Ямааны гарал үүсэл, генетик олон янз байдал, ямааг хадгалж үлдэх болон тогтвортой ашиглахад удаан хугацаанд анхаарал хандуулж ирсэн. Эукариот эсийн генетик холбоог молекул-биологийн янз бүрийн маркерийг ашиглан судалдаг. Үүний дотроос хамгийн өргөн ашиглагддаг нь мтДНХ-ийн дараалал юм. Бид энэхүү судалгаагаар молекул зайнаас авч үзэхэд М1 гаплогрупп нь МЭӨ 300 оны өмнөх дээж тул хамгийн түрүүнд салж харин 13-р зууны өмнөх дээж нь дараа нь салж байгаа нь он цагийн хувьд таарч байна. Гэхдээ эртний дээжийн а6 гэсэн дээж А гаплогруппт багтаж байсан ба а8 дээж нь 13-р зууны жилийн өмнөх дээж МЭӨ 300 оны өмнөх дээжүүдтэй нэг гаплогруппт багтаж байна. Харин а6 дээж нь МЭӨ 300 оны өмнөх дээж орчин үеийн ямааны үүсэл болж хамгийн түрүүнд салж А гаплогруппт багтсан (зураг 37).

II.2.2.4 Дүгнэлт

МЭӨ 300 жилээс урьдах аб дээж орчин үеийн ямааны өвөг болж хамгийн түрүүнд салж А гаплогрупп багтсан хэмээн үзэж байна. Орчин үед Монгол нутагт өргөн тархсан (А гаплогрупп) ямаан сүрэг эртний ямаан сүрэг хооронд ураг төрлийн хамаарал байна. Урьд хаана ч илэрч байгаагүй шинэ гаплогруппыг илрүүлсэн ба М1, М2 хэмээн нэрлэв. Бидний байгуулсан филогенетикийн модны зургаас харахад М1, М2 гаплогрупп орчин үеийн ямааны өвөг болох нь харагдаж байна.

Ном зүй

1. Byambasuren. Ts1, Dulgoon. D1 and Choi-Ish. L2 Molecular Genetical Research of Mongolian Goat Breeds' Mitochondrial DNA
2. Clutton-Brock J (1999) A natural history of domesticated mammals. 2nd ed. Cambridge (UK) :Cambridge University Press.
3. Diamond J (2002) Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. *Nature* 418: 700–707.
4. Han. L., H. X. Yu, D. W. Cai, H. L. Shi, H. Zhu and H. Zhou (2010). Mitochondrial DNA analysis provides new insight into the origins of Chinese domestic goat. *Sml. Rumt. Res.* 90: 41–46.
5. Liu, R.Y., G. S. Yang and C.Z. Lei (2006). The genetic diversity of mtDNA D-loop and the origin of Chinese goats. *AGS.* 33: 420–428.
6. Luikart G, Gielly L, Excoffier L, Vigne J-D, Bouvet J, et al. (2001) Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proc Natl Acad Sci USA* 98: 5927–5932.
7. Maria Grazia Doro¹, Daniela Piras^{1,2}, Giovanni Giuseppe Leoni³, Giuseppina Casu¹, Simona Vaccargiu¹, Debora Parracciani⁴, Salvatore Naitana³, Mario Pirastu^{1,4}, Andrea Novelletto⁵ * Phylogeny and Patterns of Diversity of Goat mtDNA Haplogroup A Revealed by Resequencing Complete Mitogenomes. Volume 9. *PLOS one*: 945-950
8. H. Mazdarani¹, M. T. Akbari^{2,3*}, R. M. N. Fard⁴, M. Hessari⁵, K. C. Pour⁶ (2014) Molecular identification of *Capra hircus* in East Chia Sabz, an Iranian pre-pottery Neolithic site, Central Zagros, based on mtDNA. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 24(3): 2014, Page: 945-950 ISSN: 1018-7081
9. Naderi, S., H. R. Rezaei, F. Pompanon, M. G. B. Blum, R. Negrini, H. R. Naghash, O. Balkiz, , M. Mashkour, O. E. Gaggiotti, , P. A. Marsan, A. Kence, J. D. Vigne, and P. Taberlet (2008). The goat domestication process inferred from largescale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *PNAS.* 105:17659–17664.p
10. Tajima, F. (1993) Simple methods for testing molecular clock hypothesis. *Genetics*, 135, 599-607. (Equation 4)
11. Zeder MA (2008) Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *Proc Natl Acad Sci USA* 105: 11597–11604.
12. Kevin G. Daly et al. “Ancient goat genomes reveal mosaic domestication in the Fertile Crescent”*Science* 06 Jul 2018: Vol. 361, Issue 6397, pp. 85-88 DOI: 10.1126/science.aas 9411

II.3 Хонь (*Ovis ammon*)

II.3.1 Орчин үеийн Монгол хонины генетикийн судлагдсан байдал

Хонины эволюц хөгжлийн судалгааг хийх геномын гол хэрэглэгдэхүүн бол мтДНХ юм. мтДНХ-ийн хяналтын дарааллаар А, В, С, D, F, G 6 өөр гаплогруп болгосон. Luikart нар (2001) эхний 3 бүлгийг тодорхойлсон ба А шугам хамгийн өргөн тархсан, В зүүн болон өмнөд азид (Монголиу, Хятад, Лаос, Пакистан, Энэтхэг, Малайз) тархдаг тухай мэдээлсэн. С гаплогруп Монгол, Швейцар, Словенд бага тоо толгоотойгоор тархсан байдаг байна [10]. Сүүлд D, F, G-ийг нээсэн. D Хятад, Пакистан, Энэтхэгт харин F, G Пакистан, Энэтхэг, Испан, Италид цөөн тоогоор илэрдэг (2, 4, 6, 8).

Монгол улсын мал аж ахуйн дотор хонины аж ахуй тэргүүлэх салбар болон хөгжиж ирсэн бөгөөд одоо нийт мал сүргийн 35 гаруй хувийг эзэлж мал аж ахуйн бүтээгдэхүүний 40 гаруй хувийг гаргаж байна (1). Монгол хонь нь жилийн турш бэлчээрийн маллагаанд гойд дасан зохицсон монголын бүх байгалийн бүс бүслүүрт үрждэг бөгөөд байгаль, газар зүйн янз бүрийн бүсэд үржүүлдэг, биеийн галбир хийц, бие цогцос, үндсэн ашиг шимээрээ жирийн өөхөн сүүлт халх хониноос болон өөр хоорондоо ялгагдах өвөрмөц онцлогтой нутгийн олон омог үүлдрийн хонь бий болсон байна (2). Монгол зарим шилмэл омгийн хонины цусны ийлдсийн трансферрины ба эритроцитийн гемоглобины уургийн полиморфизмыг судалж эдгээр хонины популяцын генетик тогтоц, омгуудын хоорондын генетик зайг тодорхойлсон байна (3). Нутгийн малын олон төрөл хэлбэрийн биологийн нөөцийг илрүүлэх, ашиглах, хамгаалах асуудлын хүрээнд тухайн нутаг орны байгаль, цаг уурын нөхцөлд илүү зохилдон амьдрах чадвартай, ашиг шимийн өвөрмөц онцлогтой нутгийн үүлдрийн монгол хонийг сүүлийн жилүүдэд тодруулсаар байгаа билээ. Монгол хонины нутгийн үүлдрийн хонинд дархад хонь ордог. Энэ хонь нь өндөр уулын бүсийн байгаль цаг уурын нөхцөл, бэлчээрийн маллагаанд сайн зохицсон, богино хугацаанд тарга тэвээрэг авдаг, чийрэг бие цогцостой, богино өөхөн сүүлтэй бөгөөд халх хониноос ноосны гарцаар илүү ноосондоо ноолуур ихтэй ямаан үс багатайгаараа онцлог юм (1). Бид Сартуул” үүлдэрийн хонийг Төв аймагийн хонь үржүүлгийн аж ахуйгаас нас, хүйс харгалзахгүй нийт 8 хонины гүрээний судаснаас цусны дээж, Монгол хонины цусны дээжийг Булган аймагийн Хутаг Өндөр сумын

малчин айл болох Мөнх-Эрдэнэнийхээс нас, хүйс харгалзахгүй нийт 20 хонины гүрээний судаснаас цусны дээж, Аргалын дээжийг Ховд аймгийн мянган угалзтын нуруунаас нас хүйс харгалзахгүй нийт 6 дээж гүрээний судаснаас цусны дээж тус тус авч цуглуулав.

Монголын археологийн судалгаанаас харахад оршуулгын идээний талаар тайлан мэдээлэлд дурдагдах боловч судалгаа шинжилгээ хийсэн нь ховор тул нарийвчлан тогтооход бэрхшээлтэй байна. Бургастын 72-р булшнаас хонины сүүлний нугалам, 73-р булшнаас хонины ууц яс илэрсэн ба бусад газруудын булшнаас хонь, ямааны мөч ба бусад яс илэрдэг. Энэ нь нас барагсдыг хоол ундтай үлдээх зан үйл, оршуулах үед амьд хүмүүсийн хоолноос талийгаачид өгч буй хувь, эсвэл нас барагсдад өргөж буй өргөл байж болох юм.

II.3.2 Материал арга зүй

II.3.2.1 Орчин үеийн Монгол хонины дээж

Монголд орчин үеийн хонины 24 үүлдэр байдгийн 2 үүлдрийг сонгон судалгаандаа хамрууллаа. Судалгаанд Монгол үүлдэр, Сартуул үүлдрийн 24 хонь, аргалын 6 цусны дээж цуглуулав.

II.3.2.2 Цуснаас ДНХ ялгах арга зүй

Цусны дээжээс 50 мкл авч эппендорф тюбенд шилжүүлээд дээр нь 250 мкл задлагч буффер (СТАВ буффер (10%), 5М Натрийн хлорид, 0.5М EDTA, 1М Tris-HCl (pH=8.0), β-меркаптоэтанол) болон 20мг/мкл концентрацитай протейназа К нэмээд сайтар хольж инверт хийнэ. Холимог дээр хлороформ:изоамилын спирт (24:1) нэмээд 12000 rpm-д 10 минут центрифугдэнэ. Дээрхи шингэн фазыг шинэ тюбенд авч хийгээд дээр нь эзэлхүүний 1/3-тэй тэнцүү хэмжээтэй изопропанол: аммонын ацетат (5:1) нэмээд -20⁰C-д 30 минут тунадасжуулна. Үүний дараа 12000 rpm-д 10 минут центрифугдээд дээрхи шингэн фазыг асгаад тунадасыг 70% этанолаар угааж 12000 rpm-д 10 минут центрифугдэнэ. Дээрхи шингэн фазыг асгаад этанолыг уурштал өрөөний температурт инкубацлана. Тунадасыг 50 мкл давхар нэрсэн усанд уусгаж -20⁰C-д хадгална.

II.3.2.3 Полимеразын гинжин урвалаар (ПГУ) олшруулах арга зүй

Орчин үеийн хонины дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа

FW: 5'-GGCTGGGACCAAACCTAT-3',

REV:5'-GAACAACCAACCTCCCTAAG-3'

праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 1350х.н болсон. Урвалын холимгийг DreamTaq PCR Master Mix ашиглаж зааврын дагуу бэлдэв. (Thermo scientific™, Arktik Thermal cyclер) ПГУ-ын машин дээр 95°C-д 2 минут; 95°C-д 30 секунд, 51°C-д 30 секунд, 72°C-д 2 минутаар 2-р циклээс 35 удаа давтан; 72°C-д 7 минут гүйцээн уртасгаад; 4°C-д хадгалах горимын дагуу урвалыг явуулав.

II.3.2.4 Нуклейн хүчлийн шинжилгээ

Солонгос улс дахь Макроген компанийн лабораторид эртний болон орчин үеийн хонины мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоосон. Бид энэхүү судалгаагаар 4 ишлэл мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг ГенБанкнаас (4 ишлэл мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг 4 гаплогруппт хуваасан байна.) татаж авч өөрсдийн сонгож авсан 2 омгийн 24 дээжийн мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг (Монгол үүлдэр, Сартуул үүлдрийн) харьцуулсан. Бид мтДНХ-ийн хяналтын дарааллыг MEGA X ба DnaSP онлайн программ ашиглан жишиг дараалалтай харьцуулж мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ялгаатай нуклеотидын байршлыг тогтоосон. MEGA X ба Arlequin v3.1.5 програм ашиглан гапlobулгийг тогтоов. Эртний хонины нуклеотидын дарааллыг *BLAST* (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) онлайн программ ашиглаж нуклеотидын дараалал болгоныг GenBank reference sequence-тэй харьцуулж Snapgene 2.3.2 ба mtDNA profiler программ ашиглан боловсруулалтыг хийв. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг электрофорезийн аргаар шалгав.

II.3.3 Үр дүн

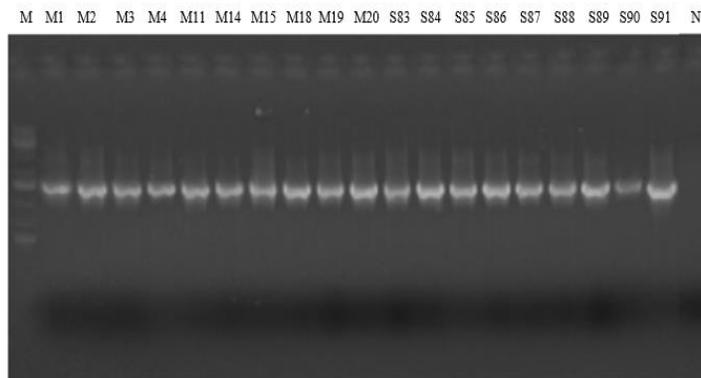
II.3.3.1 Полимеразын гинжин урвал

Хонины мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн (D-Loop) ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг гель электрофорезийн аргаар илрүүлсэн дүн (зураг 35). 24 дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа дараах праймеруудыг ашиглав.

FW: 5'-CAGTCGAACATCCCTACATTATTATTGG-3',

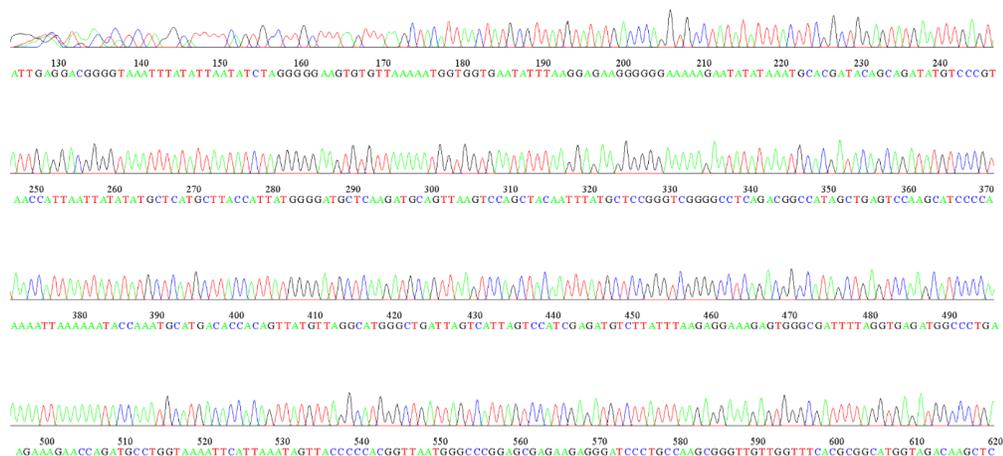
REV: 5'-TTAGTCTTATTGATTTGGAGGGCGTTA-3'

праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 490 х.н. болсон (зураг 26).



Зураг 39. CsumF, CsumR праймарууд ашиглан хийсэн ПГУ-н үр дүн . M: DNA маркер. M1-M20, S83-S91: Дээжийн дугаарууд

Солонгос улс дахь Макроген компанийн лабораторид эртний болон орчин үеийн хонины мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоосон (зураг 39). Секвенсингд явуулсан дарааллын дугаар:- 1-22



Зураг 40. Орчин үеийн хонины мтДНХ D-Loop хяналтын хэсгийн гений дараалал.

II.3.3.2 Нуклейн хүчлийн анализ

Бид мтДНХ-ийн D-loop хэсгийн 490 х.н. бүхий дарааллыг тогтоож (зураг 40) NCBI GenBank-д MK947913-MK947922, MN027497-MN027502 бүртгэлийн дугаараар бүртгүүлсэн. Нуклеотидын бүх дарааллаа GenBank D-loop HV1 control region sequence-тэй харьцуулж үзэхэд 99% хүртэл гомолог байв. bootstrap values of >90%-ээр гаплогруппүүд хөдөлшгүй тохирч нотлогдсон. Монгол хонины 2 үүлдрийн мтДНХ-ийн D-loop-ийн дарааллыг GenBank-ийн 4 reference sequences-тэй филогенетик харьцуулалт хийв. Орчин үеийн хонины генетик олон янз байдлыг тодорхойлсон тогтооход нуклеотидын олон янз байдал 0.03327, Тажима утга -1.562 байв (хүснэгт 15). Аргалын генетик олон янз байдлыг тодорхойлсон тогтооход нуклеотидын олон янз байдал 0.066471, Тажима утга -1.477996 байв (хүснэгт 16).

Хүснэгт 15. Орчин үеийн хонины генетик олон янз байдлыг тодорхойлсон дүн.

M	S	π	D
34	187	0.03327	-1.562

M- дээжийн тоо; *S*-Тусгаарлалтын сайтын тоо;
 π -Нуклеотидын олон янз байдлын тоо; *D*- Тажима утга

Бид судалгаандаа хонины дарааллыг аргалын дараалалтай харьцуулж генетик зайг тодорхойлов.

Аргалийн генетик

Хүснэгт 16. Аргалын генетик олон янз байдлыг тодорхойлсон дүн.

M	S	π	D
6	141	0.066471	-1.477996

M- дээжийн тоо; *S*-Тусгаарлалтын сайтын тоо;
 π -Нуклеотидын олон янз байдлын тоо; *D*- Тажима утга

Нийт 24 дээжид 1 нуклеотидын солигдол дээр үндэслэн Гаплотипыг тодорхойлоход 16 гаплотип илэрч 4 гапlobүлэгт хуваагдаж байсан. Гаплотипын олон янз байдал (Hd) нь 0.9239 байсан. Судалгаанд авсан хонины референс дарааллыг 17-р хүснэгтэд үзүүлэв.

Хүснэгт 17. Хонины референс дараалал

Sequence source	Breed code	Accession number	Reference
<i>Ovis aries musimon</i>	Omusimon	AY091487	Hiendleder, S., et al., [Hiendleder et al., 1998a]
<i>Ovis vignei bochariensis</i>	Ovignei	AY091490	Hiendleder, S., et al., [Hiendleder et al., 1998a]
<i>Ovis ammon</i>	Oammon	AJ238300	Wu, C., et al., [Wu, et al., 2006]
<i>Ovis aries</i>	OasiaA	AF039578	Hiendleder, S., et al., [Hiendleder et al., 1998b]
<i>Ovis aries</i>	OeuropeB	AF039577	Hiendleder, S., et al., [Hiendleder et al., 1998b]
<i>Ovis aries</i>	Omexic	AY582801	De Ascencao, D.C., et al., unpublished

Хонь ба аргаль хонины генетик зайг хоёр популяцын нуклеотидын ялгаа дээр үндэслэн гаргаснаа Хүснэгт 18-д үзүүлэв. 19-р хүснэгтэд нуклеотидын дарааллыг ГенБанканд бүртгэгдсэн дугаар болон хонины гаплотипыг тодорхойлсон дүнг харуулав.

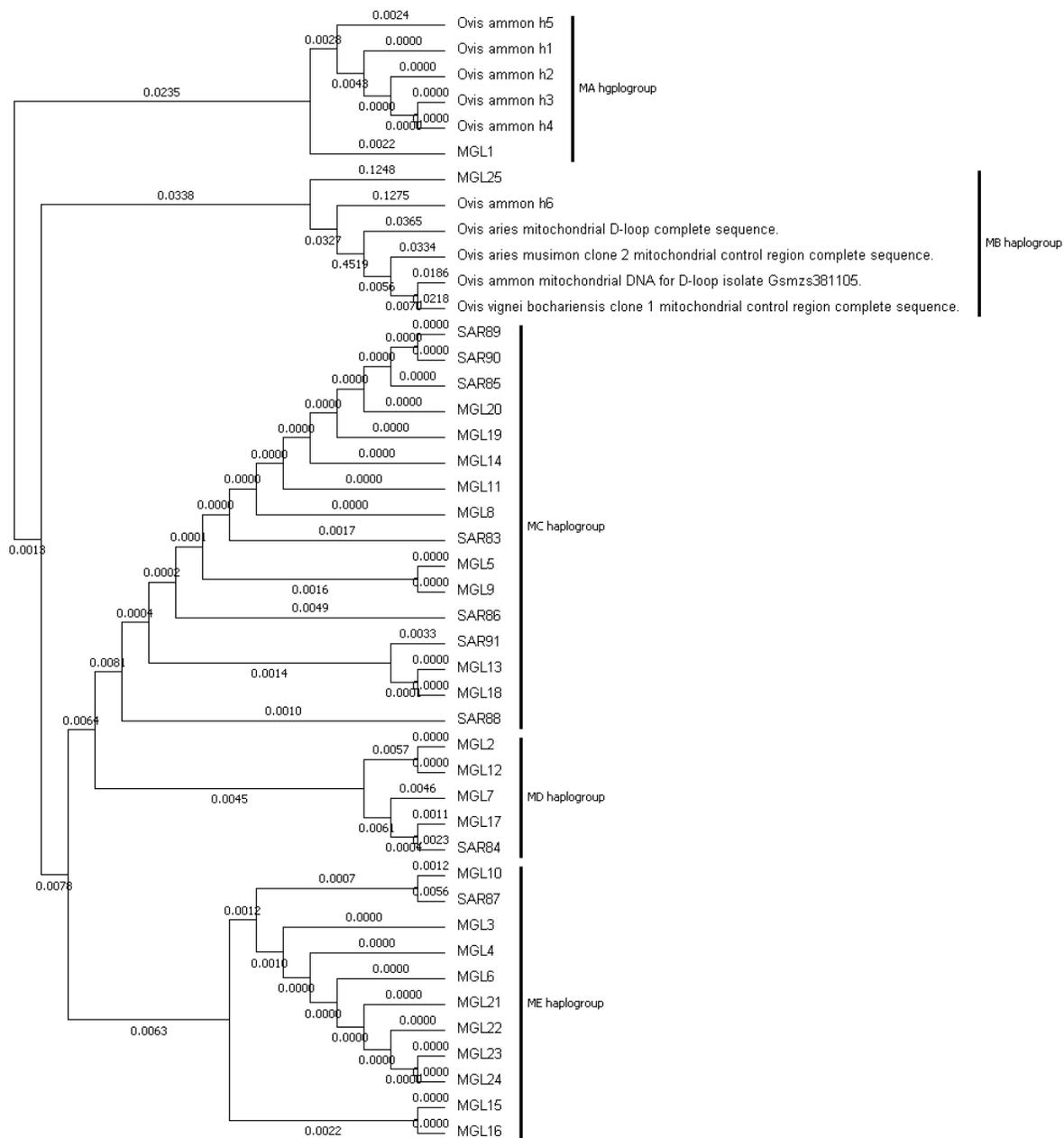
Хүснэгт 18. Хонь ба аргалын генетик зайг хоёр популяцын хоорондох нуклеотидын ялгаа дээр үндэслэн гаргав.

	Mongolian sheep	Sartuul sheep	Wild sheep (argali)
Mongolian sheep	-	-	-
Sartuul sheep	0.0282	-	-
Wild sheep (argali)	0.0856	0.0856	-

Хүснэгт 19. Гаплотипыг тодорхойлсон дүн болон ГенБанкны бүртгэлийн дугаар

Гаплотип	Дээжний тоо	Гаплогрупп	ГенБанкны бүртгэлийн дугаар
H1	MGL1	A	MK189304
H2	MGL2	B	MK189305
H3	MGL3 MGL4 MGL21 MGL22 MGL23 MGL24	D	MK189306 MK189307
H4	MGL11	C	MK189308
H5	MGL14 MGL19 SAR85 SAR89	C	MK189309 MK189312 MK189316 MK189320
H6	MGL15	D	MK189310
H7	MGL18	C	MK189311
H8	MGL20	C	MK189313
H9	SAR83	C	MK189314
H10	SAR84	B	MK189315
H11	SAR86	C	MK189317
H12	SAR87	D	MK189318
H13	SAR88	C	MK189319
H14	SAR90	C	MK189321
H15	SAR91	C	MK189322
H16	MGL25	D	

41-р зурагт Генбанкинд хадгалагдсан дараалал болон судалгаагаар илэрсэн хонь, аргалын гаплотипүүдийг хамруулан Neighbor-joining арга зүйг ашиглан байгуулсан филогенетикийн модыг үзүүлэв.



Зураг 41 Генбанкинд хадгалагдсан дараалал болон судалгаагаар илэрсэн гаплотипүүдийг хамруулан Neighbor-joining арга зүйг ашиглан байгуулсан филогенетикийн мод.

II.3.4 Хэлэлцүүлэг

Хүн төрөлхтөн хонийг 8 мянган жилийн өмнө гэршүүлсэн гэж үздэг (12). Гэршүүлэлт орчин үеийн Турц, Сири, хойд Месопотамаас эхлэлтэй (13). Гэрийн хонь нь аргал, уриалийн (*Ovis vignei*) үр удам юм. Цитогенетикийн судалгаагаар хонины өвөг аргал гэж үздэг. Учир нь уриалын кариотип 58 хромосомтой байхад гэрийн хонь ба аргал 54 хромосомтой. МЭӨ 7500 жилээс өмнө төв Анатолид (Pınarbaşı и Boncuklu Höyük), МЭӨ 7500-7000 жилээс (Canhasan III и Тересик-Çiftlik Höyük) өмнөх хонины ясны дээж митохондрийн В гаплогруппд хамрагдсан. МЭӨ 7000-6000 жилээс өмнөх төв Анатолид В, D, E митохондрийн гаплогрупп, хойд Анатолид (Varcin Höyük и Ulucak Höyük) зөвхөн E гаплогрупп (Ulucak Höyük) илэрсэн байна. Неолитийн үеийн Анатолоос олдсон хонины яснаас С гаплогрупп тодорхойлогдоогүй (14). Onolragchaа нар мтДНХ-ийн 88 дарааллын дунд 39 хувьсагч талбайгаар тодорхойлогдсон 39 гаплотипыг олсон ба А, В, С гаплогруппд хуваагджээ. Нийт гаплотип ба нуклеотидын олон янз байдал тус тус 0.93 ± 0.01 ба 0.0060 байв (15). Бидний судалгаагаар А, В, С, D, E хэмээх 5 гаплогрупп тодорхойлогдсон, гэхдээ 1 аргалд л В гаплогрупп тодорхойлогдсон боловч хонинд илэрээгүй. А гаплогрупп 4 аргал, 1 хонинд илэрсэн (график 4).

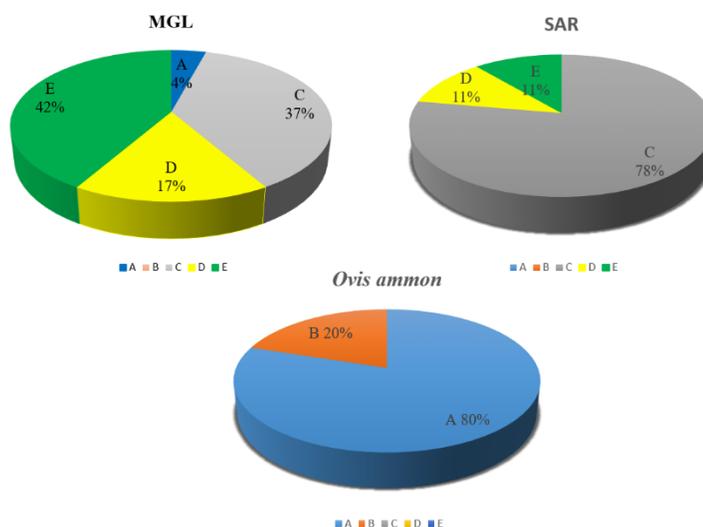


График 4. А, В, С, D, E хэмээх 5 гаплогрупп тодорхойлогдсон. MGL-Монгол хонь, SAR-сартуул хонь, *Ovis ammon*-аргаль хонь.

Монгол Улс (Монголын өндөрлөгийн нэг хэсэг) Евроазийн зүүн хэсэгт хонь гаршуулахад гол үүрэг гүйцэтгэсэн (15). Бидний судалгаагаар 5 монгол аргал, 1 Монгол хонь, Onolragchaа нарын судалгаагаар А гаплогрупп тодорхойлогдож байгаа нь Евроазийн зүүн хэсэгт Монгол улс хонь гаршуулахад гол үүрэг гүйцэтгэсэн гэсэн таамаглалтай нийцэж байна.

II.3.5 Дүгнэлт

Нийт 24 дээжид 1 нуклеотидын солигдол дээр үндэслэн Гаплотипыг тодорхойлоход 16 гаплотип илэрч 5 гапlobүлэгт хуваагдаж байсан. Гаплотипын олон янз байдал (Hd) нь 0.9239 байсан. Tajima утга (D) -1.652900. Популяц хоорондын ерөнхий генетик зайн утга 0.0093 байв. Харин групп тус бүрийн генетик зай Монгол үүлдэр 0.0393, сартуул үүлдэр 0.0173, аргал 0.0706 байсан. Үүнээс үзэхэд аргалийн популяци нь Монгол, Сартуул хонины популяциас генетик зайн хувьд хол байна харин Монгол, Сартуул хонины популяциуд генетик зайн хувьд ойр байв. Бидний судалгаанаас харахад Монгол хонины популяци нь бусад орны хонины популяцитай харьцуулахад хаалттай популяци юм байна.

Монгол аргалийн тоо толгой цөөрсөнтэй холбоотой генетик олон янз байдлаа алдаж байна.

Монгол Улс (Монголын өндөрлөгийн нэг хэсэг) Евроазийн зүүн хэсэгт хонь гаршихад гол үүрэг гүйцэтгэсэн гэсэн таамаглалтай нийцэж байна.

Ном зүй

1. Anna K and Ewa S. Mitochondrial control region diversity in Polish sheep breeds Arch. Anim. Breed., 59, 227-233, 2016 www.arch-anim-breed.net/59/227/2016/doi:10.5194/aab-59-227-2016
2. Asakawa S, Kumazawa Y, Araki T, Himeno H, Miura K, Watanabe K. 1991. Strand-specific nucleotide composition bias in echinoderm and vertebrate mitochondrial genomes. J Mol Evol 32:511-20.
3. Hiendleder S. Molecular characterization of the sheep mitochondrial genome. J Anim Breed Genet. 1996; 113: 293-302.
4. Hiendleder S, Mainz K, Plante Y, Lewalski H. Analysis of mitochondrial DNA indicates that domestic sheep are derived from two different ancestral maternal sources: no evidence for contributions from urial and argali sheep. J Hered. 1998; 89: 113-120. PMID: 9542158
5. Liu J, Ding X, Zeng Y, Yue Y, Guo X, Guo T, et al. (2016) Genetic Diversity and Phylogenetic Evolution of Tibetan Sheep Based on mtDNA D-Loop Sequences. PLoS ONE 11(7): e0159308. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0159308>
6. Ministry of Food, Agriculture and Light Industry website [Монгол малын онцлог - XXAAXYЯам \(mofa.gov.mn\)](http://www.mofa.gov.mn)
7. Miika T, Nurbiy M, Mikhail O, Mirjana Ć, Galina G, Tatyana K, Maciej M, Haldja V and Juha K (2006). Sheep Mitochondrial DNA Variation in European, Caucasian, and Central Asian Areas. Molecular biology and evolution. 23. 1776-83. 10.1093/molbev/msl043.
8. Tamura K, Stecher G, Peterson D, Filipski A, Kumar S. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. Mol Biol Evol. 2013; 30: 2725-2729. doi: 10.1093/molbev/mst197 PMID: 24132122
9. Ji X, Wu X, Yan P, Amato G. 2008. Complete sequence and gene organization of the mitochondrial genome of Siamensis Crocodile (*Crocodylus siamensis*). Mol Biol Rep 35:133-138.
10. Ryder ML. 1984. Sheep. In: Mason IL, editor. Evolution of domesticated animals. London: Longman. p 63-85.
11. Wu C, Zhang Y, Bunch T, Wang S, Wang W. Molecular classification of subspecies of *Ovis ammon* inferred from mitochondrial control region sequences. Mammalia. 2006; 67: 109–118.
12. Овца // Большая советская энциклопедия : [в 30 т.] / гл. ред. А. М. Прохоров. - 3-е изд. -М. : Советская энциклопедия, 1969-1978.
13. Мерперт Н. Я., Мунчаев Р. М. Раннеземледельческие поселения Северной Месопотамии // Советская археология, 1971, № 3.
14. Erinc Yurtman et al. Archaeogenetic analysis of Neolithic sheep from Anatolia suggests a complex demographic history since domestication, 12 November 2021 (bioRxiv, 2020; ResearchGate, April 2020)
15. Onolragchaa Ganbold^aSeung-HwanLee^aDongwonSeo^aWoon KeePaek^bPrabuddhaManjula^aMunkhbaatarMunkhbayar^cJun HeonLee^a Genetic diversity and the origin of Mongolian native sheep

II.4 Гэрийн тэмээ (*Camelus bactrianus*), хавтгай тэмээний (*Camelus feru*)

II.4.1 Гэрийн тэмээ ба хавтгай тэмээний генетикийн судлагдсан байдал

Гэрийн тэмээний гэршүүлэлтийн асуудал одоог хүртэл бүрэн гүйцэд шийдэгдээгүй байгаа бөгөөд Төв болон Зүүн Азид 6000 жилийн өмнөөс гэршүүлсэн хэмээн зарим судлаачид (17, 22) үздэг. Одоогийн гэрийн 2 бөхт тэмээний өвөг нь одоог хүртэл Алтайн өвөр говьд цөөн тоогоор үлдээд буй хавтгай тэмээ гэж үзсээр иржээ. Өнөө үед митохондри (10, 19) болон бөөмийн (12) ДНХ-ийн судалгаагаар гэрийн тэмээний шууд өвөг нь хавтгай тэмээ биш хэмээн нотлогджээ.

“Малын омог болон үүлдэр батлах” тухай Хөдөө аж ахуй, хөнгөн хүнсний яамны (хуучин нэрээр) сайдын 1990 оны 08 сарын 13-ны А/69 тушаалын 3-р заалтаар ханын хэцийн хүрэн, галбын говийн улаан тэмээг омгоор тус тус баталжээ (1).

Хос зогдортыг Говь-Алтай аймгийн Төгрөг, Тонхил, галбын говийн улаан тэмээг Өмнөговь аймгийн Ханбогд, ханын хэцийн хүрэн тэмээг Өмнөговь аймгийн Мандал-Овоо сумдад тус тус үржүүлдэг.

Эдгээр 3 удам морфологийн хувьд бие биеэс ялгаатай байх ба хос зогдорт тэмээ нь ноос ихтэйгээрээ бусдаас онцлог, буур нь 8 кг, ингэ нь 6.6 кг ноос өгдөг ажээ. Харин галбын говийн улаан тэмээ бие томтой бол ханын хэцийн хүрэн тэмээ биеэр жижиг хар хүрэн зүстэй, хамгийн номхон зан араншинтай байдаг.

Монголын хоёр бөхт гэрийн тэмээний популяцын генетикийн судалгааны материал хомс бөгөөд Хятадын болон Хятад улстай хиллэж буй нутгийн монгол тэмээний 2 популяцын генетик олон янз байдлыг харьцуулсан судалгааг Жианлин нар хийсэн байдаг (11).

Цусны уургийн 31 локусаар уургийн полиморфизмын судалгаа явуулахад гэрийн тэмээнд зөвхөн 2 локус полиморфизм бусад бүх локусаар мономорф байсан ба үүнээс үзэхэд генетик хувьслын тэвшин доогуур байна (13). Тэмээний популяцын гетерозиготийн төвшин ямаа болон буфалогийнхаас 5 дахин бага байна (13, 21).

Бид Монгол тэмээний Бэсрэг тэмээ, Төхөм тунгалгийн хүрэн, Ханын хэцийн хүрэн, Галбын говийн улаан омог, Нутгийн монгол тэмээ болон Хавтгай тэмээний популяциудын хоорондын генетик ялгааг мтДНХ-ийн D-лоор хэсгээр илрүүлэх зорилгоор уг судалгааны ажлыг гүйцэтгэв.

II.4.2 Материал арга зүй

II.4.2.1 Гэрийн тэмээ, хавтгай тэмээний дээж

Бид Бэсрэг тэмээ, төхөм тунгалгийн хүрэн, нутгийн монгол тэмээ, хавтгай тэмээ, галбын говийн улаан, ханын хэцийн хүрэнгийн цусны 36 дээж цуглуулав.

II.4.2.2 Цуснаас ДНХ ялгах арга зүй

Цусны дээжээс 50 мкл авч эппендорф тюбенд шилжүүлээд дээр нь 250 мкл задлагч буфер (СТАВ буфер (10%), 5M Натрийн хлорид, 0.5M EDTA, 1M Tris-HCl (pH=8.0), β-меркаптоэтанол) болон 20мг/мкл концентрацитай протейназа К нэмээд сайтар хольж инверт хийнэ. Холимог дээр хлороформ:изоамилын спирт (24:1) нэмээд 12000 грм-д 10 минут центрифугдэнэ. Дээрх шингэн фазыг шинэ тюбенд авч хийгээд дээр нь эзлэхүүний 1/3-тэй тэнцүү хэмжээтэй изопропанол: аммонын ацетат (5:1) нэмээд -20⁰С-д 30 минут тунадасжуулна. Үүний дараа 12000 грм-д 10 минут центрифугдээд дээрх шингэн фазыг асгаад тунадсыг 70% этанолоор угааж 12000 грм-д 10 минут центрифугдэнэ. Дээрх шингэн фазыг асгаад этанолыг уурштал өрөөний температурт инкубацлана. Тунадсыг 50 мкл давхар нэрсэн усанд уусгаж -20⁰С-д хадгална.

II.4.2.3 Полимеразын гинжин урвалын (ПГУ) үр дүн

Нийт 30 мкл-ээр тооцож 1 мкл ДНХ (100 нг/мкл) 0.1 мкл Dream Taq 0.1 мкл, dNTP 1.5 мкл, шууд болон урвуу праймер тус бүрээс 1 мкл (100 пмоль), буффер 3 мкл, 30 мкл болтол dH₂O нэмэв. (Thermo scientificTM, Arktik Thermal cycler) ПГУ-ын машин дээр 94⁰С-д 3 минут; 94⁰С-д 30 секунд, 69⁰С-д 1 мин.30 секунд, 72⁰С-д 6 минутаар 2-р циклээс 35 удаа давтан; 72⁰С-д 10 минут гүйцээн уртасгаад; 4⁰С-д хадгалах горимын дагуу урвалыг явуулав.

ProFCCACCACCAGCACCCAAAGCTG

ProRGGCCAGGTGCCCATCCAGGCAT праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 1100 х.н. болсон (зураг 42).

II.4.2.4 Нуклейн хүчлийн анализ

Нуклеотидын дарааллуудыг MEGA v.10.0.4 программаар жишиг дараалалтай харьцуулан (*Camelus bactrianus* KX554930) мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг 657 х.н

болгон дарааллыг тэнцүүлэв. Мөн шаардлагад нийцээгүй дээжүүдийг хасаж 26 дээжийн үр дүнд статистик анализ хийлээ.

МтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн гаплотипыг тодорхойлохдоо DnaSP v.5.10 программ (Rozas *et al.*, 2003) ашиглан, нийт 9 гаплотип тодорхойлсноос хавтгай тэмээ болон гэрийн тэмээний популяциудад нийтлэг гаплотип илрээгүй. Хавтгай тэмээний 2 дээж нэг гаплотипэд (H7) хамрагдсан бол гэрийн тэмээний популяц 8 гаплотипэд хуваагдав.

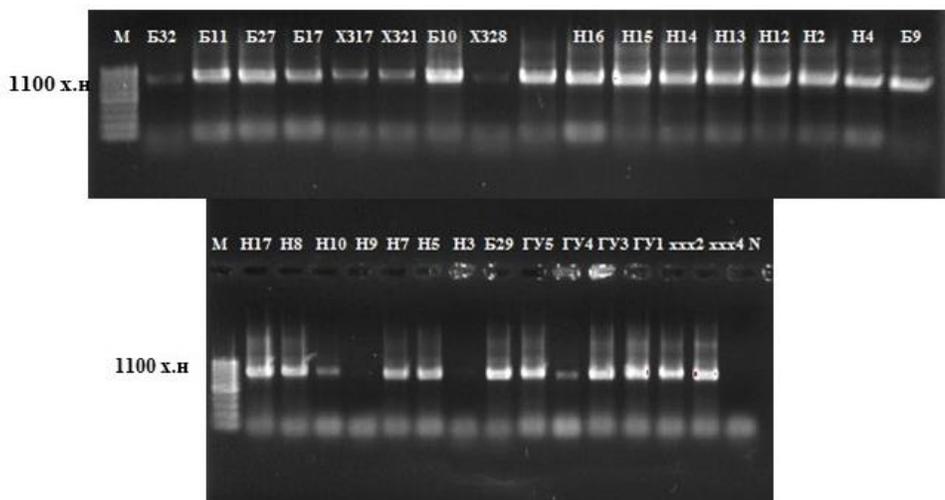
Burger (2012), Silbermayr (2009) нар гэрийн хоёр бөхт тэмээний митохондрийн геномын *cyt b* ген болон *D-loop*-ийн нуклеотидын дарааллыг тогтоосон бөгөөд уг дараалалд 41 гэрийн тэмээнээс 6 гаплотип (D1-D6), 27 хавтгай тэмээнээс 2 гаплотип (W1, W2) илрүүлжээ. Үүнээс үндэслэн гэрийн болон хавтгай тэмээнд нийтлэг гаплотип ихтэй байгааг тогтоосон байна.

Батцэцэг (2018) Монгол орны гэрийн тэмээний 4 популяцын 83 тэмээг судлахад 14 гаплотип, 69 хавтгай тэмээнээс 5 гаплотип илрүүлсэн нь өмнөх судлаачдынхтай ижил нийтлэг гаплотип ихтэй байгааг харуулж байна гэж үзсэн байдаг. Дээрх судлаачид тэмээний төрлийн зүйлүүдэд цөөн тооны гаплотип илэрсэн нь гэрийн тэмээ, хавтгай тэмээнд генетик хувьсал бага буюу тогтвортой явагдаж ирсэн болохыг илтгэж байна хэмээжээ.

II.4.3 Үр дүн

II.4.3.1 Полимеразын гинжин урвалын үр дүн

Судалгаанд бэсрэг, төхөм тунгалгийн хүрэн, нутгийн монгол тэмээ, хавтгай тэмээ, галбын говийн улаан, ханын хэцийн хүрэнгийн дээжүүдээс тус бүр 6-г буюу 36 дээжийг хамруулан мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн 1100 х.н хэсгийг олшруулж, анализ хийв (зураг 42).



Зураг 42. мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ПГУ-ын бүтээгдэхүүн. 1%-ийн агарозын гель электрофореграмм. М-маркер (100хн), 1-10 дээж, N-сөрөг хяналт. Б-Бэсрэг, ХЗ-Хос зогдорт, Н-нутгийн монгол тэмээ, ГУ-галбын говийн улаан, ХХХ-Ханын хэцийн хүрэн

II.4.2.4 Нуклейн хүчлийн анализ

Бид тодорхойлсон 26 дээжийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклеотидын дараалалд нийт 8 гаплотип илэрсэн бөгөөд өмнөх судлаачдын судалгаатай харьцуулахад митохондрийн *cyt b* генд Д-гогцоотой харьцуулахад хувьсал бага хуримтлагддаг нь харагдаж байна. Өөрөөр хэлбэл тэмээний төрлийн зүйлүүд эволюци хөгжлийн явцад хувьсалд бага өртсөн байдаг тул генетик ялгааг илрүүлэхэд митохондрийн бүтцийн зарим генүүд тухайлбал митохондрийн *cyt b* ген төдийлөн ялгааг нь илрүүлж гаргахгүй байгаа бол Д-гогцооны хувьд харьцангуй олон мутаци хуримтлагдаж байгаа нь ажиглагдаж байгаагаас тэмээний төрлийн зүйлүүдийн генетик ялгааг илрүүлэхэд мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклеотидын дараалалд анализ хийх нь илүү тохиромжтойг харуулж байна.

мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклеотидын дарааллыг давхцуулахгүйн тулд нийтлэг гаплотиптэй буюу нэг гаплотипэд хамрагдаж буй дээжүүдээс нэгийг сонгож, шинээр илрүүлсэн нийт 9 гаплотипыг генбанкинд (NCBI) бүртгүүлж, бүртгэлийн дугаар авсан (Хүснэгт 20).

Хүснэгт 20. Гэрийн тэмээ, хавтгай тэмээний гаплотип болон генбанкны бүртгэлийн дугаар

Популяци	Дээжийн тоо	Гаплотип	Дээж	NCBI Ген банкны бүртгэлийн дугаар
Гэрийн тэмээ	7	H1	B11 , B9, B10, X315, X36, ГУ1, ГУ33	MT582437
	9	H2	B27, B17 X310 , X326, НУ14, НУ2, ГУ5, ГУ34, XXX2	MT582438
	1	H3	НУ16	MT582439
	1	H4	НУ15	MT582440
	1	H5	НУ13	MT582441
	3	H6	НУ12 , XXX4, XXX13	MT582442
	1	H7	ГУ3	MT582443
	1	H8	ГУ50	MT582444
Хавтгай тэмээ	2	H9	ХАВТГАЙ 9, ХАВТГАЙ 8	MT582445

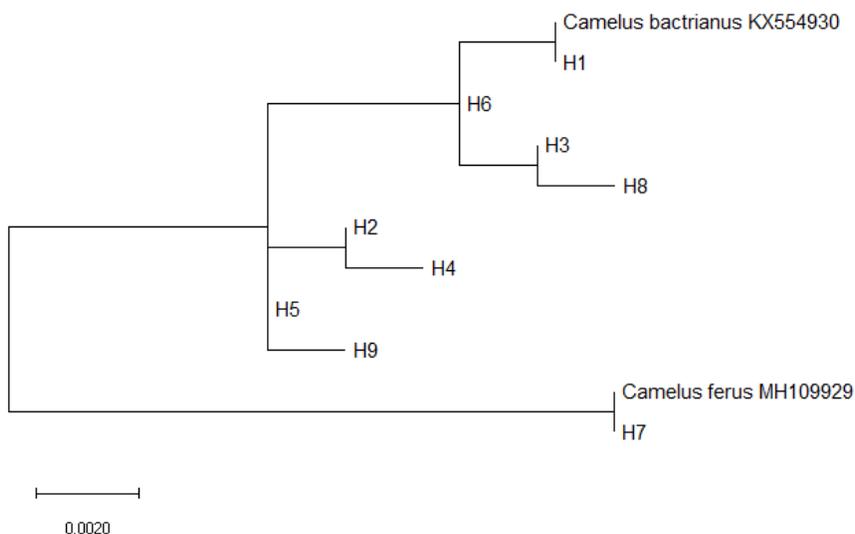
Гэрийн тэмээ болон хавтгай тэмээний нийт нуклеотидын солигдлыг ген банкинд бүртгэгдсэн дараалалтай (*Camelus bactrianus* KX554930) харьцуулахад (Хүснэгт 20, 21) нийт 14 нуклеотидын солигдол ажиглагдсан. Үүнээс хавтгай тэмээнд 12, гэрийн тэмээнд 5 нуклеотидын солигдолтой байв (Хүснэгт 21).

Хүснэгт 21. мтДНХ-ийн хяналтын хэсэг дэх нуклеотидын солигдол

	15466	15473	15494	15559	15608	15651	15668	15781	15866	15883	16076	16104	16107	16110	16113
<i>Camelus bactrianus</i> KX554930	A	C	-	A	C	A	A	C	A	T	A	C	C	C	C
H1	.	.	-
H2	.	.	-	T	A
H3	.	.	-	G	T
H4	.	.	-	G	T	A
H5	.	.	-	.	T	T	A
H6	.	.	-	.	T
H7	G	T	T	.	T	G	C	T	G	C	.	T	A	T	-
H8	.	.	-	G
H9	.	.	-	.	T	C	.	.	T	A

Нийт илэрсэн гаплотипүүдээр филогенетикийн модыг байгуулахдаа MEGA v.10.0.4 программаар Тамура-Ней модель, максимум лайклихүүд арга зүйгээр

бүүтстрапыг 1000 репликацид тохируулав. Хяналт болгон ген банкнаас (NCBI) гэрийн тэмээ (*Camelus bactrianus* KX554930) болон хавтгай тэмээний (*Camelus ferus* MN109929) дараалалтай харьцуулахад хавтгай тэмээний гаплотип ген банкны хавтгай тэмээтэй нэг кластерт багтаж гэрийн тэмээнээс ялгаатай байна (Зураг 43).



Зураг 43. мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн гаплотипээр байгуулсан филогенетикийн мод.

Батцэцэг (2018) тэмээний төрлийн зүйлүүдийн филогенетикийн модны зураглалыг цитохром б (cytb) гений төгсгөл болон хяналтын хэсгийн эхлэл хэсгийн нуклеотидын дараалалд үндэслэн гаргахад гэрийн тэмээ, хавтгай тэмээ нь нэг гарал үүсэлтэй боловч, эртнээс салсны улмаас тус тусдаа кластерт хуваагдаж байгааг илрүүлсэн байдаг нь бидний судалгааны үр дүнтэй ижил байна.

Генетикийн олон янз байдлыг нуклеотидын олон янз байдал, гаплотипын олон янз байдал, нуклеотидын ялгааны дунджаар харьцуулав (Хүснэгт 22).

Гэрийн тэмээний популяциуд нь мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн судалгаагаар генетикийн олон янз байдал ихтэй байна.

Хүснэгт 22. мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн генетикийн олон янз байдлын харьцуулалт.

Популяц	N	H	S	Hd±SE	π±SE	K
Хавтгай тэмээ	2	1	-	-	-	-
Галбын говийн улаан	6	4	4	0.86	0.002	1.6
Бэсрэг тэмээ	5	2	1	0.6	0.0009	0.6
Ханын хэцийн хүрэн	3	2	2	0.66	0.002	1.3
Төхөм тунгалгийн хүрэн	4	2	1	0.66	0.001	0.6
Нутгийн монгол тэмээ	6	5	3	0.93	0.002	1.6

Тайлбар: N-дээжийн тоо; H-гаплотипын тоо; Hd-гаплотипын олон янз байдал; S-хувьсамтгай сайтын тоо; π-нуклеотидын олон янз байдал; k-нуклеотидын ялгааны дундаж, SE- стандарт алдаа

Галбын говийн улаан болон нутгийн монгол тэмээний популяциудын генетик олон янз байдал нь бусад популяциас их байгаа нь дээжийн тооноос хамаарах магадлалтай хэдий ч бэсрэг болон төхөм тунгалгийн популяциудын дээжийн тоо адил байхад бэсрэг тэмээний нуклеотидын олон янз байдал бага байна. Хавтгай тэмээний дээж цөөн учраас генетик олон янз байдлыг тодорхойлох боломжгүй болов.

Монгол тэмээний үүлдрүүд болон нутгийн монгол тэмээний популяциудын мтДНХ-ийн *cytb* гений төгсгөл хяналтын хэсгийн эхлэлийн хэсэгт стандарт молекул олон янз байдлын индексээр гаплотипын олон янз байдал ихтэй буюу дунджаар $H_d = 0.725 (\pm 0.044)$, нуклеотидын олон янз байдал буюу $\pi = 0.00195$, генетик ялгааны дундаж утга $k = 1.566$ байжээ (Батцэцэг, 2018).

Бидний судалгаагаар гаплотипын олон янз байдал нь $H_d = 0.6 - 0.93$, нуклеотидын олон янз байдал буюу $\pi = 0.0009 - 0.002$, генетик ялгааны дундаж утга $k = 0.6 - 1.6$ байгаа нь Батцэцэг нарын судалгааны үр дүнтэй ойролцоо байна.

Тэмээний төрлийн хоёр зүйлүүд болон популяциудын хоорондох генетик зайг тооцоход хавтгай тэмээний популяци гэрийн тэмээнээс генетик ялгаа их ажиглагдав. Харин гэрийн тэмээний популяциудын хооронд генетик ялгаа төдийлөн их байсангүй (Хүснэгт 23).

Хүснэгт 23. Гэрийн тэмээний популяциуд болон хавтгай тэмээний мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклеотидын генетик зай.

	Бэсрэг тэмээ	Төхөм тунгалгийн хүрэн	Нутгийн монгол тэмээ	Хавтгай тэмээ	Галбын говийн улаан
Бэсрэг					
Төхөм тунгалгийн хүрэн	0.00153				
Нутгийн монгол тэмээ	0.00290	0.00280			
Хавтгай	0.01652	0.01636	0.01584		
Галбын говийн улаан	0.00229	0.00229	0.00314	0.01663	
Ханын хэцийн хүрэн	0.00244	0.00254	0.00297	0.01558	0.00297

II.4.4 Хэлэлцүүлэг

Монгол тэмээний Ханын хэцийн хүрэн, Хос зогдорт, Галбын говийн улаан, нутгийн монгол тэмээний популяциуд болон хавтгай тэмээний митохондрийн 15120-15923 байрлалын нуклеотидын дарааллуудад үндэслэн тэдгээрийн хоорондын генетик зайг MEGA v6 программын Tamura-Nei моделиор харьцуулахад Монгол тэмээний Хос зогдорт-Ханын хэцийн хүрэн хоорондох генетик зай 0.0063, Галбын говийн улаан-Ханын хэцийн хүрэн хоорондох генетик зай 0.0025, Галбын говийн улаан-Хос зогдорт хоорондын генетик зай 0.0037, нутгийн монгол тэмээ болон гэрийн тэмээний омгууд хоорондын генетик зай 0.0025-0.0050 буюу бага байхад, хавтгай тэмээ нь гэрийн хоёр бөхт тэмээний популяциудаас 0.3369-0.3432 буюу генетик зайн хувьд хол байсан тухай хэвлэлийн тойм (Батцэцэг, 2018)-той харьцуулахад бидний судалсан мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклеотидын дараалал дахь генетик зай Галбын говийн улаан-Ханын хэцийн хүрэн хоорондох генетик зай 0.00297, нутгийн монгол тэмээ болон гэрийн тэмээний омгууд хоорондын генетик зай 0.00153- 0.00297 буюу генетик зай бага байхад хавтгай тэмээ нь гэрийн хоёр бөхт тэмээний популяциудаас 0.01584-0.01652 генетик зайн хувьд харьцангуй хол байна.

II.4.5 Дүгнэлт

мтДНХ-ийн хяналтын хэсэг нь нэг зүйлийн доторх популяцуудын хоорондох генетик ялгааг илрүүлэхэд митохондрийн бусад бүтцийн буюу уураг кодлодог генүүдээс илүү тохиромжтой байна.

Гэрийн тэмээний популяц хооронд генетик ялгаа бага, харин хавтгай тэмээнээс их байгаа нь нэг гарал үүсэлтэй боловч, эртнээс салсныг илтгэж байна.

Ном зүй

1. Mongolia Bandelt H., Forster P., Rohl A. (1999) Median-joining networks for inferring intraspecific 2. phylogenies. *Molecular Biology and Evolution* 16, 37-48.
2. Belkir K., Borsa P., Goudet J., Chikhi L., Bonhomme F. (1999) Genetix, logiciel sous Windows 3. TM pour la гийнйитique des populations. Laboratoire Гйноме et Populations, Universitй de Montpellier, France.
3. Corander J., Tang J. (2007) Bayesian analysis of population structure based on linked molecular 4. information. *Mathematical Biosciences* 205, 19-31. *Molecular Ecology* (2013) 22, 2931-2940 doi: 10.1111/mec.12174
4. Dieringer D., Schluttrer C. (2003) Microsatellite analyser (MSA): a platform independent 5. analysis tool for large microsatellite data sets. *Molecular Ecology Notes* 3, 167-169.
5. 199.6.
6. Earl D., vonHoldt B. (2012) 7. structure harvester: a website and program for visualizing structure output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources* 4, 359-361.
7. Excoffier L., Lischer H. (2010) 8. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10, 564-567.
8. Jacobsson M., Rosenberg N.A. (2007) 9. clumpp: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* 23, 1801-1806.
9. Ji R., Cui P., F.Ding., Geng J., Gao H., Zhang H., Yu J., Hu S., Meng H. (2009) Monophyletic 10. origin of domestic Bactrian camel (*Camelus bactrianus*) and its evolutionary relationship with the extant wild camel (*Camelus bactrianus ferus*). *Animal Genetics* 40, 377-382.
10. Jianlin H., Ochieng J. W., LKhagva B. & Hanotte O. (2004) Genetic diversity and relationship 11. of domestic Bactrian camels (*Camelus bactrianus*) in China and Mongolia. *Journal of Camel Practice and Research* 11, 97-99.
11. Jirimutu. et al. (2012) Genome sequences of wild and domestic bactrian camels. 12. *Nature Communications* 3, 1202.
12. Koshimoto C., Amano T., Nozawa K., Tanabe Y., Munkhtoyaa B., Tumennasan H., Zhanchiv T. 13. (1999) Blood protein/Enzyme polymorphisms in the two humped camel (*Camelus bactrianus*) of Mongolia. *Report of the society for researches on native livestock* 17, 95-102.
13. Librado P., Rozas J. (2009) 14. DnaSPv5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25, 1451-1452.
14. Mburu D.N., Ochieng J.W., Kuria S.G., Jianlin H., Kaufmann B., Rege J.E.O., Hanotte O. 15. (2003) Genetic diversity and relationships of indigenous Kenyan camel (*Camelus dromedarius*) populations: implications for their classification. *Animal Genetics* 34, 26-32.
15. Peakall R., Smouse P.E. (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic 16. software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.
16. Peters J., von den Driesch A. (1997) The two-humped camel (17. *Camelus bactrianus*): New light on its distribution, management and medical treatment in the past. *Journal of Zoology* 242, 651-679.
17. Pritchard J., Stephens M., Donnelly P. (2000) Inference of population structure using multilocus 18. genotype data. *Genetics* 155, 945-959.
18. Silberman K., Tero N., Charruau P., Enkhbileg D., Walzer C., Burger P.A. (2010a) Isolation 19. and characterization of nine new microsatellite loci in the domestic Bactrian camel (*Camelus bactrianus*) and amplification in the wild Bactrian camel (*C. ferus*). *Molecular Ecology Resources* 10, 1106-1108.
19. Silberman K., Orozco-terWengel P., Charruau P., Enkhbileg D., Walzer C., Vogl C., 20. Schwarzenberger F., Kaczensky P., Burger P.A. (2010b) High mitochondrial differentiation levels between wild and domestic Bactrian camels: a basis for rapid detection of maternal hybridization. *Animal Genetics* 41, 315-318.
20. Tapio M., Miceikienй I., Vilkki J., Kantanen J. (2003) Comparison of microsatellite and blood 21. protein diversity in sheep: inconsistencies in fragmented breeds. *Molecular Ecology* 12, 2045-2056.
21. Trinks A., Burger P.A., Beneke N., Burger J. (2012) Simulations of populations ancestry of the 22. two-humped camel (*Camelus bactrianus*). In: *Camels in Asia and North Africa. Interdisciplinary perspectives on their significance in past and present*. (ed. by E.M. Knoll, P.A. Burger), pp. 79-86. Austrian Academy of Sciences Press, Vienna.
22. Wang J. (2011) 23. coancestry: A program for simulating, estimating and analyzing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources* 11, 141-145.
23. Watterson G. (1975) On the number of segregating sites in genetical models without 24. recombination. *Theoretical Population Biology* 7, 256-276.
24. Weir B.S., Cockerham C.C. (1984) Estimating F-statistics for the analysis of population 25. structure. *Evolution* 38, 1358-1370.

II.5 Монгол адуу *Equus ferus caballus*

II.5.1 Монгол адууны генетикийн судлагдсан байдал

Монгол адууны генетикийн судалгаа 1993 оноос эхлэн хийгдэж байгаа бөгөөд адууны цусны уургийн полиморфизмын судалгаа болон мтДНХ-ийн цитохром б гений судалгаа зэргийг ШУА-ийн ЕСБХ-ийн судлаачид хийж байжээ. Академич Ц.Оюунсүрэн болон Японы Адуу судлалын хүрээлэнгийн судлаач Ishida нарын 1994 онд хийсэн хамтын судалгааны ажлаар Монгол адуу, Пржевалскийн адуу болон Японы нутгийн адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хэт хувьсамтгай 1-р хэсгийг судалснаар Япон гэрийн адуу нь Монгол адуунаас үүссэн байж болох ба Пржевалскийн адуу нь гэрийн адуутай мтДНХ-ийн хувьд төстэй байгаагаас үзэхэд хромосомын тооны өөрчлөлт явагдаад удаагүй байх магадлалтай гэж дүгнэжээ (Ishida *et al.*, 1995).

Түүхийн хуудсыг сөхөн үзэхэд Солонгосын Чезү аралд 1276 онд 120 адууг аваачсан гэж үздэг бөгөөд үүнээс улбаалан Чезү болон Монгол адууны филогенетик холбоо хамаарлын судалгаа хийгдсэн байдаг. Солонгосын судлаачдын хийсэн уг ажлын үр дүнд зарим Чезү арлын адуу нь Монгол адуутай нэг кластерт харьяалагдаж байсан бол зарим нь тусдаа кластер үүсгэж байжээ. Үүнээс харахад Чезү адуу нь дан ганц Монгол адуунаас гаралтай гэж дүгнэх боломжгүй ба 1276 онд суурьшуулсан үеэс хойш тэдгээрийн хооронд генетик мэдээллийн солилцоо явагдсан байж болзошгүй хэмээжээ (Kim *et al.*, 1999).

Адууны гарал үүслийн талаарх судалгааг эртний дүрслэх урлагийн олдвор, археологи палеонтологийн малтлагын үед гарч ирсэн малын ясны үлдэгдэл зэрэгт тулгуурлан хийдэг. Орчин үеийн ойлголтоор адууны төрлийн хувьсах хөгжил бараг 70 сая жилийн туршид үргэлжилсэн байна. Хувьсах хөгжлийн явцад адууны өвгийн амьтанд мутацийн их бага өөрчлөлтүүд гарч, ийм өөрчлөлтийн ашигтай нь байгалийн шалгарлаар хуримтлагдан үлдэж ашиггүй нь устан арилж ирсэн. Плиоцены үед плиохиппус Хойд Америкт буй болж улмаар Ази, Европ, Африкт шилжин тархсан байна. Хойд америкийн их мөстлөгийн үеэр тэндхийн адууны зэрлэг өвөг бүрмөсөн сөнөсөн ба саяхан манай эриний 15-р зуунд Хойд Америкт Европоос адуу аваачжээ (Төмөржав, 1989). Адууны гарал үүслийг судлахад гуравдагч үе буюу 60-70 сая

жилийн өмнөх үеэс эхэлдэг бөгөөд энэ үеийг дотор нь эоцин, олигоцен, миоцен, плиоцен, плейстоцен гэж хуваадаг (Сайполда *ба бусад.*, 2011).

Адууны эртний өвөг нь туулайрхуу биетэй, урд хоёр сарвуу нь дөрвөн салаа, хойт хоёр сарвуу нь гурван салаа сарвуутай хиракотериум хэмээх нэртэй шүүслэг ургамлаар хооллодог 28-56 см өндөртэй жижиг амьтан гэж үздэг. Хэтэрхий жижиг биетэйгээсээ болоод махчин амьтадын хялбар олж иддэг хоол нь болдог байсан байна. Энэ нь адууны хамгийн том байгалийн шалгуур байсан учраас махчин амьтдаас зугтаах, хурдлах, сонор сэргэг байх зэрэг олон шаардлагын улмаас адууны өвөг хувьсаж эхэлсэн байна. Үүнтэй зэрэгцэн цаг уурын өөрчлөлт буюу дөрвөн удаагийн том мөстлөгийн үеэр адуу биеийн хэмжээгээ өөрчлөх замаар өнөөгийн адууны төрхийг олсон байна. Энэ хувьслын дүнд адуу сарвуугаа өөрчлөн ганц хуруутай буюу битүү туурайтай болсон нь адууны хурдан давхиж араатнаас зугтах давуу талыг нөхцөлдүүлсэн байна. Сарвуутай байсны ул мөр болох эвэрлэг зүйл адууны хөлийн дотор талд хадгалагдан үлдсэн байдаг (Төмөржав, 1989).

Европ, Ази, Африкт байгаль цаг уурын адилгүй нөхцөлд адууны шинэ хэлбэрийн өвөг буй болж улмаар одоогийн оршин амьдарч байгаа адууны дөрвөн дэд төрөл үүсжээ (Төмөржав, 1989). Одоо зэрлэг адуунаас тахь үлдэж нөгөө хэлбэр болох тарпан устжээ. Тарпан нь Өмнөд Оросын талд амьдарч байсан бөгөөд тахь, гэрийн адуу хоёрын завсрын амьтан гэж үздэг (Сайполда *ба бусад.*, 2011). Харамсалтай нь тарпан нь арван ес дүгээр зуунд бүрэн устсан тул тарпаны хромосомын тоог тодорхойлж чадаагүй (Төмөржав, 1989).

Тахь бол адууны хамгийн ойрын өвөг бөгөөд Төв Азийн, тухайлбал манай орны баруун урд нутаг Тахийн шар нуруу, Хонин усны говь, Бор цонжийн говь зэрэг тал хээр, заримдаа цөлд саяхан хүртэл сүрэг сүргээрээ амьдарч байжээ (Төмөржав, 1989). Тахь анчин гөрөөчин овгийнхны авд арваад мянган жил өртөж газар сайгүй устсан. Эцсийн цөөн тахь 19-р зууны эцэс 20-р зууны эхэн хагаст Алтайн өвөр говьд үлдэж байгаад бас хүний гараар устжээ. Тахь нь орших экологи нутгийн байдал, биеийн галбир, зан араншин, өнгө зүсний хувьд монгол адуутай ихээхэн төстэй. Гэвч хромосомын тооны хувьд тахь 66 хромосомтой бол гэрийн адуу нь 64 хромосомтой байдаг. Хэрэв тахь гэрийн адууны өвөг биш бол манай нутаг дээр адууны өвөг байж болох ямар адуу байсныг олж мэдэх хэрэгтэй юм (Шагдарсүрэн, 2005).

хэрэглэгддэг бөгөөд мөн адууны гаршуулалтын талаарх асуудлыг шийдвэрлэхэд ач холбогдолтой байдаг.

Ishida болон бусад судлаачид (Ishida *et al.*, 1995) Адууны (*Equus*) төрлийн амьтдын филогенетикийн холбоо хамаарлыг тооцоолох зорилгоор адууны мтДНХ-ийн бүтэн дарааллыг олшруулан хэт хувьсамтгай хэсгийг тогтоожээ. Уг судлаачид нь зөөврийн РНХ-ийн хоёр талд байрлах пролин нийлэгжүүлэгч хэсэг болон хадгалагдсан дарааллын блокын төв (central conserved sequence block) хэсгийн хооронд орших хэт хувьсамтгай нэгдүгээр хэсэг нь нийт мтДНХ-ийн хувьд хамгийн их мутацийг агуулсан хэсэг болохыг тогтоосон (Ishida *et al.*, 1994).

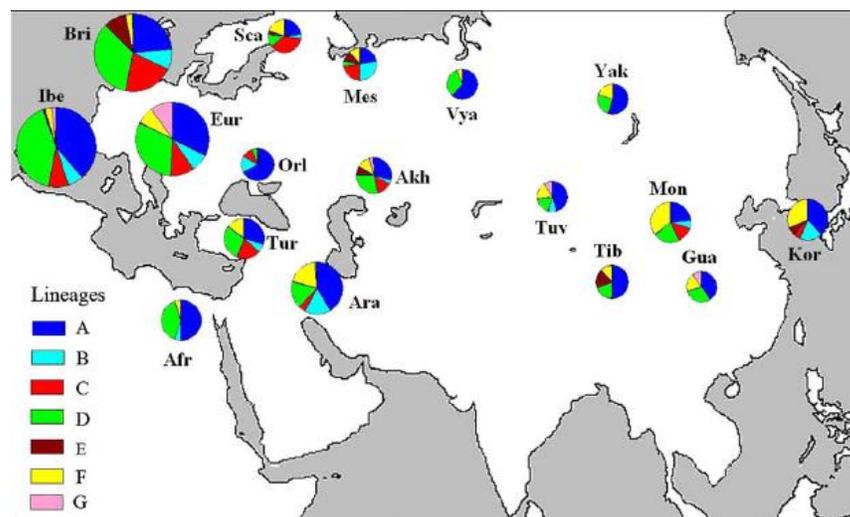
Адууны Д-гогцооны полиморфизмын судалгаа нь Иран (Moridi *et al.* 2012), Хятад (Zhang *et al.*, 2012), Араб (Khanshour *et al.*, 2013), Япон (Ishida *et al.*, 1995; Kakoi *et al.*, 2007), Солонгос (Kim *et al.*, 1999) гэх мэт олон орны адууны генетик олон янз байдал, гарал үүслийг тодорхойлоход ашиглагдсаар иржээ.

Адууны мтДНХ-ийн гаплогруппын судлагдсан байдал: Гаплогруппыг Achilli болон бусад судлаачдын тогтоосон адууны гаплогруппын судалгааг түшиглэн тогтоов. Энэхүү эрдэмтэд гаплогрупп тогтоохдоо бүтэн мтДНХ-ийн дараалалд дүн шинжилгээ хийж, нэг нуклеотидын солигдолтын сайтын ялгааг тогтоож харьцуулсаны үндсэнд хийгдсэн байдаг. Мөн харьцуулалтад ашиглаж гаплогруппыг баталгаажуулахаар Тахийн талын 2 Пржевальскийн адууны гаплогруппыг тогтоов. Судалгаагаар тогтоогдсон гаплогруппуудын магадлалыг шалгах зорилгоор Генбанкинд бүртгэгдсэн бусад орны судлаачдын адууны гаплогруппыг тодорхойлсон үр дүнтэй харьцуулан (Хүснэгт 2) филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйгээр MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

Jansen болон бусад судлаачид (Jansen *et al.*, 2002) орчин үеийн адууны гарал үүслийг нэг эсвэл олон популяцын эм бодгалиудаас үүсэлтэй эсэх маргааныг шийдвэрлэх боломжийг эрэлхийлж адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хэт хувьсамтгай хэсгийн мутацийг судалснаар A-F хүртэл үсгээр тэмдэглэж, тоогоор дугаарласан нийт 17 филогенетик кластерийг бүтээсэн юм. Энэхүү кластерийн ангилал нь 93 ялгаатай мтДНХ-ийн хэлбэрүүдийг үндсэн 17 ялгаатай кластер 7 гарал үүслийн холбоо, гаплогруппт хуваажээ. Энэ 17 кластераас A2 кластер нь Пржевальскийн

адуунд өвөрмөц байдаг бол, C1 кластер нь хойд Европд түгээмэл бус, D1 кластер нь Африк болон Иберийн адууны үүлдрийг төлөөлнө хэмээжээ.

Dawei болон бусад судлаачид (Dawei *et al.*, 2007) эртний Хятадын адууны гарал үүслийг тодорхойлох судалгааг хийх явцдаа 456 эртний болон орчин үеийн адууны дарааллыг хамруулан Jansen болон бусад судлаачдын (Jansen *et al.*, 2002) кластер загварыг ашиглахад A3 кластер нь Европд 39,2%, Зүүн Азид 4,4% тохиолдож байв. Харин F1 кластер нь Европд 27.8%, Зүүн Азид 44,4%, F2 кластер нь Европд 67%, Зүүн ази 20% тохиолдож байв. Уг судалгаанд F1 кластер нь Зүүн Азийн адуунаас Хятад-Монгол адуу болон Чезү Адуунд хамгийн их тохиолдож байсан ба Якут адуунд мөн илэрч байв. Мөн эдгээр судлаачид нь 2009 онд (Dawei *et al.*, 2009) Зүүн Ази, Төв Ази, Хойд Ази, Дундад дорно болон Европ гэсэн 5 газарзүйн бүсийн 1053 адууны мтДНХ-ийн судалгааг хийж гаплогруппыг тодорхойлжээ. Уг судалгаагаар F гаплогрупп нь Монгол (36,4%) болон Чезү (32,4%) адуунд хамгийн өндөр тархалттай илэрсэн байна. Зураг 45-т Dawei болон бусад судлаачдын бүтээсэн (Dawei *et al.*, 2009) адууны гаплогруппын газарзүйн тархалтын зураглалыг үзүүлэв.



Зураг 45. Dawei болон бусад судлаачдын гаплогруппын газарзүйн тархалтыг тодорхойлсон зураглал (Dawei *et al.*, 2009)

Achilli болон бусад судлаачид (Achilli *et al.*, 2012) адууны мтДНХ-ийн бүтэн геномд дүн шинжилгээг хийж A-R хүртэл дугаарласан нийт 18 гаплогруппыг тогтоосон юм. Тэдний тогтоосон гаплогруппыг илэрсэн газарзүйн байршлаар нь авч үзвэл:

- А- Орчин үеийн адуунд хамгийн түгээмэл илэрдэг гаплогрупп.
- В- Төв болон Өмнөд Европын адуунд түгээмэл илэрдэг (Итали, Герман үүлдрийн адуу).
- С-Төв болон Дундад дорнод, Европын хойд хэсэгт илэрдэг (Иран болон Сирийн бүрэн тодорхойлогдоогүй үүлдрийн адуунууд, Араб адуу).
- Д- Европын Хойд хэсэгт түгээмэл илэрдэг (Атлантын Хойд хэсэг, Норвегийн баруун хэсгийн адуу)
- Е- Европын Хойд хэсгийн буюу Италийн Мареманно орчим.
- F- Төв Азийн гаплогрупп (Пржевальскийн адуу).
- G- Дундад дорно, Төв Ази болон Европын урд хэсгээр түгээмэл илэрдэг (Араб, Сири, Иран болон Итали адуу)
- Н-Европын урд хэсгийн гаплогрупп (Италийн Мареманно адуу)
- I-Дундад дорно, зарим тохиолдолд Европын урд хэсэгт илэрдэг (Иран болон Орос адуу).
- J- Дундад дорно болон Европын урд хэсэгт илэрдэг.
- К- Төв Европын гаплогрупп.
- L-Ихэвчлэн Европт илрэх боловч цөөнгүй тохиолдолд Дундад дорно болон Төв Азид тохиолдоно.
- М- Төв Ази, Дундад дорно, Европ аль алинд илрэх боловч түгээмэл бус.
- Н- Европт нийтлэг илрэх гаплогрупп. Цөөн тохиолдолд Ираны адуунд илэрсэн.
- О,Р- Дундад дорнодод илэрсэн гаплогруппууд.
- Q- Төв азид түгээмэл илрэх гаплогрупп.
- R- Европын урд хэсэг болон Дундад дорнодод илэрсэн гаплогрупп.

II.5.2 Материал арга зүй

II.5.2.1 Монгол адууны цусны дээж

Энэхүү судалгаанд Дархад омгийн адууны цусны дээжийг Хөвсгөл аймгийн Улаан Уул сумаас, Тэс омгийн адууны дээжийг Завхан аймгийн Баянхайрхан сум, Булган аймгийн Могод сумаас, Тайж (нутгийн малчдын нэрлэж заншсанаар Тайж угшлаас гаралтай жинхэнэ Монгол адууны омог) омгийн адууны дээжийг Дундговь аймгийн Луус сумаас EDTA бүхий хуруу шилэнд цуглуулж 4⁰С-д хадгалав. Тэс

омгийн адууны дээжийг цуглуулахдаа тус бүр өөр газар нутагшиж байсан 2 популяцын адуунаас цуглуулав.

II.5.2.2 Филогенетикийн мод зурахад ашигласан Пржевальскийн адууны эдийн дээж

Гаплогрупп тодорхойлох, харьцуулах зорилгоор МУИС-ийн Амьтны лабораторид хадгалагдаж байсан Говь-Алтай аймгийн Тахийн талын Пржевальскийн адууны толгойн эдийн дээж авав.

Дархад омгийн адууны цусны дээжийг Хөвсгөл аймгийн Улаан Уул сумаас, Тэс омгийн адууны дээжийг Завхан аймгийн Баянхайрхан сумаас, Монгол омгийн (нутгийн малчдын нэрлэж заншсанаар Тайж угшлаас гаралтай Монгол омгийн адуу) адууны цусны дээжийг Дундговь аймгийн Луус сумаас EDTA бүхий хуруу шилэнд цуглуулж 4°C-д хадгалсан.

II.5.2.3 Цуснаас ДНХ ялгах арга зүй

Нийт 19 цусны дээжээс геномын ДНХ-ийг СТАВ агуулсан задлагч буфер (СТАВ(10%), 5M NaCl, 0.5M EDTA(pH=8.0), 1M Tris-HCl (pH=8.0), β -mercaptoethanol) ашиглан фенол-хлороформын аргаар ялгав.

II.5.2.4 Полмеразын гинжин урвалаар (ПГУ) олшруулах үр дүн

ПГУ-д адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хяналтын 1162 х.н хэсэгт зохиогдсон AjasF- 5' CGA CAA CAA TTC ACC CTC AT 3' , AjasR 5'GAA GAA GGG TTG ACA GAT TTA 3' дараалалтай [17] хос праймерийг ашиглав. Урвалын холимгийг APEX Taq master mix-ийг ашиглан үйлдвэрлэгчийн протоколын дагуу хийж гүйцэтгэсэн. ПГУ-ыг (Thermo scientificTM, Arktik Thermal cycler) 94°C-д 3 минут; 94°C-д 30 секунд ; 55°C-д 30 секунд; 72°C-д 90 секунд 35 удаа давтан; 72°C-д 10 минутын горимоор тохируулан явуулав. Урвалын бүтээгдэхүүнийг (агароз гель) электрофорезийн арга зүйг ашиглан тодорхойлсон. Нуклеотидын дарааллыг Sanger-ийн аргаар Солонгос улсын Macrogen Биотехнологийн компанид тогтоолгов.

II.5.2.5 Статистикийн анализ хийх

Судалгаанд 3 өөр омгийн 19 адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны дарааллыг тодорхойлж MEGA v.6 программыг ашиглан нуклеотидын дарааллыг харьцуулав.

Гаплотипын олон янз байдал, нуклеотидын олон янз байдлал, полиморф сайт, гаплотипын тоо зэргийг тооцохдоо DnaSP v.5.10 программ (15) болон Arlequin v3.1 (7) программуудыг тус тус ашиглав.

Гаплогруппыг тодорхойлох: Гаплогруппыг тогтоохдоо филогенетикийн сүлжээний (phylogenetic median-joining network) загварыг ашиглав (11). Уг филогенетикийн сүлжээний загвар нь Д-гогцооны 246 хос нуклеотид орчим хэмжээтэй богино хэсгийн нуклеотидын солигдолтын сайтын ялгаа дээр үндэслэгдэн хийгдсэн байдаг. Судалгаагаар илэрсэн гаплотипүүдийг Генбанкинд бүртгэгдсэн адууны ижил гаплотипүүдтэй (Хүснэгт 24) харьцуулан филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйг ашиглаж MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

Адууны гаплогрупп тодорхойлох: Гаплогруппыг тогтоохдоо филогенетикийн сүлжээний (phylogenetic median-joining network) загварыг ашигласан (Jansen *et al.*, 2002). Уг филогенетикийн сүлжээний загвар нь бүтэн мтДНХ-ийн дараалалд дүн шинжилгээ хийж, нэг нуклеотидын солигдолтын сайтын ялгааг тогтоож харьцуулсаны үндсэнд хийгдсэн байдаг. Мөн харьцуулалтад ашиглаж гаплогруппыг баталгаажуулахаар Тахийн талын 2 Пржевальскийн адууны гаплогруппыг тогтоов. Судалгаагаар тогтоогдсон гаплогруппуудын магадлалыг шалгах зорилгоор Генбанкинд бүртгэгдсэн бусад орны судлаачдын адууны гаплогруппыг тодорхойлсон үр дүнтэй харьцуулан (Хүснэгт 24) филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйгээр MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

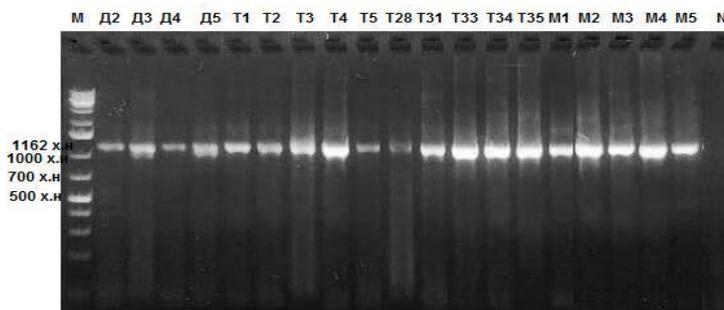
Хүснэгт 24. Филогенетикийн мод байгуулахад ашигласан адууны гаплотипын Генбанкны бүртгэлийн дугаар

Гаплогрупп (Jansen <i>et al.</i> , 2002)	Гаплогрупп (Achilli <i>et al.</i> , 2012)	Генбанкинд бүртгэгдсэн дугаар (Achilli <i>et al.</i> , 2012)	Генбанкинд бүртгэгдсэн дугаар (Kakoi <i>et al.</i> , 2007)	Гаплотип
A5	A1	Бүртгэгдсэн жишиг дараалал байхгүй	AB329587, AB329588, AB329592	H1, H2, H6
A2	F	JN398402		
A3	B	JN398389		
A6	A'B'C'D	JN398399		
B1,B2	I	JN398414	Бүртгэгдсэн жишиг дараалал байхгүй	
C1	M	JN398435	AB329604, AB329606, AB329608	H18, H20, H22
C2	N	JN398440		
D2, D3	L	JN398422	AF064628, AF014416, AF072976,	H32, H34, H35
F1	O'P	JN398446	AF014415, AF056071	H42, H48
F2, F3	Q	JN398449		

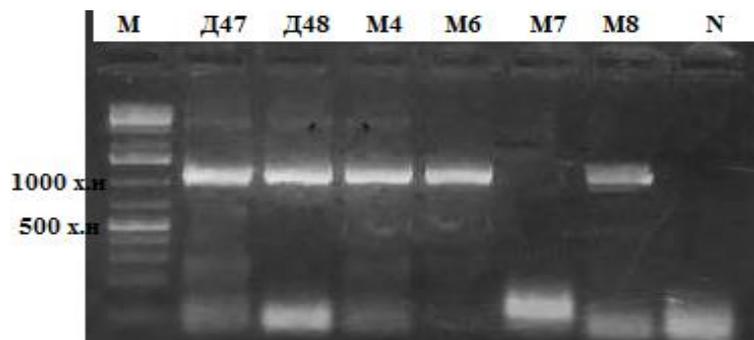
II.5.2 Үр дүн

II.5.2.1 Адууны ДНХ-ийн ПГУ-ын үр дүн

Адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны 1162 хн хэсгийг AjasF- 5' CGA CAA CAA TTC ACC CTC AT 3' , AjasR 5'GAA GAA GGG TTG ACA GAT TTA 3' дараалалтай хос праймераар олшруулан (Зураг 46, Зураг 47) бүтээгдэхүүнийг Солонгос улсын Macrogen компанид илгээн нуклеотидын дарааллыг тогтоолгосноос 742 х.н таслан авч цаашид боловсруулалт хийхэд ашиглав.



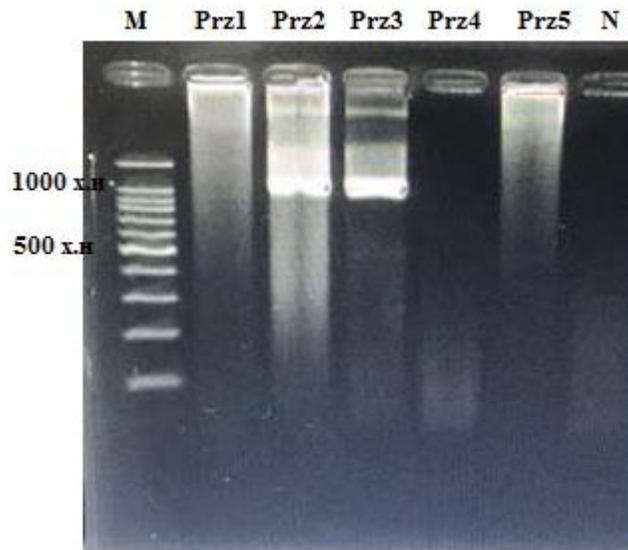
Зураг 46. Адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны 1162 х.н хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан дүн. Тайлбар: М-маркер , Дархад адуу- Д2, Д3, Д4, Д5 ,Тэс адуу- Т1-Т5 болон Т28, Т31, Т33,Т35, Тайж адуу- М1-М5, N- сөрөг хяналт



Зураг 47. Адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны 1162 х.н хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан дүн Тайлбар (Зураг 47): М-маркер, Дархад адуу- Д47, Д48, Тайж адуу- М4, М6, М7, М8, N- сөрөг хяналт

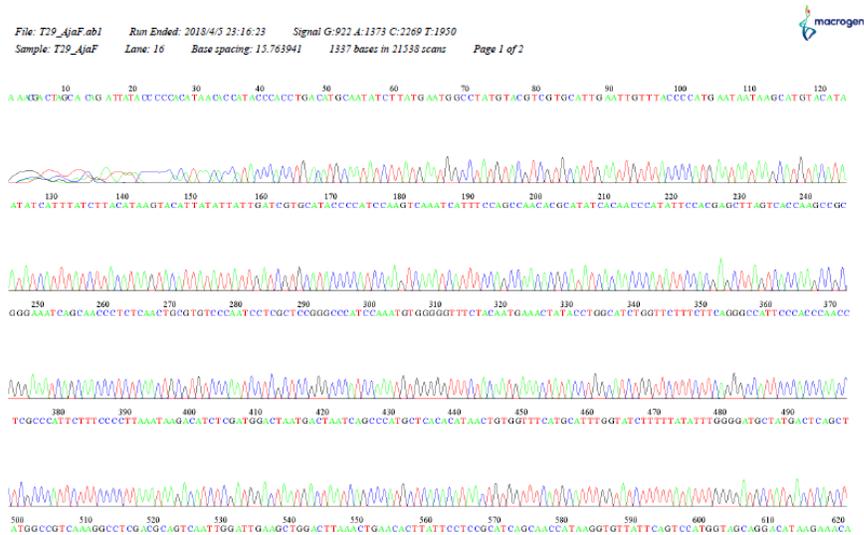
Бид адууны популяц бүрээс 10 дээжид ПГУ явуулсан ба Дархад омгийн адууны 7 дээж, Тайж омгийн адууны 8 дээж, Тэс омгийн 1-р айлын адууны 9 дээж, 2-р айлын адууны 8 дээжийн ПГУ амжилттай явагдсан тул нуклеотидын дарааллыг тогтоолгож, цаашдын дүн шинжилгээнд ашиглав.

Пржевальскийн адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны 1162 хн хэсгийг Монгол адуутай адил AjasF- 5' CGA CAA CAA TTC ACC CTC AT 3' , AjasR 5'GAA GAA GGG TTG ACA GAT TTA 3' дараалалтай хос праймераар олшруулахад нийт 5 дээжийн 2-т ПГУ амжилттай явагдсан тул бүтээгдэхүүнийг Солонгос улсын Macrogen компанид илгээн нуклеотидын дарааллыг тогтоолгов (зураг 48).

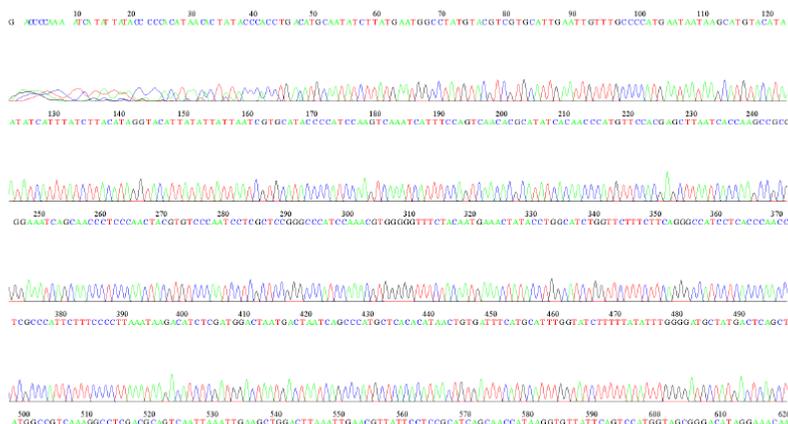


Зураг 48. Пржевальскийн адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны 1162 х.н хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан дүн. Тайлбар: М-маркер, Тахийн талын Пржевальскийн адуу-Prz2,Prz3 N- сөрөг хяналт

Солонгос улсын Macrogen компанид адуу болон Пржевальскийн адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны нуклеотидийг илгээн дарааллыг тогтоолгов (зураг 49, 50).



Зураг 49. Монгол адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны нуклеотидын дарааллыг тогтоолгосон үр дүнг жишээ болгон Т29 дээжийн электрофореграммаар харуулав.



Зураг 50. Пржевальскийн адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны нуклеотидын дарааллыг тогтоолгосон үр дүнг жишээ болгон Prz2 дээжийн электрофореграммаар харуулав.

II. .5.2.2 Нуклейн хүчлийн анализ

ПГУ-аар олшруулан авсан мтДНХ-ийн 1162 х.н хэсгээс цэвэр уншигдсан 742 х.н хэмжээтэй нуклеотидын дарааллыг цаашдын анализад ашиглахаар сонгон авав. Энэ хэсэгт адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хэсгийн хэт хувьсамтгай 1-р хэсэг байрладаг юм. Таслан авсан 742 х.н хэмжээтэй нуклеотидын дараалал дахь азотлог сууриудын агууламжийг тооцоход С: 26,80%, Т: 27,95%, А: 28,05%, G:17,19 гэсэн харьцаатай байлаа. Сээр нуруутны мтДНХ-ийн азотлог сууриудын агууламж нь голдуу А>С>Т>G гэсэн бүтэцтэй байдаг ба А+Т нийлбэр нь С+G нийлбэрээс илүү байдгийг илрүүлсэн бол (Asakawa *et al.*, 1991 ; Ji *et al.*, 2008) бидний судалгаанд А болон Т илүү хэмжээтэйгээр илэрлээ. Нийт 23 гаплотип тодорхойлогдсон ба хувьсамтгай сайтын тоо 66 байлаа. Нуклеотидын дараалалд илэрсэн 66 полиморф сайтаас транзици мутаци 60, трансверс мутаци 4, инсерц 2 тогтоогдлоо. Харьцуулалт хийсэн 32 адууны 742 х.н нуклеотидын дарааллыг Генбанкинд бүртгүүлж бүртгэлийн дугаар авсан (Хүснэгт 25).

Судалгаагаар тогтоогдсон нуклеотидын дарааллуудыг Генбанкинд хадгалагдсан дарааллуудтай BLAST хайлт хийж үзэхэд Зүүн Азийн адууны митохондрийн бүтэн геномын тогтоох судалгаа (JQ340161.1), мтДНХ-ийн Д-гогцооны хэсэгчилсэн дарааллууд (KU601684.1, KT756678.1) болон Генбанкны жишиг дараалалтай (NC_001640.1) 96%-98% тохирч байв.

Хүснэгт 25. Гаплотипыг тодорхойлсон дүн болон генбанкны бүртгэлийн дугаар

Омог	Дээжийн дугаар	Гаплотип	NCBI Ген банкны бүртгэлийн дугаар
Дундговь-Монгол	M1	H1	MH004384
	M3	H2	MH004385
	M4	H20	MH178503
	M5	H2	MH004386
	M6	H21	MH178504
	M7	H3	MH004387
	M8	H2	MH178505
	M9	H4	MH004388
Дархад	D2	H5	MH004389
	D3	H6	MH004390
	D4	H7	MH004391
	D5	H8	MH004392
	D43	H17	MH178500
	D47	H18	MH178501
	D48	H19	MH178502
Тэс (1-р айл)	Ts1	H9	MH004393
	Ts2	H10	MH004394
	Ts3	H11	MH004395
	Ts4	H12	MH004396
	Ts5	H13	MH004397
	Ts7	H10	MH178506
	Ts8	H10	MH178507
	Ts9	H12	MH178508
	Ts10	H12	MH178509
	Тэс (2-р айл)	T27	H22
T28		H14	MH004398
T29		H14	MH178511
T31		H14	MH004399
T32		H23	MH178512
T33		H15	MH004400
T34		H14	MH004401
T35		H16	MH004402

Гаплотипыг DNasp v5.0 программыг ашиглан тодорхойлоход Тэс-1 омгийн адуунд нийтлэг гаплотип 2 (H10, H12) давтагдаагүй гаплотип 3, Тэс-2 омгийн адуунд нийтлэг гаплотип 1 (H14) давтагдаагүй гаплотип 4, Тайж омгийн адуунд нийтлэг гаплотип 1 (H2) давтагдаагүй гаплотип 5, Дархад омгийн адуунд давтагдаагүй гаплотип 7 илэрлээ.

ялгаатай аллелийг агуулах боломж их байна гэсэн үг. Үүнээс шалтгаалж популяци тасралтгүй олон үе удмын туршид өсөн олширч байдаг.

Генетик олон янз байдалд гаплотипын олон янз байдал болон нуклеотидын олон янз байдал хамаарагдана. Монгол адууны 3 омгийн генетикийн олон янз байдал харьцангуй өндөр байгаа нь ажиглагдсан юм (Хүснэгт 27).

Хүснэгт 27. Монгол нутгийн 3 омгийн 4 популяцын адууны генетик олон янз байдал

Омог	N	H	Hd±SE	π±SE	K
Дархад	7	7	1.000±0.1768	0.015354±0.008890	19.524
Тайж	8	6	0.8929±0.1113	0.015354±0.008890	10.714
Тэс-1	9	5	0.8333±0.0980	0.017192±0.002722	2.7222
Тэс-2	8	5	0.7859±0.1508	0.011808±0.006952	8.500

Тайлбар: N- Дээжийн тоо; H-Гаплотипын тоо; Hd-Гаплотипын олон янз байдал; π-Нуклеотидын олон янз байдал; SE-Стандарт алдаа (Standart error); k-Нуклеотидын ялгааны дундаж

Бид мөн дээрхи 4 өөр популяцын хоорондын генетик зайн утгыг (F_{ST}) тооцоход Тайж болон Дархад адууны генетик зайн утга 0.015 буюу хамгийн бага утгыг үзүүлсэн бол Тэс-1 болон Тэс 2-р адууны популяц нь 0.335 буюу генетик зайн хувьд хол байгаа нь илэрлээ (Хүснэгт 28). Энэ 2 популяц нь нэг омогт харьяалагдах боловч газарзүйн хувьд тусгаарлагдаад багагүй хугацааг өнгөрөөсөн, мөн Тэс-2 популяцын адуу нь уралдааны зорилгоор үржүүлэн, бусад адууны популяцтай цус сэлгэдэг байсан бол Тэс-1 популяцын адуу нь бусад популяцтай цус сэлбэлгүйгээр, уналга эдэлгээнд хэрэглэхгүй удсан байлаа. Энэ бүхнээс улбаалан Тэс-1 болон Тэс-2 популяцын адуунд генетик зай өндөр илэрсэн байх магадлалтай.

Хүснэгт 28. Адууны популяц хоорондын генетик зайн утгыг (F_{ST}) тооцсон дүн

Омог	Тайж	Дархад	Тэс-1	Тэс-2
Тайж	-	-	-	-
Дархад	0,015	-	-	-
Тэс-1	0.259	0.072	-	-
Тэс-2	0.146	0.081	0.335	-

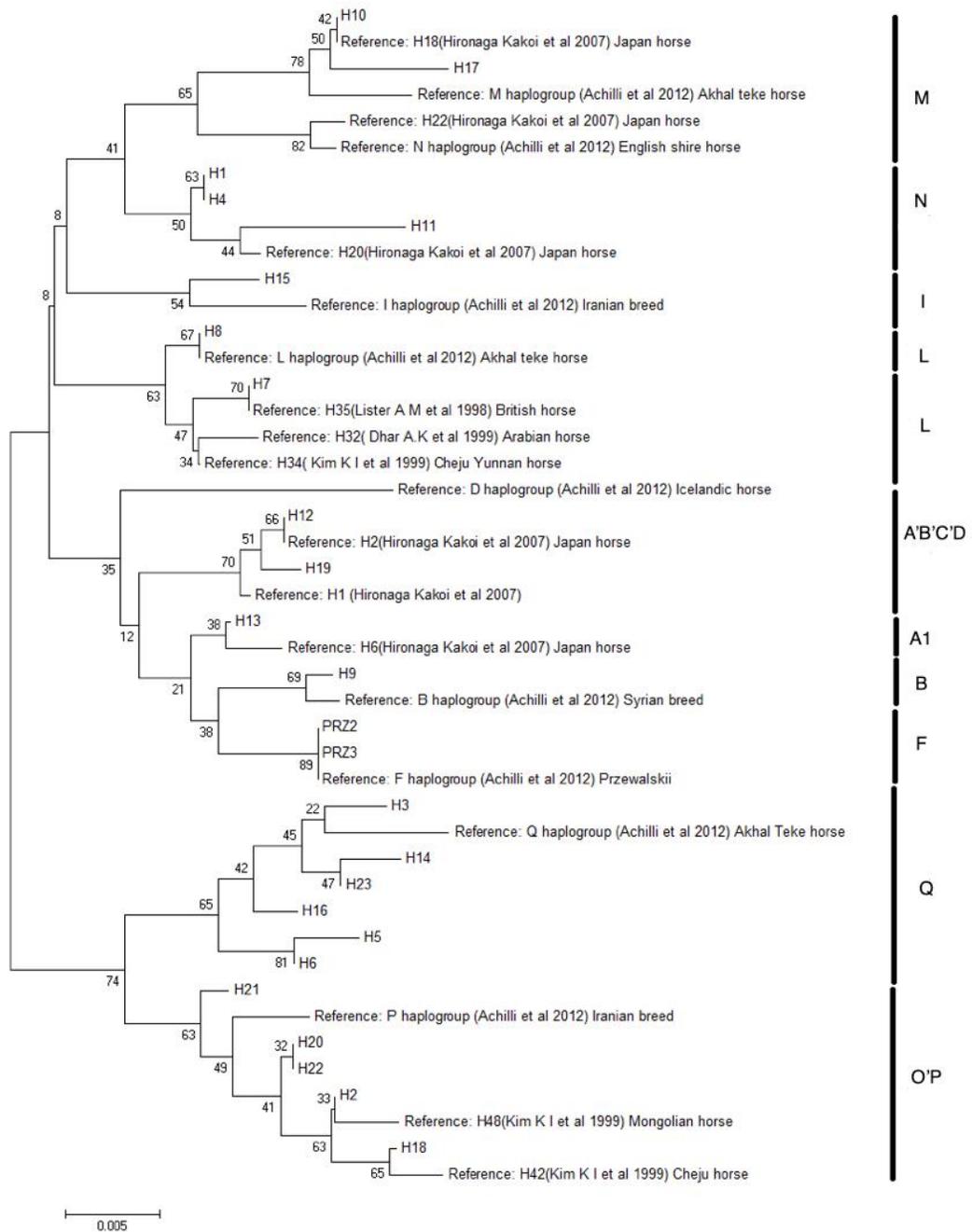
Achilli болон бусад судлаачдын адууны гаплогруппыг тодорхойлсон судалгаанд түшиглэн гаплогруппыг тогтоон нэрлэв (Achilli *et al.*, 2012). Уг

судлаачдын тогтоосон гаплогрупп нь Зүүн Азийн адууг хамруулсан байсан тул дээрхи судалгааг түшиглэн гаплогруппыг тодорхойлов (Хүснэгт 29).

Хүснэгт 29. Гаплогруппуудын илэрсэн байдал

Гаплогрупп (Jansen et al, 2002)	Гаплогрупп (Achilli et al, 2012)	Дээжийн дугаар
A2	F	Prz2, Prz3
A3	B	H9
A5	A1	H13
A6	A'B'C'D	H12, H19
B2	I	H15, Prz2
D2	L	H8
D3	L	H7
C1	M	H10, H17
C2	N	H1, H4, H11
F1	O'P	H2, H18, H20, H21, H22
F2	Q	H3, H5, H6, H14, H16, H23

Үр дүнг бодитой эсэхийг шалгах үүднээс ижил төстэй судалгааны ажлаар гаплогрупп нь тодорхой болсон байсан гаплотипүүдтэй филогенетикийн мод зурав (Achilli *et al.*, 2012 ; Jansen *et al.*, 2002 ; Kakoi *et al.*, 2007). Филогенетикийн модыг MEGA v.6 программыг ашиглан Neighbor-joining аргаар Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав (Зураг 52).



Зураг 52. Генбанкинд хадгалагдсан дараалал болон судалгаагаар илэрсэн гаплотипүүдийг хамруулан Neighbor-joining арга зүйг ашиглан Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулсан филогенетикийн мод

Монгол адууны 32 дээжид илэрсэн 23 гаплотипээс 9 гаплогрупп тодорхойлогдлоо. Дээрх гаплогруппүүд нь ижил гаплогрупп илэрсэн Генбанкинд хадгалагдсан дарааллуудтай нэг кластер үүсгэж байгаа нь бидний тогтоосон гаплогрупп нь үнэн бодитой болохыг харуулж байна. Achilli болон бусад судлаачид (Achilli *et al.*, 2012) нь өөрсдийн тогтоосон гаплогруппуудыг Jansen болон бусад судлаачдын тогтоосон (Jansen *et al.*, 2002) кластер ангиллаар илрүүлсэн гаплогруппуудтэй харьцуулан үзсэн байдаг. Харин Kakoі болон бусад судлаачид (Kakoі *et al.*, 2007) Япон адууны гарал үүслийн судалгаандаа Jansen болон бусад судлаачдын тогтоосон гаплогруппыг ашигласан байсан тул бид эдгээр судлаачдын Генбанкинд бүртгүүлсэн байсан дарааллыг филогенетикийн мод байгуулахдаа авч ашиглав. Филогенетикийн модноос үзэхэд судалгаагаар илэрсэн кластерууд нь бусад судлаачдын (Achilli *et al.*, 2012 ; Jansen *et al.*, 2002 ; Kakoі *et al.*, 2007) үр дүнтэй тохирсон буюу нэг кластерт хамаарагдаж байгаа нь харагдаж байна.

Пржевальскийн адууны гаплогруппыг тодорхойлоход Prz2 дээж I, Prz3 дээж нь F гаплогруппд хамаарагдаж байлаа. Хүснэгт 8-д гаплогруппын кластерийг тогтоосон мутацийн сайтуудыг харуулав.

Хүснэгт 30. Адууны кластерийг тогтоосон мутацийн сайт (Jansen *et al.*, 2002)

Гаплогрупп	Мутаци илэрсэн сайт
F	15602T, 15635T, 15666A, 15703C, 15720A
B	15666A, 15720A
A1	15602T, 15650G, 15720A
A'B'C'D	15602T, 15720A
I	15602T, 15709T, 15720A
M	15602T, 15617C, 15659C, 15720A
N	15600A, 15602T, 15720A
L	15602C, 15603C, 15649G, 15720A
	15602C, 15603C, 15604A, 15649G, 15702A
O'P	15602C, 15604A, 15667G, 15703C, 15720A
Q	15602C, 15604A, 15703C, 15720A, 15726A, 15740G

Үр дүнг нэгтгэн үзвэл Achilli болон бусад (Achilli *et al.*, 2012) судлаачдын тогтоосноор Гаплогрупп O'P болон Q нь Зүүн-Азиас үүсэлтэй гэж үздэг тул ихэнх Зүүн азийн адууны популяцад илэрдэг харин M,N болон L гаплогрупп нь Европ адуунд тодорхойлогддог. Бидний судалгаагаар нийтэд нь авч үзвэл B, A1, I гаплогрупп тус тус 4,34%, A'B'C'D, L, M гаплогрупп тус тус 8,69%, O'P гаплогрупп

21,73%, Q гаплогрупп 26,09% илэрлээ. Бидний тогтоосон гаплогруппууд нь Монгол нутгийн 3 омгийн адуунуудад нийтлэг тархсан байгаа нь ажиглагдлаа.

Хүснэгт 31. Пржевальскийн адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хэсгийн 742 х.н дэхь полиморф сайт

Гаплотип	Хувьсамтгай нуклеотидийн сайт	Дээж
	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	
	5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 6 6 6 6	
	5 5 6 6 6 7 7 7 8 8 8 1 1 1 1	
	9 9 0 5 6 0 2 7 2 6 7 0 2 3 3	
	5 7 2 0 6 9 0 1 6 8 0 2 3 1 2	
X79547.1	A A C A G C G C A T C G G T G	Хяналт
H24	G T G A A C T C C	Prz2
H25	G T G A T A T G C A A	Prz3

Нийт 14 полиморф сайт илэрснээс 12 транзиц 2 трансверс мутаци илэрлээ. Гаплотипыг тогтооход гэрийн адуутай нийтлэг гаплотип илрээгүй ба H24, H25 гэсэн ялгаатай гаплотипэд хамаарагдав.

II.5.3 Хэлэлцүүлэг

Сүүлийн жилүүдэд маш олон судлаачид адууны гарал үүсэл, генетикийн олон янз байдлын талаарх судалгааг хийж байгаа бөгөөд орчин үеийн гаршуулсан адууг хэд хэдэн зэрлэг адууны популяцаас үүсэлтэй хэмээн таамаглаж байгаа юм (Jansen *et al.*, 2002).

Achilli болон бусад (Achilli *et al.*, 2012) судлаачдын тодорхойлсон нуклеотидын солигдолтын сайтуудыг ашиглан Монгол адууны гаплогруппыг тодорхойлоход H1-H23 гэсэн 23 гаплотипээс 9 гаплогрупп (B, A1, A'В'С'D, I, L, M, N, O'P, Q) тодорхойлогдлоо.

Dawei болон бусад судлаачид (Dawei *et al.*, 2009) 2009 онд Хятад нутгийн эртний адууны гаплогруппыг тодорхойлоход нийт 7 гаплогрупп тодорхойлогдсон ба нийтлэг илэрсэн нь A1, A'В'С'D болон O'P, Q (Achilli *et al.*, 2012) гаплогруппууд байлаа. Эдгээр судлаачид 17 ялгаатай популяцын 1053 адуунд өөрсдийн илрүүлсэн 7 гаплогруппын тархалтыг тодорхойлоход O'P болон Q гаплогрупп (Achilli *et al.*, 2012)

нь Зүүн Азийн зүүн хэсгээс баруун руу тархалт нь буурах хандлагатай байсанд үндэслэн энэхүү гаплогруппууд нь зөвхөн Зүүн Азид байх эртний гаралтай гаплогрупп мөн гэж дүгнэсэн бөгөөд F гаплогрупп (Achilli *et al.*, 2012) нь зөвхөн Пржевальскийн адуунд илэрдэг хэмээжээ. Бидний судалгаагаар Монгол адуунд O'P (21,73%) болон Q (26,09%) гаплогрупп түгээмэл илэрсэн ба судалгаанд авч ашигласан Пржевальскийн адууны дээжийн нэг нь F гаплогруппд нөгөө нь I гаплогруппд хамаарагдаж байв. Мөн эдгээр судлаачид Чезү адуунд B, A1, A'B'C'D, I, M, N, O'P, Q (Achilli *et al.*, 2012) гаплогруппууд түгээмэл илэрдгийг тогтоожээ (Dawei *et al.*, 2009).

Zhang болон бусад судлаачид (Zhang *et al.*, 2012) Хятад адууны мтДНХ-ийн судалгааг хийх явцдаа Монгол үүлдрийн Хятад адуунд B, A1, A'B'C'D, I, L, O'P, Q Чезү үүлдрийн Хятад адуунд B, A1, A'B'C'D, I, M, N, O'P, Q Казак үүлдрийн адуунд B, A1, A'B'C'D, I, L, M, N, O'P, Q гэсэн гаплогруппуудыг илрүүлжээ. Манай судалгаагаар илэрсэн 9 гаплогрупп нь эдгээртэй давхацсанаас үзэхэд эдгээр гаплогруппууд нь Ази адуунд нийтлэг болох нь тодорхойлогдлоо.

Адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хэсэгт нийт 66 нуклеотидын солигдол илэрснээс транзиц мутаци 60, трансверс мутаци 4, инсерц 2 илэрлээ. Үүнээс үзэхэд бусад судлаачдын судалж тогтоосны дагуу хөхтний митохондрийн эволюцид транзиц мутаци нийтлэг илэрдэг (Kim *et al.*, 1999) гэдгийг дахин батлан харуулж байна. 16064 дахь нуклеотидын байрлалд илэрсэн инсерц нь Генбанкинд хадгалагдсан дарааллуудад илрээгүйгээс харахад зөвхөн Монгол адуунд өвөрмөц байх боломжтой.

Kakoi болон бусад судлаачид Япон адууны мтДНХ-н дарааллын генетик олон янз байдлыг үнэлэхдээ Монгол болон Европ адууны хадгалагдсан дараалалтай харьцуулжээ. Уг судалгаанд Монгол болон Европ адууны гаплотипын олон янз байдал 0,50-0,96, генетик олон янз байдал 0.014-0.021 гэж тооцжээ (Kakoi *et al.*, 2007). Харин бидний судалгааны үр дүнгээр 4 популяцын 32 адууны генетик олон янз байдал 0,015251, гаплотип олон янз байдал 0,9016 байсан нь уг судалгааны дүнтэй тохирч байгаа юм. Мөн уг судалгаанд Монгол адуунд B, A1, A'B'C'D, M, N, L гэсэн 3 гаплогрупп илэрч байгааг тодорхойлжээ. Эдгээрээс B, A1, A'B'C'D, гаплогрупп нь манай судалгааны H9, H12, H13, H19 гаплотипүүдэд, M гаплогрупп нь H10, H17

гаплотипд, N гаплогрупп нь H1, H4, H11 гаплотипүүдэд L гаплогрупп нь H7, H8 гаплотипүүдэд илэрсэн.

Зарим судлаачид араб адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хэсэгт эхийн талын холбоо хамаарал болон генетик вариацийг тогтоох судалгаа хийх явцдаа Монгол адууны гаплотипын олон янз байдал өндөр байдаг буюу ойролцоогоор 1,00 байдаг гэж тооцсон байдаг (Khanshour *et al.*, 2013). Монгол адуу нь тоо толгой өндөр бөгөөд 2016 оны мал тооллогоор 3.939.400 адуу тоологдсон хэмээн МОНЦАМЭ агентлаг мэдээлсэн юм. Монгол адууны генетик олон янз байдал нь дээрх тоо толгойн статистиктай хамааралтай байх магадлалтай.

II.5.4 Дүгнэлт

Манай судалгаагаар Монгол адуунд B, A1, A'B'C'D, I, L, M, N, O'P, Q гэсэн 9 гаплогрупп илэрснээс O'P (21.73%) болон Q (26.09%) гаплогруппууд нь хамгийн өндөр давтамжтай (47.8%) илэрсэн ба энэ гаплогрупп нь Зүүн Азийн гарал үүсэлтэй эртний гаплогрупп гэж тооцогддог. Уг үр дүнгээр Монгол адуунд O'P болон Q гаплогрупп зонхилдог гэдэг нь тодорхойлогдлоо.

Монгол адуу болон Пржевальскийн адуу нь нэг үндэстэй кластерт хамаарагдаж байгаагаас үзэхэд гарал үүслийн хувьд ижил байх магадлалтай. Иймээс Пржевальскийн адууны дээжийн тоог нэмэгдүүлснээр дээрх 2 зүйлийн гарал үүслийн судалгааг илүү тодорхой болгох боломжтой.

Монгол адуунд Европ болон Дундад дорнод илэрдэг гаплогрупп илэрч байгааг 1276 он буюу Монголын Эзэнт Гүрний байлдан дагуулалтын үеийн түүхтэй холбоотой гэж үзэж байна.

Адууны гаплогруппыг тодорхойлоход Тэс, Дархад болон Тайж омгийн адуунд ижил гаплогрупп илэрч байгаа нь тэдгээрийн хооронд эхийн талын генетик мэдээллийн солилцоо явагдсан болохыг харуулж байна.

Ном зүй

1. Сайполда. Т., Самданжамц. Д., Бадамханд. Г., Бейсен. Б., Цогтсайхан. Э. “Адуу судлалд 50 жилд”. (2011). Мал аж ахуйн эрдэм шинжилгээний хүрээлэн. Мөнхийн үсэг ХХК. Улаанбаатар.
2. Төмөржав. М. (1989). “Бэлчээрийн монгол мал”. Улсын хэвлэлийн газар. Улаанбаатар.
3. Шагдарсүрэн. О. (2005). “Монгол бэлчээрийн малын биологи ба нүүдлийн мал аж ахуйн онцлог”. МУИС хэвлэх үйлдвэр. ШУА. Улаанбаатар.
4. Achilli. A., Olivieri. A., Soares. P., Lancioni. H., Hooshiar Kashani. B., Perego. U. A., Nergadze. S.G., Carossa. V., Santagostino. M., Capomaccio. S., Felicetti. M., Al-Achkar. W., Penedo. M. C., Verini-Supplizi. A., Houshmand. M., Woodward. S. R., Semino. O., Silvestrelli. M., Giulotto. E., Pereira. L., Bandelt. H. J., Torroni. A. (2012). Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. *Proceedings of the National Academy of Science USA*. 109:2449-2454.
5. Altschul. S. F., Madden. T. L., Schäffer. A. A., Zhang. J., Zhang. Z., Miller. W., Lipman. D. J. (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*. 3389–3402.
6. Asakawa. S., Y. Kumazawa. T., Araki. H., Himeno. K., Miura. K. Watanabe. (1991). rand-specific nucleotide composition bias in echinoderm and vertebrate mitochondrial genomes. *Journal of Molecular Evolution*. 32:511-20.
7. Boore. J. L. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*. 27:8, 1767-1780.
8. Bowling. A. T., Valle. A. D., Bowling. M. (2000). A pedigree-based study of mitochondrial D-loop DNA sequence variation among Arabian horses. *Animal Genetics*. 31:1-7.
9. Brown. W.M ., George. M Jr., Wilson. A.C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Science USA*. 76:1967-1971.
10. Dawei. C .,Tang. Z .,Han. L .,Speller. C.F .,Yang. D.Y ., Ma. X., Cao. J., Zhu. H., Zhou. H. (2009). Ancient DNA provides new insights into the origin of the Chinese domestic horse. *Journal of Archaeological Science*. 36: 835–842.
11. Dawei. C., Lu. H., Chengzhi. X., Shengnan. L., Hui. Z., Hong. Z. (2007). Mitochondrial DNA analysis of Bronze Age horses recovered from Chifeng region, Inner Mongolia, China. *Progress in Natural Science*, 17:5, 544-550.
12. Excoffier. L., Laval. G., Schneider. S. (2006). Arlequin ver3.1 An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis. <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>.
13. Gupta. A., Bhardwaj. A., Supriya., Sharma. P., Pal. Y., Mamta ., Kumar. S. (2015). Mitochondrial DNA- a Tool for Phylogenetic and Biodiversity Search in Equines. *Journal of Biodiversity and Endanger Species*. S1:006 DOI: 10.4172/2332-2543.S1-006.
14. Ishida. N., Hasegawa. T., Takeda. K., Sakagami. M., Onishi. A., Inumaru. S., Komatsu. M., Mukoyama. H. (1994). Polymorphic sequence in the D-loop region of equine mitochondrial DNA. *Animal Genetics*. 25:215-221.
15. Ishida. N., Oyunsuren. Ts., Mashima. S., Mukoyama. H., Saitou. N. (1995). Mitochondrial DNA sequences of various species of the Genus Equus with special

- reference to the phylogenetic relationship between Przewalskii's wild horse and domestic horse. *Journal of Molecular Evolution* 41:180-188.
16. Jansen. T., Forster. P., Levine. M. A., Oelke. H., Hurles. M., Renfrew. C., Weber. J., Olek. K. (2002). Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. *Proceedings of the National Academy of Science USA*. 99:10905-10910.
 17. Ji. X., Wu. X., Yan. P., Amato. G. (2008). Complete sequence and gene organization of the mitochondrial genome of Siamensis Crocodile (*Crocodylus siamensis*). *Molecular Biology Reports*. 35:133-138.
 18. Kakoi. H., Tozaki.H.,Gawahara. H. (2007). Molecular analysis using Mitochondrial DNA and Microsatellites to infer the formation process of Japanese native horse populations. *Biochemical Genetics*, 45: 3/4, DOI: 10.1007/s10528-007-9083-0.
 19. Khanshour. A.M, Cothran E.G. (2013). Maternal phylogenetic relationships and genetic variation among Arabian horse populations using whole mitochondrial DNA D-loop sequencing. *BMC Genetics*, 14:83 <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/14/83>.
 20. Kim. K. I., Yang. Y. H., Lee. S. S., Park. C., Ma. R., Bouzat. J. L., Lewin. H. A. (1999). Phylogenetic relationships of Cheju horses to other horse breeds as determined by mtDNA D-loop sequence polymorphism. *Animal Genetics*. 30:102-108.
 21. Moridi. M., Masoudi. A. A., Torshizi. R. V., Hill. E. W. (2012). Mitochondrial DNA D-loop sequence variation in maternal lineages of Iranian native horses. *Animal Genetics*. doi: 10:1111/j.1365-2052.2012.0389.
 22. Nergadze. S, G., Lupotto. M., Pellanda. P., Santagostino. M., Vitelli. V., Giulotto. E. (2010). Mitochondrial DNA insertions in the nuclear horse genome. *Animal Genetics* 41 Suppl 2(s2):176-185.
 23. Ojeda G.N., Amavet P.S., Rueda E.C., Siroshki P.A. (2012). DNA extraction from skins of wild (*Hydrochoerus hydrochaeris* and *Pecari tajacu*) and domestic (*Sus scrofa domestica*) species using a novel protocol. *Genetics and Molecular Research* 11: 672-678.
 24. Rozas. J., Sanchez-DelBarrio. J. C., Messeguer. X., Rozas. R. (2003). DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics* 19:2496-2497.
 25. Tamura. K., Stecher. G., Peterson. D., Filipski. A., Kumar. S. (2013). MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular biology and evolution*, 30:2725-2729.
 26. Wolstenholme. D. R. (1992). Genetic novelties in mitochondrial genomes of multicellular animals. *Current Opinion of Genetics&Development*. 2:918-925.
 27. Zhang. T., Lu. H., Chen. C., Jiang. H., Wu. S. (2012). Genetic Diversity of mtDNA D-loop and Maternal Origin of Three Chinese Native Horse Breeds. *Animal Science*. 25:7, 921-926.

II.5.2.1 Эртний адууны генетикийн судлагдсан байдал

Түүхэн ба соёлын үйл явцыг судлах олон шинэ аргууд боловсрогдоод байгаа. Үүний нэг бол археологийн судалгаанд молекул-генетикийн арга зүйг ашиглах юм. Эртний гэрийн амьтны ДНХ-ийн реконструкц гайхамшигтай үр дүнг өгдөг. Үүнд эртний мал аж ахуй, соёл, эдийн засгийн холбоо болон эртний ард түмнүүдийн kontakтыг тодруулж өгдөг (1). В1 гаплотип Казахстан, Швец, Унгар, Украинаас олдсон эртний адуунд өргөн тархсан байдаг ба орчин үеийн ахалтекийн үүлдэрт (Туркменистан, Казахстан) болон Тува адуунд илэрдэг (4). Хэвлэгдсэн материалуудаас харахад В гаплогрупп Аляск, Европ (Уралийн уулаас Каспийн тэнгис, Каспийн тэнгисээс Арменийг хамруулаад Пиренеев Армени хүртэл), Сибир, Казахстан, бага Ази хүртэл тархсан байна. В гаплогрупп нь В, В1, В1а, В1b, В2, В3 гэсэн зургаан гаплотипэд хуваагдана. Өнөөгийн байдлаар В1а, В1b, В2, В3 гаплотип эртний адуунд тодорхойлогдоод байгаа. Эртний адуунаас үүсэлтэй орчин үеийн адуунууд В гаплогруппд хамрагддаг. Гэршүүлэлтээс өмнө ба гэршүүлэх үед В1 гаплотипын адуу Европ, бага Азид, В гаплотип сүүл үеийн плейстоцен (126-11.7 мянган жилийн өмнө), В2 Аляска, В3 хойд, зүйн Сибир тархсан байжээ. В1а гаплотип Европ, өмнөд Сибир, Казакстан, бага Ази, Армены эртний адуунаас илэрсэн байна (5). Пиренейскийн хойгд МЭӨ 3500–1200 хүртэл гаплотип В давамгайлсан бол эрт төмрийн үед В1 гаплотип илэрдэг. Төмрийн үед Европд В1b гаплотип өргөн тархсан бол Пиренейскийн хойгд В гаплотип давамгалж байжээ (2). Орчин үед В гаплогрупп Хятад, Марокко, Испанид ховор, Монгол, Грец, Турц, Болгар, Румын, Ливи, Египтэд элбэг, Европд өргөн тархсан байдаг. Е гаплогруппыг хүрлийн үеийн адуунаас илрүүлсэн байдаг.

II.5.2.2 Материал арга зүй

II.5.2.2.1 Эртний адууны яснаас ДНХ ялгасан арга зүй

Эртний яснаас ДНХ-ийг ялгахдаа Цахиурт холбогч баганын, Фенол хлороформын, Chelex-100 аргуудыг ашигласан ба доорх дарааллын дагуу ДНХ-ийг ялгасан болно

Цахиурт холбогч баганын арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4г авч ариутгасан 15мл-н тюрбэд хийж дээр нь 1мл хандлах (экстракшн) буфер (0.01M Tris-HCl, 0.025M EDTA pH=8) нэмж 37°C хэмд 16

цаг инкубацлана. Дараагаар нь 56°C хэмд 3 цаг инкубацлаад 6000 эрг/мин хурдаар 2 минутын турш центрифугдэн тунгааж супернатантыг соруулан авч, 15мл-н тюбэд урьдчилан бэлдсэн 3мл холбогч буферт (5M GuSCN, 0.025M NaCl, 0.01M Tris-HCl pH=8) нэмнэ. Уг холбогч буфер бүхий дээжийг давсны хүчлээр (37% HCl) pH=4 болтол бууруулсан дараа цахиурт холбогч багана руу (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) шилжүүлээд 8000 эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэн шингэн хэсгийг асгана. Баганаа 2мл-н цуглуулах (collection) тюб рүү шилжүүлээд дээр нь AW1 буфер (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) 500мкл хийж 8000 эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэнэ. Баганаа шинэ 2мл-ийн цуглуулах тюб рүү шилжүүлээд дээр нь AW2 буфер 500мкл хийж 14000 эрг/мин хурдаар 3 минутын турш центрифугдэнэ. Дахин 14000эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэнэ. Баганаа 1.5мл-ийн тюбрүү шилжүүлж тасалгааны хэмд сайтар хатаана. Баганад холбогдсон ДНХ-г уусгаж авахдаа уг баганадаа 50мкл ионгүйжүүлсэн ус нэмж, 1 минутын турш тасалгааны хэмд инкубацлаад, 1 минутын турш 14000 эрг/мин хурдаар центрифугдэж тюбтэй шингэнийг авч -20°C хэмд хадгална (Munoz, бас бус., 2012).

Фенол хлороформын арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4 гр авч 15мл-н тюбэд хийж дээр нь 2мл хандлах буфер (0.01M Tris-HCl, 0.1M EDTA, 0.2% SDS pH=8) нэмж 37°C хэмд 1 цаг инкубацлана. Дээж дээр 1мг/мл Протейназ К нэмээд 50°C хэмд 2 цаг инкубацлана. Дээд хэсгийг соруулан авч шинэ 15мл-ийн тюб уруу шилжүүлнэ. Уусмалын эзлэхүүнтэй тэнцүү хэмжээгээр фенол-хлороформ-изоамилалкохол (25:24:1) нэмж холиод 3000эрг/минутын хурдаар 5 минут центрифугдэнэ. Дээд хэсгийг болгоомжтой соруулан авч шинэ 1.5мл-ийн тюбэд хийгээд нийт эзлэхүүний 10%-тай тэнцэх 3M натрийн ацетат (pH=5) болон нийт эзлэхүүнээс 2.5 дахин их 96% этилийн спирт нэмж сайтар холин -80°C хэмд 48 цаг инкубацлана. Дараагаар нь 10 минутын турш 8000эрг/минут хурдаар центрифугдэн шингэнийг соруулж хаян үүссэн тунадас дээр 1мл 70% этилийн спирт нэмнэ. Дахин 8 минутын турш 13000эрг/минутын хурдаар центрифугдээд этилийн спиртийг соруулж хаян, тасалгааны хэмд тунадсыг 1-2 цаг хатаана. Үүссэн тунадас дээр 50μл давхар нэрсэн ус хийж -20°C хэмд хадгална.

Chelex-100 арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4 гр авч 15мл-н тюб рүү хийж дээр нь 2мл хандлах буфер (0.01M Tris-HCl, 0.1M EDTA, 0,2% SDS pH=8) нэмээд 37°C хэд 1 цаг инкубацлана. Дээж дээр 1мг/мл Протейназ К нэмээд 50°C хэд 2 цаг инкубацлана. Дээд хэсгийг соруулан авч шинэ 15мл-ийн тюб рүү шилжүүлнэ. Уусмалын эзлэхүүнтэй тэнцүү хэмжээгээр фенол-хлороформ-изоамилалкохол (25:24:1) нэмж холиод 3000 эрг/минутын хурдаар 5 минут центрифугдэнэ. Дээд хэсгийг авч болгоомжтой соруулан авч шинээр дугаарласан тюбэд хийнэ. Дараа нь уусмалын нийт эзлэхүүнд 5% байхаар Chelex-100 нэмж вортексдоно. 98°C хэд 8 минут инкубацлана. Хугацаа дууссаны дараа хэдэн секунд вортексдоод 13000эрг/минутад 6 минут центрифугдэнэ. Дээд фазыг нь авна. Авахдаа Chelex-н бөмбөлөг оруулахгүй. Хөргөгчид 4°C хэмд хадгална.

II.5.2.2.2 Эртний үеийн адууны ДНХ-ийн ПГУ

ПГУ-д адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хяналтын 1162 х.н хэсэгт зохиогдсон AjasF- 5' CGA CAA CAA TTC ACC CTC AT 3' , AjasR 5'GAA GAA GGG TTG ACA GAT TTA 3' дараалалтай [17] хос праймерийг ашиглав. Урвалын холимгийг APEx Taq master mix-ийг ашиглан үйлдвэрлэгчийн протоколын дагуу хийж гүйцэтгэсэн. ПГУ-ыг (Thermo scientific™, Arktik Thermal cycler) 94°C-д 3 минут; 94°C-д 30 секунд ; 55°C-д 30 секунд; 72°C-д 90 секунд 35 удаа давтан; 72°C-д 10 минутын горимоор тохируулан явуулав. Урвалын бүтээгдэхүүнийг (агароз гель) электрофорезийн арга зүйг ашиглан тодорхойлсон. Нуклеотидын дарааллыг Sanger-ийн аргаар Солонгос улсын MacroGen Биотехнологийн компанид тогтоолгов.

II.5.2.2.3 Нуклейн хүчлийн шинжилгээ

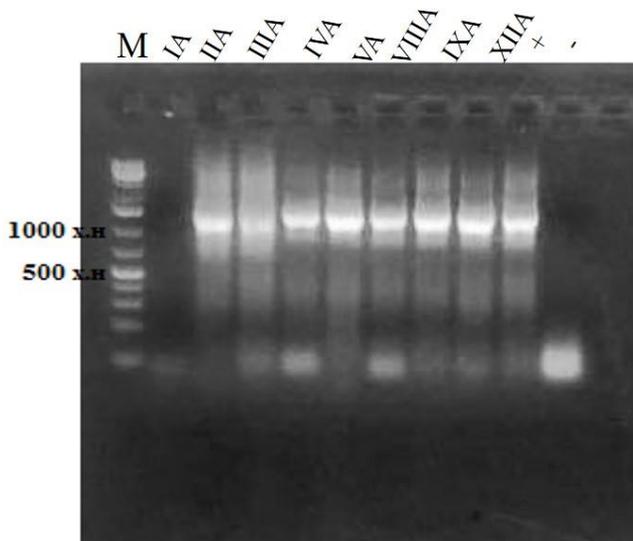
Солонгос улс дахь Макроген компанийн лабораторид эртний болон орчин үеийн адууны мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоосон. Бид энэхүү судалгаагаар 22 ишлэл мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг ГенБанкнаас (22 ишлэл мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг 6 гаплогруппт хуваасан байна.) татаж авч өөрсдийн сонгож авсан 4 омгийн 56 дээжийн мтДНХ хяналтын хэсгийн дарааллыг (Завхан буурал, Баяндэлгэр улаан, Эрчмийн хар, Залаа жинстийн цагаан) эртний ямааны дараалалтай (800-3000 жилийн өмнө амьдарч байсан ямааны ясны дээжүүд юм. Ясны дээжүүдийг Завхан аймгийн Дөрвөлжин, Булган аймгийн Хутаг

өндөр сум) харьцуулсан. Бид мтДНХ-ийн хяналтын дарааллыг MEGA X ба DnaSP онлайн программ ашиглан жишиг дараалалтай харьцуулж мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн ялгаатай нуклеотидын байршлыг тогтоосон. MEGA X ба Arlequin v3.1.5 program ашиглан гапlobулгийг тогтоов. Эртний ямааны нуклеотидын дарааллыг *BLAST* (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) онлайн программ ашиглаж нуклеотидын дараалал болгоныг GenBank reference sequence-тэй харьцуулж Snapgene 2.3.2 ба mrDNA profiler программ ашиглан боловсруулалтыг хийв.

II.5.2.3 Үр дүн

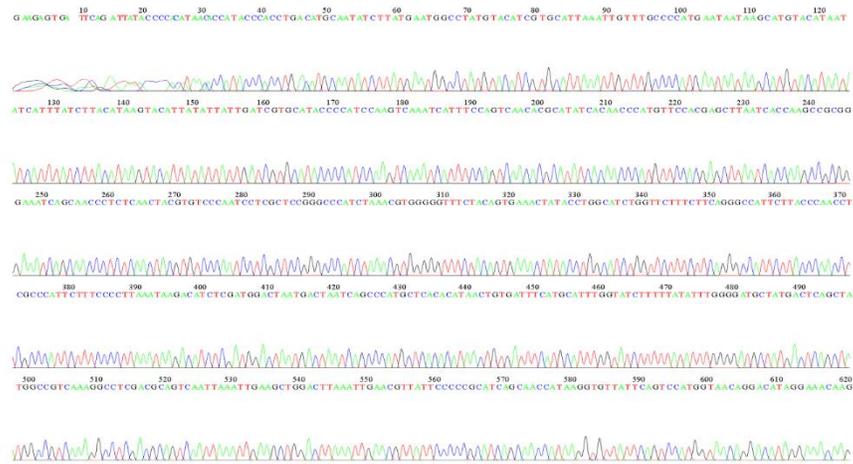
II.5.2.3.1 Эртний адууны ДНХ-ийн ПГУ-ын үр дүн

Эртний адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны 1162 хн хэсгийг Монгол адуутай адил AjasF- 5' CGA CAA CAA TTC ACC CTC AT 3' , AjasR 5'GAA GAA GGG TTG ACA GAT TTA 3' дараалалтай хос праймераар олшруулахад нийт 7 дээжийн 2-т ПГУ амжилттай явагдсан. Эерэг гарсан дээжүүдээс Солонгос улсын Macrogen компанид илгээн нуклеотидын дарааллыг тогтоолгов (зураг 53, 54).



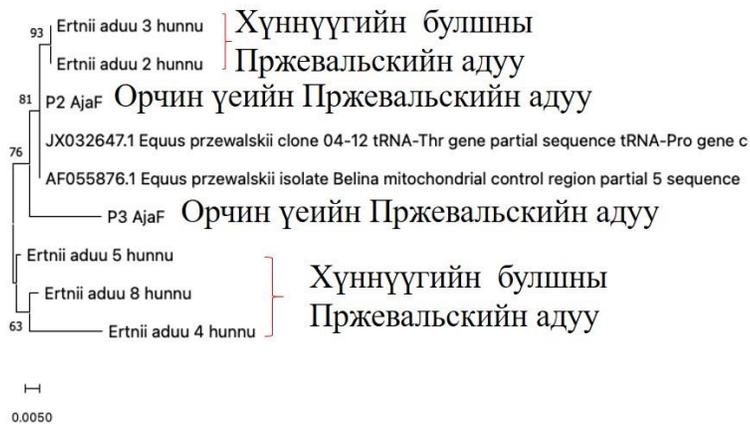
Зураг 53. Эртний адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны 1162 х.н хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан дүн. Тайлбар: М-маркер, IA-IVA, VIIA, IXA, XIIA, + эерэг хяналт, - сөрөг хяналт

Солонгос улсын Masrogen компанид эртний адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны нуклеотидийг илгээн дарааллыг тогтоолгов (зураг 54).

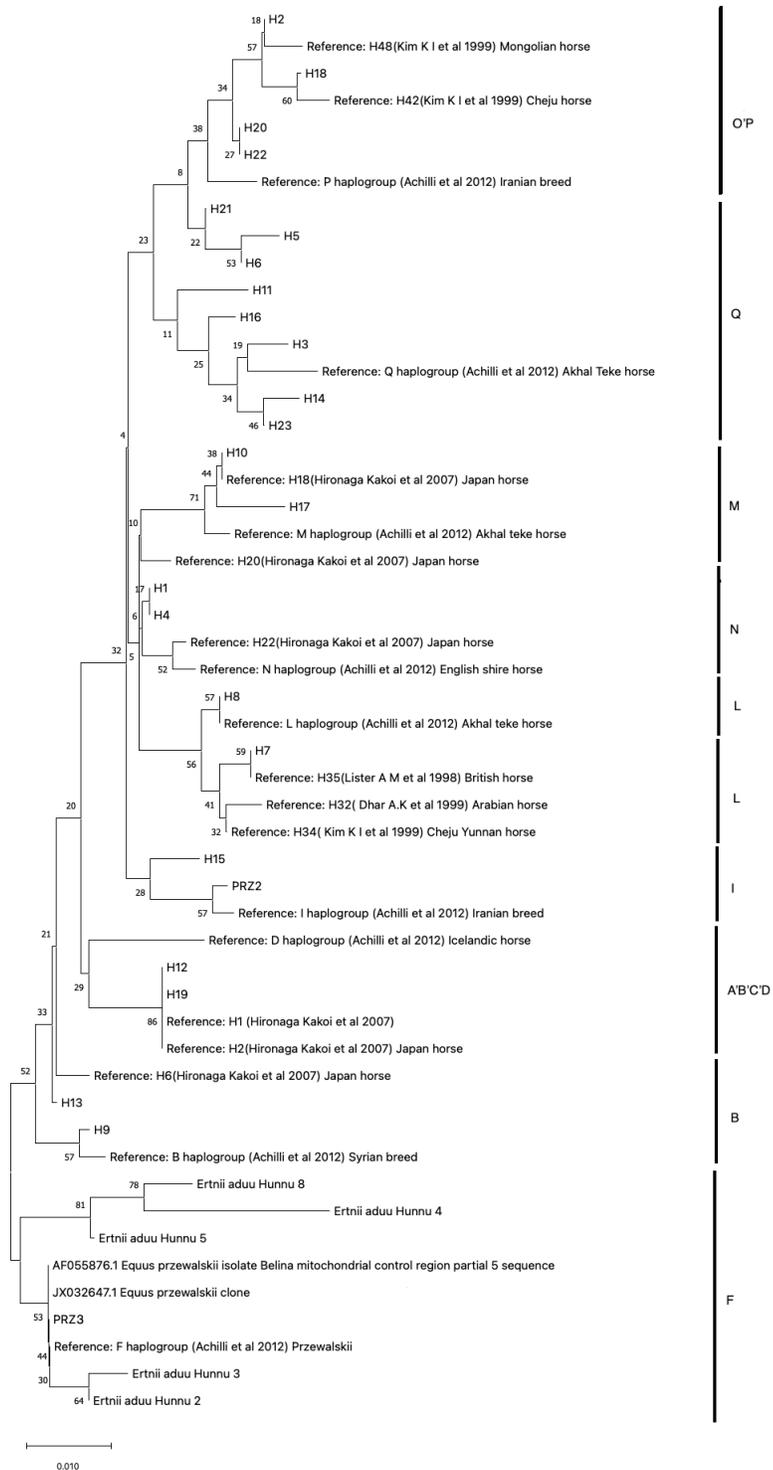


Зураг 54. Эртний адууны мтДНХ D-Loop хяналтын хэсгийн гений дараалал.

Эртний адууны 5 дээжид нуклеи хүчлийн анализ хийхэд бүгд Пржевальскийн адуу байв. Пржевальскийн адууны гаплогруппыг тодорхойлоход Prz3 дээж нь F кластерт хамаарагдаж байлаа (зураг 55, 56). Prz2 дээж нь орчин үеийн адуутай I кластерт багтсан нь сонирхолтой.



Зураг 55. Генбанкинд хадгалагдсан дараалал болон Хүннүүгийн үеийн Пржевальскийн адууны 5 дээж, орчин үеийн Пржевальскийн адууны 2 дээжийн нуклеотидын дарааллийг хамруулан Neighbor-joining арга зүйг ашиглан байгуулсан филогенетикийн мод.



Зураг 56. Генбанкинд хадгалагдсан дараалал болон Хүннүгийн үеийн Пржевальскийн адууны 5 дээж, орчин үеийн Пржевальский болон монгол адууны дээжийн нуклеотидын дарааллыг хамруулан Neighbor-joining арга зүйг ашиглан байгуулсан филогенетикийн мод.

II.5.2.4 Хэлэлцүүлэг

Адууг гаршуулсан судалгаа археологи генетикийн түвшинд хийгдсээр байгаа билээ. мтДНХ-ийн хяналтын хэсэгт судалгаануудаар генетик олон янз байдал өндөр гарсан. Давтагдсан мутацууд нь филогенетикийн модны бүтцийг саармагжуулах тенденцтэй (3). Alessandro Achilli нар Ази, Европ, Ойрх Дорнод, хойд, өмнөд Америкийн 83 мтДНХ-ийн анализыг хийжээ. Неолит ба дараах үеийн үндсэн 18 (A-R) гаплогрупп илэрсэн байна. Модны үндсэнд ~ 130-160 жилийн өмнөх адууны удмыг байрлуулжээ. Орчин үеийн адуунд бүх гаплогрупп тодорхойлогдсон боловч F гаплогрупп зөвхөн Пржевальскийн адуунд илэрчээ. Ийм маягаар устсан *E.ferus*-ийн эхийн шугам энеолитийн үед евразийн талд гэршиж орчин үеийн *E. Caballus* үүлдэрт иржээ (3). Бидний Хүннүгийн үеийн булшнаас гарсан адууны дээж бүгд Пржевальскийн адуунд хамрагдаж байлаа (хүснэгт 32).

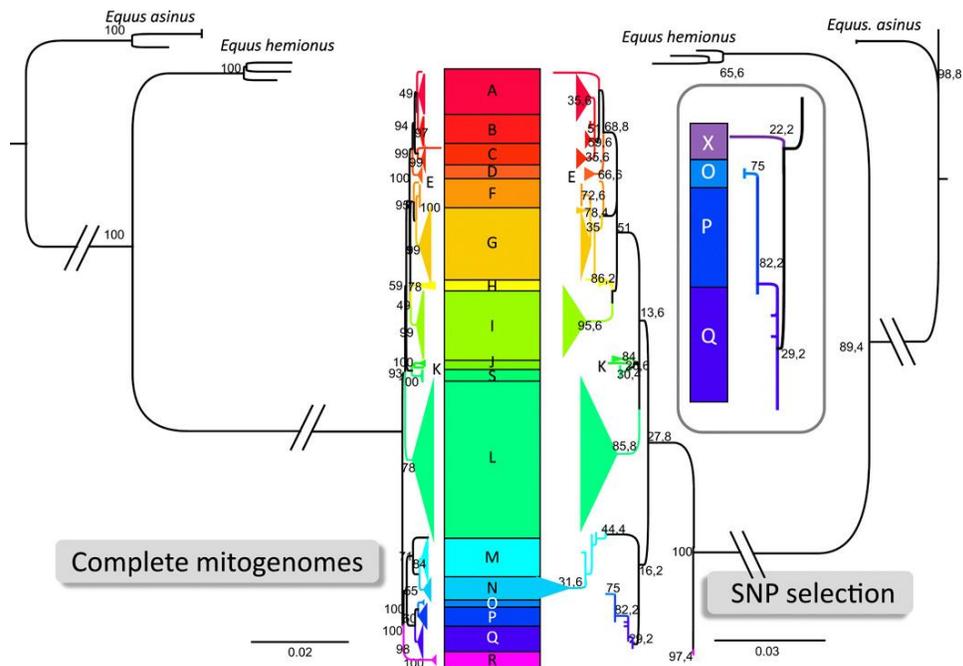
Хүснэгт 32. Гаплогруппуудын илэрсэн байдал

Гаплогрупп (Jansen et al, 2002)	Гаплогрупп (Achilli et al, 2012)	Дээжийн дугаар
A2	F	Prz3
A3	B	H9
A5	A1	H13
A6	A'B'C'D	H12, H19
B2	I	H15, Prz2
D2	L	H8
D3	L	H7
C1	M	H10, H17
C2	N	H1, H4, H11
F1	O'P	H2, H18, H20, H21, H22
F2	Q	H3, H5, H6, H14, H16, H23

Эртний адуу нь Przewalski адуутай тэр тусмаа Монгол Говь-Алтай аймгийн тахийн талаас авсан Монгол тахийн мтДНХ-ийн дараалалтай илүү хамааралтай гарлаа. Хүннүгийн үеийн адуу нь Пржевальскийн адууны гаплогруппд хамрагдсан тул зөвхөн гаплогрупп тогтоосон үр дүнг баталгаажуулахаар орчин үеийн Пржевальскийн адууны 2 дээжийг жишээ болгон авсан. Энэ Prz3 Przewalski адууны дээжийг орчин үеийн Монгол адуутай харьцуулан судлахад адууны ижил гаплогруппд огт харьяалагдаагүй гарсан бөгөөд зөвхөн Przewalski адуунд илэрдэг F гаплогруппд хамаарагдсан. F гаплогрупп нь орчин үеийн Монгол адуунд илэрч

байгаагүй. Харин нь орчин үеийн Монгол адуу (H15) болон Пржевальскийн адуу (Prz2) нь I кластерт хамаарагдаж байгаагаас үзэхэд гарал үүслийн хувьд нэг байх магадлалтай.

Судалгаагаар ДНХ-ийг амжилттай ялган авч дараалал тодорхойлсон Хүннүгийн цаг тоололд хамаарагдах эртний адууны дээжүүдийг орчин үеийн адууны үр дүнтэй харьцуулан авч үзэхэд орчин үеийн адууны гаплогруппээс ялгаатай байв. Цаашид гаплогруппыг тогтоох судалгаагаар Пржевальскийн адууны F гаплогруппд хамрагдав.



Зураг 57. Адууны харьцуулсан митогеномын анализ (максималь үнэмшил): Зүүн-митогеномын бүрэн дараалал, баруун-эртний ясны митогеномын хэрчмийг нэгтгэж генотипд ашиглав. Achilli нарын адууны мтДНХ-ийн А - R гаплогруппын хувилбарыг ашиглав (47).

S гаплогрупп Пржевальскийн адууг нэмснээр үүссэн нэмэлт гаплогруппд тохирч байна (F гаплогруппд хамааралгүй) (6). Бидний судалгаагаар Prz2 Przewalski адууны дээж нь Булган аймгийн Могод сумаас авсан Тэс адууны (H15) дээжтэй I гаплогруппд хамрагдсан.

мтДНХ-ийн ихэнх шугам гэршүүлэхээс өмнө үүссэн (7). Эртний адууны судалгаанууд дээр анализ хийхэд адууг гэршүүлсэн филогеографийн тод бүтцийг өгөөгүй. Харин хойд Евроази дахь зэрлэг адууны хөдөлгөөн болон хүний нүүдэлтэй

холбоотой хэмээн үзэхэд хүргэсэн. Мөн хүмүүс нүүж очсон газраасаа зэрлэг адууг барьдаг байсан зэрэг нь гэршүүлэлтийн филогеографийн бүтцийг тодорхойлох боломжгүй болгосон гэж үзэж байна (7, 8).

II.5.2.5 Дүгнэлт

Адууны гаплогруппыг тодорхойлоход Тэс, Дархад болон Тайж омгийн адуунд ижил гаплогрупп илэрч байгаа нь тэдгээрийн хооронд эхийн талын генетик мэдээллийн солилцоо явагдсан болохыг харуулж байна. Филогенетикийн модны харьцуулалтаас илэрсэн класстерууд нь бусад судлаачдын (*S.E. Georgescu et al., 2011, G.Bjørnstad et al., 2003 ; Jansen et al., 2002;*) хойд Европын ихэнх адуунууд нь Монгол адуутай генетик харилцан хамааралтай гэсэн үр дүнтэй нийцэж байна. Монгол адуунд Европ болон Дундад дорнод илэрдэг гаплогрупп илэрч байгааг 1276 он буюу Монголын Эзэнт Гүрний байлдан дагуулалтын үеийн түүхтэй холбоотой гэж үзэж байна.

Монгол адуу болон Пржевальскийн адуу нь тусдаа кластерт хамаарагдаж байгаагаас үзэхэд гарал үүслийн хувьд ялгаатай байх магадлалтай боловч Prz2 Przewalski адууны дээж нь Булган аймгийн Могод сумаас авсан Тэс адууны (H15) дээжтэй I гаплогруппд хамрагдсан нь сонирхол татаж байна. Цаашид орчин үеийн Przewalski адууны дээжийг нэмж судлах хэрэгтэй байна.

Хүннүгийн үеийн булшнаас гарсан адууны яс гэж үзэж байсан дээжүүд бүгд тахь Пржевальскийн адууны яс болох нь тогтоогдсон. Хүннүгийн үеийн булшнаас Пржевальскийн адуу гарсан нь Устсан *E.ferus*-ийн эхийн шугам энеолитийн үед евразийн талд гэршиж орчин үеийн *E. Caballus* үүлдэрт ирсэн гэсэн дүгнэлттэй дүйцэж байна (Орчин үеийн адуунд бүх гаплогрупп тодорхойлогдсон боловч F гаплогрупп зөвхөн Пржевальскийн адуунд илэрчээ).

Ном зүй

1. Е. И. Антонова и др “Реконструкция митохондриального генома дреьней лошади из городища ашна-пандо (среднее поволжье)” *Генетика*, 2019, том 55, № 5, с.551-556
2. Cieslak M., Pruvost M., Benecke N. et al. Origin and history of mitochondrial DNA lineages in domestic horses // *PLoS One*. 2010. V. 5 (12) : e 15311. doi 10.1371/journal.pone.001531111.
3. Alessandro Achilli et al “Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication” *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2012 Feb 14;109(7):2449-54. doi: 10.1073/pnas.1111637109. Epub 2012 Jan 30. PMID: 22308342, PMCID: PMC3289334
4. Lippold S., Matzke N.J., Reissmann M., Hofreiter M. Whole mitochondrial genome sequencing of domestic horses reveals incorporation of extensive wild horse diversity during domestication // *BMC Evol. Biol.* 2011. V. 11: 328. doi 10.1186/1471-2148-11-3282.
5. Куслий М.А., Дружкова А.С., Попова К.О. и др. Ге-нотипирование и определение масти древних лошадей Бурятии // *Цитология*. 2016. Т. 58. С. 304–308
6. C. Der Sarkissian, L. Ermini, M. Schubert, M. A. Yang, P. Librado, M. Fumagalli, H. Jónsson, G. K. Bar-Gal, A. Albrechtsen, F. G. Vieira, B. Petersen, A. Ginolhac, A. Seguin-Orlando, K. Magnussen, A. Fages, C. Gamba, B. Lorente-Galdos, S. Polani, C. Steiner, M. Neuditschko, V. Jagannathan, C. Feh, C. L. Greenblatt, A. Ludwig, N. I. Abramson, W. Zimmermann, R. Schafberg, A. Tikhonov, T. Sicheritz-Ponten, E. Willerslev, T. Marques-Bonet, O. A. Ryder, M. M. Cue, S. Rieder, T. Leeb, M. Slatkin, L. Orlando, Evolutionary genomics and conservation of the endangered Przewalski’s horse. *Curr. Biol.* **25**, 2577–2583 (2015).
7. S. Lippold, N. J. Matzke, M. Reissmann, M. Hofreiter, Whole mitochondrial genome sequencing of domestic horses reveals incorporation of extensive wild horse diversity during domestication. *BMC Evol. Biol.* **11**, 328 (2011).
8. V. Warmuth, A. Eriksson, M. A. Bower, G. Barker, E. Barrett, B. K. Hanks, S. Li, D. Lomitashvili, M. Ochir-Goryaeva, G. V. Sizonov, V. Soyonov, A. Manica, Reconstructing the origin and spread of horse domestication in the Eurasian steppe. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **109**, 8202–8206 (2012).

Хавсралт 3

Пржевальскийн адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны хэсгийн 742 х.н дэх полиморф сайт

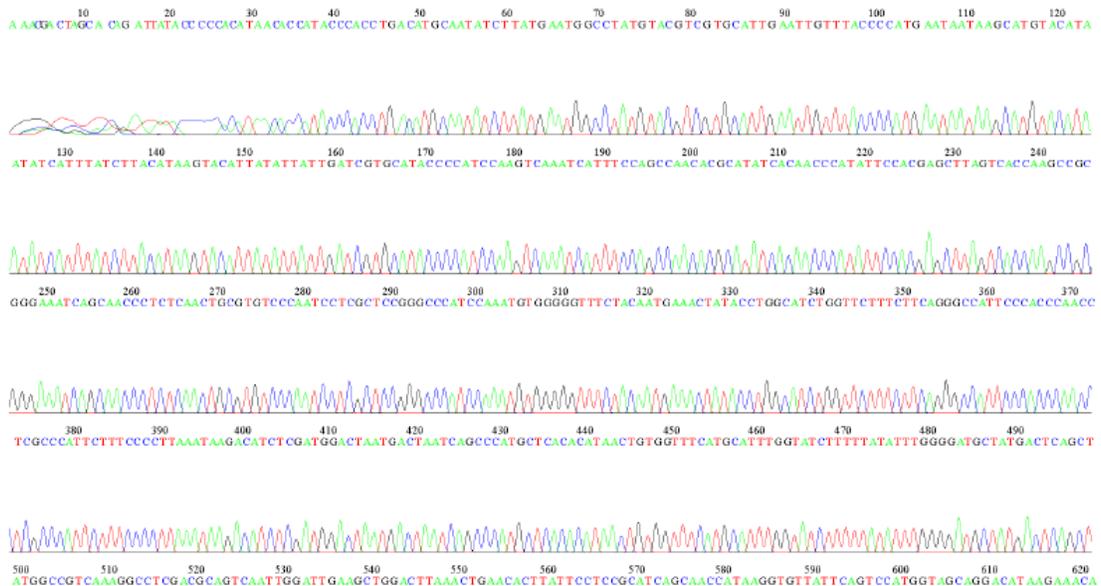
Гаплотип	Хувьсамтгай нуклеотидийн сайт	Дээж
	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 6 6 6 6 5 5 6 6 6 7 7 7 8 8 8 1 1 1 1 9 9 0 5 6 0 2 7 2 6 7 0 2 3 3 5 7 2 0 6 9 0 1 6 8 0 2 3 1 2	
X79547.1	A A C A G C G C A T C G G T G	Хяналт
H24	G T G A A C T C C	Prz2
H25	G T G A T A T G C A A	Prz3

Нийт 14 полиморф сайт илэрснээс 12 транзиц 2 трансверс мутац илэрлээ. Гаплотипыг тогтооход гэрийн адуутай нийтлэг гаплотип илрээгүй ба H24, H25 гэсэн ялгаатай гаплотипд хамаарагдав.

Хавсралт 4

Монгол адууны мтДНХ-ийн Д-гогцооны нуклеотидын дарааллыг тогтоолгосон үр дүнг жишээ болгон T29 дээжийн электрофореграммаар харуулав.

File: T29_AjaF.ab1 Run Ended: 2018/4/5 23:16:23 Signal G:922 A:1373 C:2269 T:1930
Sample: T29_AjaF Lane: 16 Base spacing: 15.763941 1337 bases in 21538 scans Page 1 of 2



II.6 Үхэр (*Bos taurus*)

II.6.1 Судлагдсан байдал

II.6.1.1 Орчин үеийн үхрийн судлагдсан байдал

Сүүлийн арван жил үнээний нөхөн үржихүй болон функцэд тулгамдсан асуудлууд ажиглагдаад байгаа. Үүнд рецессивээр нөхөн үржихүй болон бусад шинж тэмдгийг нөхцөлдүүлдэг хэд хэдэн леталь гаплотип тодорхойлогдсон. Хортой аллелийн давтамж удам дамжин нэмэгддэг болохыг ажиглажээ. Үүлдрүүдийн доторх ба үүлдэр хоорондох био-олон янз байдлыг үнэлэх геномын олон арга зүй боловсрогдсон. Үүнд геномын карт (хам удамших гэх мэт) хийгдсэнээр хам удамшдаг бүл генүүдийн гаплотипүүдээс шинж тэмдгийн фенотип бүрэлдэх хүртэлх хамаарлыг ойлгоход чухал. Олон аллелийн тооцооны загвар боловсрогдсон нь гаплотип бүрийн хувь нэмрийг тооцож геномын прогнозыг гаргаж үүлдэр угсааны чанарыг тооцох бололцоог олгоно. Үүнд мтДНХ нөхөн үржихүй, өсөлт, ашиг шим зэрэг шинж тэмдэгт нөлөөлдөг байна. Учир нь мтДНХ өндгөн эс боловсрох, ургийн хөгжил ба ашигтай шинж бүрэлдэх болон постнаталь хөгжилд чухал үүрэгтэй байдаг. Хиймэл үржүүлгээр бий болсон орчин үеийн малын үүлдрийн геном дахь интрогрессийн (гибридизацийн төрөл ба нэг зүйлийн ген өөр зүйлийн генофондод нэвтрэх) үлдэгдэл нь тугалах, хээл авах, тэжээлийн үр дүн гэх мэтэд сөргөөр нөлөөлж байна. Малын геномын гаплотипын судалгаа нь вариацийг тодруулж улмаар өвчний этиологи, патогенезийн фенотип бүрэлдэхэд үзүүлж байгаа нөлөө ойлгомжтой болно. Жишээ нь үүлдэр хоорондын IL8 локусын вариаци дархлааны өвөрмөц байдал болон халдварт тэсвэрлэх шинжид нөлөөлдөг. Өвгийн гаплотипыг тодорхойлсноор янз бүрийн популяцын эволюцын динамикийн анализ хийх, селекцэд хэрэгтэй геномын хэсгийг илрүүлэхэд тустай (1).

Хөхтөн амьтдын мтДНХ нь 16,300 орчим хос нуклеотид хэмжээтэй, жижиг цагариг бүтэцтэй бөгөөд рекомбинаци явагддаггүй, геномын ДНХ-тай харьцуулахад мутацид хурдан ордог тул эхийн талын гарал үүслийн холбоог тодорхойлох, улмаар зэрлэг амьтдыг гаршуулсан тухай таамаглалыг шалгах зэрэг судалгаанд өргөн хэрэглэгддэг билээ.

Үхрийн мтДНХ-ийн филогеографикийн судалгаанд ихэвчлэн хэт хувьсамтгай хяналтын хэсэг буюу Д-гогцооны хэсгийн дарааллыг зарим тохиолдолд митохондрин геномыг бүхэлд нь шинжилдэг.

Өнөө үед гэрийн тэжээвэр үхэр нь *Bos primigenius*-аас гаралтай *Bos taurus* ба *Bos indicus* хэмээн хоёр зүйлд хуваагдаж байна. Харин *Bos primigenius* нь ойролцоогоор 500,000 жилийн өмнө дунд Плейстоцены үед *Bos acutifrons* -аас үүссэн хэмээн таамагладаг (2).

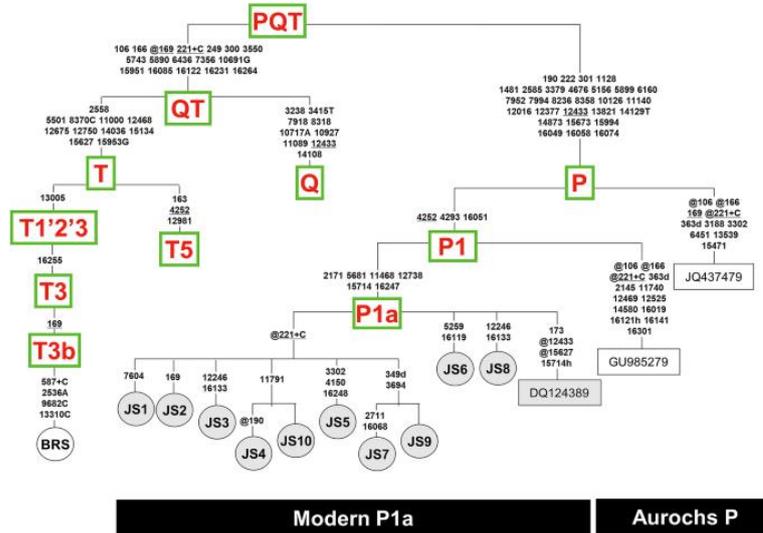
Орчин үеийн үхрийн мтДНХ-ийн анализаар газар зүйн байрлал, давтамжаараа ялгаатай хэдэн үндсэн гаплогруппыг (Т, Т1, Т2, Т3, Т4, I1, I2, I, J, G 60-р зураг) тогтоосон (3). Орчин үеийн үхрийн бүх популяцад Т макрогаплогрупп тодорхойлогдох ба Т макрогаплогрупп нь Т1-Т5 хүртэл 5 гаплогруппыг агуулна (4). Тодруулж хэлбэл *B.taurus* нь Т, Т1, Т2, Т3 ба Т4 гаплогруппт, *B.indicus* нь I1 ба I2 гаплогруппт салбарладаг бол Евразийн утсан бүх гөрөөснүүд нь Р гаплогруппт багтдаг (4) (зураг 58, 59). Харин Q ба R гаплогрупп нь цөөн тооны орчин үеийн Итали үхэрт илэрч, С гаплогрупп нь эртний Хятадын үеийн тэжээвэр үхэрт тодорхойлогдсон (4).

мтДНХ-ийн геномын бүрэн дарааллыг ашиглан филогенетикийн анализ хийхэд Африкийн Т1 ба Дорнод-Африкийн Т4 зэрэг бүх Т гаплогрупп нь Баруун Өмнөд-Азийн гаралтай болох нь батлагдсан (5).

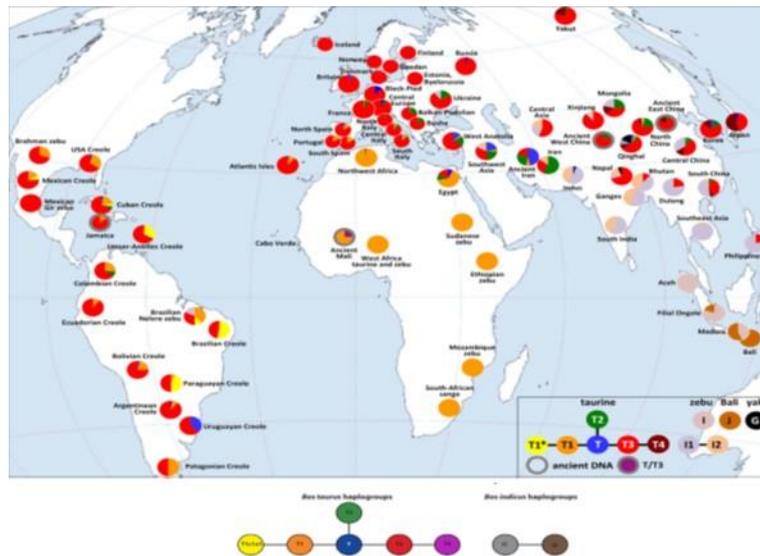
Одоогоор Баруун Өмнөд-Азид Т, Т1, Т2 болон Т3 гаплогрупп, Европт Т3 гаплогрупп давамгайлдаг бол Африкт Т1 гаплогрупп зонхилдог (5). Мөн Иранаас олдсон шинэ чулуун зэвсгийн үеийн дээжүүд нь тухайн үед Төв ба Баруун Хойд Европт Т3 гаплогрупп давамгайлж байсан гэдгийг харуулсан (5). Т1, Т2 гаплогрупп- Ойр дорнодоос гаралтай (5 Трой и др., 2001).

- Т1 гаплогрупп- Африк, Өмнөд Европт зонхилон тархсан (Бонфиль и др., 2012).
- Т2 гаплогрупп-Өмнөд Европ, Азийн цөөн популяцид илэрдэг (6, Иванкович и др.,2014)
- Т3 гаплогрупп- Ойр дорнодоос гаралтай европын таурины популяцид өргөн тархсан.
- Т4 гаплогрупп- Зүүн, хойд Азаас үүсэлтэй (Маннен и др.,2004).
- Т5 гаплогрупп- Зөвхөн Итали (7) ба Хорватад (Иванкович и др., 2014) бүртгэгдсэн.
- Т6 гаплогрупп- Балканы эртний дээжээс олдсон шинэ гаплогрупп (8 – *B.primigenius*; 7 – *B. taurus* и 2 –*B. taurus/B. primigenius*) (Христов и др., 2014)

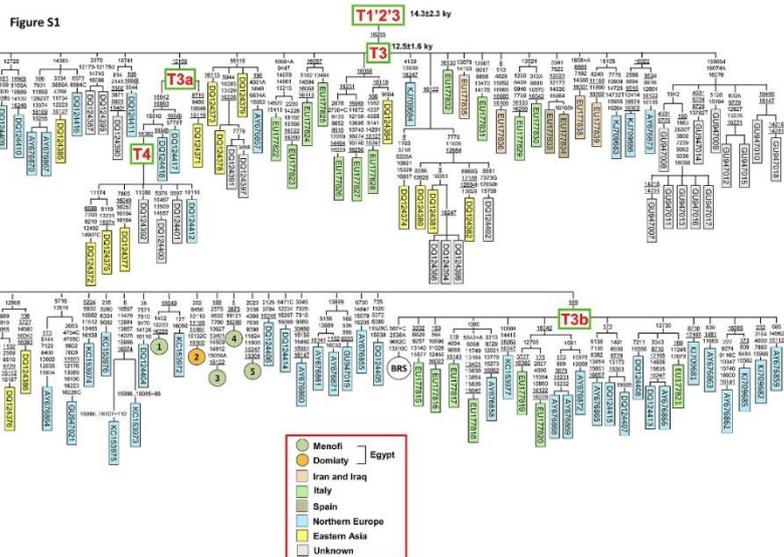
др.,2015b). Энэ гаплогрупп эртний сорьцын 75%-ийг эзэлэх ба богино үст родопски үүлдэр (20%) болон Болгарийн Бушад (Busha cattle) тодорхойлогддог.



Зураг 58. Үхрийн мтДНХ-ийн анализаар давтамжаараа ялгаатай үндсэн хэдэн гаплогрупп



Зураг 59. Үхрийн мтДНХ-ийн гаплогруппүүдийн газар зүйн байршил.



Зураг 60. Орчин үеийн үхрийн мтДНХ-ийн анализаар давтамжаараа ялгаатай Т гаплогруппыг тогтоосон.

II.6.1.2 Материал арга зүй

II.6.1.2.1 Монгол үхрийн цусны дээж

Энэхүү судалгаанд Баянхонгор аймгийн Жаргалант сумын монгол үхэр болон сарлаг үхрийн цусны 38 дээжийг ашиглав.

II.6.1.2.2 Цуснаас ДНХ ялгах арга зүй

Нийт 19 цусны дээжээс геномын ДНХ-ийг СТАВ агуулсан задлагч буфер (СТАВ(10%), 5M NaCl, 0.5M EDTA(pH=8.0), 1M Tris-HCl (pH=8.0), β -mercaptoethanol) ашиглан фенол-хлороформын аргаар ялгав.

II.6.1.2.3 Үхрийн ДНХ-ийн ПГУ-ын үр дүн

Орчин үеийн үхрийн мтДНХ-ийн Д-гөгцооны хэсгийн дарааллыг

mtBTD_F (5'-ССААТААСТСААСАГААТТТГС-3')

mtBTD_R (5'-ТААГАГГААГААТГГАССГТТТ-3') праймеруудыг ашиглан олшруулав. Нийт 20 мкл-ээр тооцож 2 мкл ДНХ (100 нг/мкл) 10 мкл DreamTaq Green PCR Master Mix (2x), шууд болон урвуу праймер тус бүрээс 1 мкл (100 пмоль) хэмжээтэйгээр найруулав. Урвалын нөхцөлийг урьтал денатураци 94 °C-д 5 мин, 35 цикл: 94 °C-д 30 сек, 50 °C-д 30

сек, 72 °C-д 1 мин, сүүлийн уртсах шат 72 °C-д 7 мин тохируулан 2720 Thermal Cycler багаж ашиглан олшруулж - 4 °C-д хадгалав.

II.6.1.2.4 Статистикийн анализ хийх

Үхрийн мтДНХ-ийн Д-гогцооны дарааллыг тодорхойлж MEGA v.6 программыг ашиглан нуклеотидын дарааллыг харьцуулав. Гаплотипын олон янз байдал, нуклеотидын олон янз байдлал, полиморф сайт, гаплотипын тоо зэргийг тооцохдоо DnaSP v.5.10 программ (15) болон Arlequin v3.1 (7) программуудыг тус тус ашиглав.

Гаплогруппыг тодорхойлох: Гаплогруппыг тогтоохдоо филогенетикийн сүлжээний (phylogenetic median-joining network) загварыг ашиглав (11). Уг филогенетикийн сүлжээний загвар нь Д-гогцооны 246 хос нуклеотид орчим хэмжээтэй богино хэсгийн нуклеотидын солигдолтын сайтын ялгаа дээр үндэслэгдэн хийгдсэн байдаг. Судалгаагаар илэрсэн гаплотипүүдийг Генбанкинд бүртгэгдсэн үхрийн ижил гаплотипүүдтэй харьцуулан филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйг ашиглаж MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

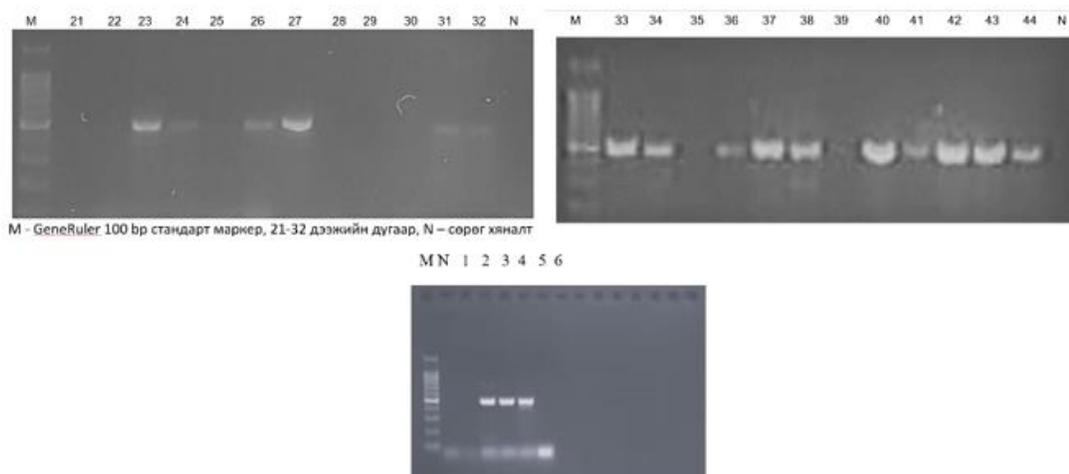
Үхрийн гаплогрупп тодорхойлох: Гаплогруппыг тогтоохдоо филогенетикийн сүлжээний (phylogenetic median-joining network) загварыг ашигласан (Jansen *et al.*, 2002). Уг филогенетикийн сүлжээний загвар нь бүтэн мтДНХ-ийн дараалалд дүн шинжилгээ хийж, нэг нуклеотидын солигдолтын сайтын ялгааг тогтоож харьцуулсаны үндсэнд хийгдсэн байдаг. Судалгаагаар тогтоогдсон гаплогруппуудын магадлалыг шалгах зорилгоор Генбанкинд бүртгэгдсэн бусад орны судлаачдын үхрийн гаплогруппыг тодорхойлсон үр дүнтэй харьцуулан филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйгээр MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

II.6.1.2 Үр дүн

II.6.1.2.1 Үхрийн ДНХ-ийн ПГУ-ын үр дүн

Үхрийн мтДНХ-ын хяналтын хэсгийн (D-Loop) ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг гель электрофорезийн аргаар илрүүлсэн дүн (зураг 51). 24 дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа дараах праймеруудыг ашиглав.

mtBTDF5'ССААТААСТСААСАСАГААТТТGC-3', mtBTDR
5'TAAGAGGAAAGAATGGACCGTTT -3' праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 461 х.н. болсон (зураг 61).



Зураг 61. Үхрийн мтДНХ-ийн Д-гогцооны 467 х.н хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан дүн
Тайлбар: М-маркер , 21-44-р дээж, 1-6 эртний дээж

II.6.1.2.2 Статистикийн анализын үр дүн

Судалгаагаар тогтоогдсон үхрийн гаплогруппуудын магадлалыг шалгах зорилгоор Генбанкинд бүртгэгдсэн бусад орны судлаачдын үхрийн гаплогруппыг тодорхойлсон үр дүнтэй харьцуулан филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйгээр MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав (хүснэгт 33, зураг 62).

Хүснэгт 33. Генбанкинд хадгалагдсан дараалал болон судалгаагаар илэрсэн гаплотипүүд

Зүйл	Гаплогрупп	Дугаар	Гарал үүсэл
<i>Bos taurus</i>	T2	M26	Монгол үхэр
		M28	
		M25	
		M21	
		Youngju yellow 5	БНСУ үхэр
		Youngju yellow 2	
	T1	Нар 7	БНСУ үхэр
		Нар14	
	T4	M9	Монгол үхэр
		M8	
		M12	
		M13	
		M15	
		M14	
		Нар 48	БНСУ үхэр
	Нар41		
	T3	M1	Монгол үхэр
		M3	
		M2	
		M5	
		M4	
		M11	
		M10	
Нар 44		БНСУ үхэр	
Нар 1			
T	M369	Монгол үхэр	
	M375		
	M382		
	M348		
	M372		
U	Эртний үхэр2	Монгол үхэр	
	Эртний үхэр3		
	Эртний үхэр1		



Зураг 62. Генбанкинд хадгалагдсан дараалал болон судалгаагаар илэрсэн гаплотипүүдийг хамруулан Neighbor-joining арга зүйг ашиглан Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулсан филогенетикийн мод

II.6.1.3 Хэлэлцүүлэг

Ойрх Дорнодод мэдэгдэхүйц давтамжтайгаар T, T2, T3 гаплогруппүүд илэрдэг бол T3 гаплогрупп Европд давамгайлж, T1 гаплогрупп Африкд өндөр давтамжтай илэрнэ. Энэ зүй тогтол нь Европын мтДНХ-ийн олон янз байдал анх Ойрх Дорнодод үхрийг гаршуулсны үр дүнд үүссэн байхаар харагдаж байна. Африкийн үхрийн хувьд тусдаа үйл явдал юм. Магадгүй Африкийн зубрийг гэршүүлсэн байх боломжтой (2). Учир нь олон эрдэмтдийн судалгаагаар T1 гаплогрупп Евроазид тодорхойлогддоггүй. Зүүн хойд Азийн T4 гаплогрупп Зүүн Азийн зэрлэг үхрийг гаршуулснаас үүссэн байх магадлал өндөр байна. Монгол, Японд 4 гаплогрупп тархсан байдаг: T, T2, T3, T4 (1). Харин Солонгост T2, T3, T4 гаплогрупп илэрдэг. Японд T4 гаплогрупп 65,4%-ийн давтамжтай, T3 31.5% илэрдэг бол Африкт T1 доминант. Солонгост T3 83,3% давамгайлдаг, T4 хоёр сорьцод илэрсэн байна (3). Монгол үхэрт энэ 4 гаплогрупп шигд илэрч байгаа нь мтДНХ-ийн олон янз байдлыг илтгэж байна. T2 гаплогрупп урьд Ойрх Дорнод, анатолийскд илэрдэг байсан бол Монгол үхэрт 34,3%-ийн давтамжтай илэрсэн нь харьцангуй өндөр гэсэн үг.

II.6.1.4 Дүгнэлт

Монгол үхээрт энэ 4 гаплогрупп (T, T2, T3, T4) жигд илэрч байна. Монголд үхрийн мтДНХ-ийн генетик олон янз байдал өндөр байгааг илтгэж байна.

Ном зүй

1. H. Mannen,^{a,*} M. Kohno,^a Y. Nagata,^a S. Tsuji,^a D.G. Bradley,^b J.S. Yeo,^c D. Nyamsamba,^d Y. Zagdsuren,^d M. Yokohama,^e K. Nomura,^f and T. Amanof “Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle” *Molecular Phylogenetics and Evolution* 32 (2004) 539–544\
2. Troy, C.S., Machugh, D., Balley, J.F., Magee, D.A., Loftus, R.T., Cunningham, P., Chamberlain, A.T., Sykes, B.C., Bradley, D.G., 2001. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature* 410, 1088–1091.
3. Jae-Hwan Kim, Seong-Su Lee, Seung Chang Kim, Seong-Bok Choi, Su-Hyun Kim,¹ Chang Woo Lee,² Kyoung-Sub Jung,³ Eun Sung Kim,⁴ Young-Sun Choi,⁵ Sung-Bok Kim,⁶ Woo Hyun Kim,⁷ and Chang-Yeon Cho* “Haplogroup Classification of Korean Cattle Breeds Based on Sequence Variations of mtDNA Control Region” *Asian-Australas J Anim Sci.* 2016 May; 29(5): 624–630. Published online 2016 Jan 5. doi: 10.5713/ajas.15.0692.

II.6.2 Эртний үхэр

II.6.2.1 Эртний үхрийн судлагдсан байдал

Амьтны гэршүүлэлт хүн төрөлхтний хөгжлийн хөгжлийн чухал шат байдаг. Үхрийг гаршуулснаар баталгаатай хоол хүнстэй (мах, сүү), хувцастай (арьс шир) болохоос гадна уналга, ачлага, газар тариалан эхлэхдээ ашиглаж ирсэн.

Өмнө нь Ойрх Дорнод (10,5 мянган жилийн өмнө гэршүүлсэн) ба Өмнөд Азаас (8,5 мянган жилийн өмнө гэршүүлсэн) биет биеэсээ үл хамааралтайгаар үхрийг гэршүүлсэн хэмээн үзэж байв. Орчин үеийн үхрийн өвгийг тур (*Bos Taurus primigenius*) гэж үздэг. Генетикийн хувьд сул турийн популяц өвчний улмаас 1627 онд мөхсөн (Animal genetics resources information ISSN1014-2339, 16 UNEP.p5). Үхрийн гэршүүлэлт ялгаатай нутаг дэвсгэрт өөр өөр популяцаас үүссэн учир нэг удмын шугамд хамаардаггүй. Ойрх Дорнод гэршсэн тураас орчин үеийн ихэнх үхэр (*Bos taurus*) үүссэн гэж үздэг. *Bos Taurus indicus*-аас хол Өмнөд Азийн үр удам орчин үеийн өөрийн шугамын өвөг юм. Орчин үеийн үхрийн олон янз байдал нь мтДНХ-ийн янз бүрийн бүлэгт хамрагддаг: Т (*Bos taurus*), I (*Bos Taurus indicus*), Р (эртний турийн дунд элбэг тохиолддог), Q (Т гаплогруппд ойр үхрийг гэршүүлсний дараа үүссэн), R (урьдах бүх гаплогруппээс хол, орчин үед Италийн үүлдэрт илэрдэг), E (орчин үеийн үхэрт илэрдэггүй). Саяхан Хятад, Англи, Ирланд, Данийн эрдэмтэд дараах нээлтийг хийсэн. Үүнд үхрийг гэршүүлсэн 3 дахь төв байсныг илрүүлсэн ба энэ нь зүүн хойд Хятад юм. Үүнээс гадна гаршуулсан үхэр өнөөг хүртэл тодорхойлогдоогүй гаплогрупптэй байжээ. Судалгааны объект нь зүүн хойд Хятадаас олдсон 10.6 мянган жилийн өмнөх *Bos Taurus*-ийн эрүү (сайн хадгалагдаж үлдсэн араа шүдтэй) байжээ. Эрдэмтэд бухын шүдний байдлаар гэршсэн байсныг тогтоож чадсан байна. Үүнд үүдэн шүд деформацлагдсан байсан (агаар залгиж хатуу зүйл хазсанаас болж өөрчлөгддөг: хашлага, хоолны сав гэх мэт). Малыг уях, хангалттай ачаалал авахгүй байх, стрессийн үед амьтад хатуу зүйл хаздаг. Агаар залгихад эндорфин ялгардаг ба энэ нь өвчин намдаах болон стресс тайлах, ходоод агаараар дүүрснээр өл дарагддаг: үхэр нь байгаль дээр өвсийг бага багаар бараг байнга хэвж байдаг. Ийм маягаар 10.6 мянган жилийн өмнө зүүн хойд Хятадад амьдарч байсан бух гэрийн гэдэг нь батлагджээ.

II.6.2.2 Материал арга зүй

II.6.2.2.1 Эртний үхрийн дээж

Энэхүү судалгаанд ашиглагдсан дээжүүд нь цаг хугацааны хувьд хүннү амьдарч байсан үхрийн ясны дээжүүд юм. Ясны дээжүүдийг Төв аймаг, Булган аймаг, Дорнод аймгаас олдсон эртний булшнаас авсан (Батсайхан, Амарбилэг, Содномжамц, & Баяндэлгэр, 2015). U1-U5 сорьцууд (хүснэгт 34).

Хүснэгт 34. Эртний үхрийн дээжийн мэдээлэл.

№	Дээжний дугаар	Булшны дугаар	Дээж авсан байршил	Дээжний төрөл	Насжилт	Үйл явц
1	U1	8-р булш	Төв аймаг, Заамар, Улаан Шивэрт	Үхрийн яс	Хүннү	ПГУ-секвинс
2	U2	13-р булш	Төв аймаг, Заамар, Улаан Шивэрт	Үхрийн шүд	Хүннү	ПГУ-секвинс
3	U3	15-р булш	Төв аймаг, Заамар, Улаан Шивэрт	Үхрийн хуруу	Хүннү	ПГУ-секвинс
4	U4	77-р булш	Булган, Хутаг-Өндөр, Эгийн гол, Бурхан толгой	Үхрийн яс	Хүннү	ПГУ-секвинс
5	U5	132-р булш	Дорнод аймаг, Дэлгэрэх Хар уул	Бодын яс	Хүннү	ПГУ-секвинс

II.6.2.2.1.1 Эртний үхрийн яснаас ДНХ ялгасан арга зүй

Эртний яснаас ДНХ-ийг ялгахдаа Цахиурт холбогч баганын, Фенол хлороформын, Chelex-100 аргуудыг ашигласан ба доорх дарааллын дагуу ДНХ-ийг ялгасан болно
Цахиурт холбогч баганын арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4г авч ариутгасан 15мл-н түбэд хийж дээр нь 1мл хандлах (экстракшн) буфер (0.01M Tris-HCl, 0.025M EDTA pH=8) нэмж 37°C хэмд 16 цаг инкубацлана. Дараагаар нь 56°C хэмд 3 цаг инкубацлаад 6000 эрг/мин хурдаар 2 минутын турш центрифугдэн тунгааж супернатантыг соруулан авч, 15мл-ийн түбэд урьдчилан бэлдсэн 3мл холбогч буферт (5M GuSCN, 0.025M NaCl, 0.01M Tris-HCl pH=8) нэмнэ. Уг холбогч буфер бүхий дээжийг давсны хүчлээр (37% HCl) pH=4 болтол бууруулсны дараа цахиурт холбогч багана руу (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) шилжүүлээд 8000 эрг/мин хурдаар 1 минутын турш

центрифугдэн шингэн хэсгийг асгана. Баганаа 2мл-н цуглуулах (collection) тюб рүү шилжүүлээд дээр нь AW1 буфер (QUAGEN, DNeasy Blood & Tissue Kit) 500мкл хийж 8000 эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэнэ. Баганаа шинэ 2мл-ийн цуглуулах тюб рүү шилжүүлээд дээр нь AW2 буфер 500мкл хийж 14000 эрг/мин хурдаар 3 минутын турш центрифугдэнэ. Дахин 14000эрг/мин хурдаар 1 минутын турш центрифугдэнэ. Баганаа 1.5мл-ийн тюб рүү шилжүүлж тасалгааны хэмд сайтар хатаана. Баганад холбогдсон ДНХ-ийг уусгаж авахдаа уг баганадаа 50мкл ионгүйжүүлсэн ус нэмж, 1 минутын турш тасалгааны хэмд инкубацлаад, 1 минутын турш 14000 эрг/мин хурдаар центрифугдэж тюбтэй шингэнийг авч -20°C хэмд хадгална (Munoz, бас бус., 2012).

Фенол хлороформын арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4 гр авч 15мл-ийн тюбэд хийж дээр нь 2мл хандлах буфер (0.01M Tris-HCl, 0.1M EDTA, 0.2% SDS pH=8) нэмж 37°C хэмд 1 цаг инкубацлана. Дээж дээр 1мг/мл Протеиназ К нэмээд 50°C хэмд 2 цаг инкубацлана. Дээд хэсгийг соруулан авч шинэ 15мл-ийн тюб уруу шилжүүлнэ. Уусмалын эзлэхүүнтэй тэнцүү хэмжээгээр фенол-хлороформ-изоамилалкохол (25:24:1) нэмж холиод 3000эрг/минутын хурдаар 5 минут центрифугдэнэ. Дээд хэсгийг болгоомжтой соруулан авч шинэ 1.5мл-ийн тюбэд хийгээд нийт эзлэхүүний 10%-тай тэнцэх 3M натрийн ацетат (pH=5) болон нийт эзлэхүүнээс 2.5 дахин их 96% этилийн спирт нэмж сайтар холин -80°C хэмд 48 цаг инкубацлана. Дараагаар нь 10 минутын турш 8000эрг/минут хурдаар центрифугдэн шингэнийг соруулж хаян үүссэн тунадас дээр 1мл 70% этилийн спирт нэмнэ. Дахин 8 минутын турш 13000эрг/минутын хурдаар центрифугдээд этилийн спиртийг соруулж хаян, тасалгааны хэмд тунадсыг 1-2 цаг хатаана. Үүссэн тунадас дээр 50μл давхар нэрсэн ус хийж -20°C хэмд хадгална.

Chelex-100 арга

Нунтаг ясны дээжээс 0.4 гр авч 15мл-ийн тюб рүү хийж дээр нь 2мл хандлах буфер (0.01M Tris-HCl, 0.1M EDTA, 0,2% SDS pH=8) нэмээд 37°C хэд 1 цаг инкубацлана. Дээж дээр 1мг/мл Протеиназ К нэмээд 50°C хэд 2 цаг инкубацлана. Дээд хэсгийг соруулан авч шинэ 1.5мл-ийн тюб рүү шилжүүлнэ. Уусмалын

эзлэхүүнтэй тэнцүү хэмжээгээр фенол-хлороформ-изоамилалкохол (25:24:1) нэмж холиод 3000 эрг/минутын хурдаар 5 минут центрифугдэнэ. Дээд хэсгийг авч болгоомжтой соруулан авч шинээр дугаарласан түбэд хийнэ. Дараа нь уусмалын нийт эзлэхүүнд 5% байхаар Chelex-100 нэмж вортексдоно. 98°C хэд 8 минут инкубацлана. Хугацаа дууссаны дараа хэдэн секунд вортексдоод 13000эрг/минутад 6 минут центрифугдэнэ. Дээд фазыг нь авна. Авахдаа Chelex-н бөмбөлөг оруулахгүй. Хөргөгчид 4°C хэмд хадгална.

II.6.2.2.2 Эртний үеийн үхрийн ДНХ-ийн ПГУ

mtBTD_F (5'-ССААТААСТСААСАСАГААТТТГС-3')

mtBTD_R (5'-ТААГАГГАААГААТГГАССГТТТ -3') праймеруудыг ашиглан олшруулав. Нийт 20 мкл-ээр тооцож 2 мкл ДНХ (100 нг/мкл) 10 мкл DreamTaq Green PCR Master Mix (2x), шууд болон урвуу праймер тус бүрээс 1 мкл (100 пмоль) хэмжээтэйгээр найруулав. Урвалын нөхцөлийг урьтал денатураци 94 °C-д 5 мин, 35 цикл: 94 °C-д 30 сек, 50 °C-д 30 сек, 72 °C-д 1 мин, сүүлийн уртсах шат 72 °C-д 7 мин тохируулан 2720 Thermal Cycler багаж ашиглан олшруулж - 4 °C-д хадгалав. Полимеразын гинжин урвалаар (ПГУ) олшруулах арга зүй.

II.6.2.2.3 Нуклейн хүчлийн шинжилгээ

Статистикийн анализ хийх

Үхрийн мтДНХ-ийн Д-гогцооны дарааллыг тодорхойлж MEGA v.6 программыг ашиглан нуклеотидын дарааллыг харьцуулав. Гаплотипын олон янз байдал, нуклеотидын олон янз байдлал, полиморф сайт, гаплотипын тоо зэргийг тооцохдоо DnaSP v.5.10 программ (15) болон Arlequin v3.1 (7) программуудыг тус тус ашиглав.

Гаплогруппыг тодорхойлох: Гаплогруппыг тогтоохдоо филогенетикийн сүлжээний (phylogenetic median-joining network) загварыг ашиглав (11). Уг филогенетикийн сүлжээний загвар нь Д-гогцооны нуклеотид орчим хэмжээтэй богино хэсгийн нуклеотидын солигдолтын сайтын ялгаа дээр үндэслэгдэн хийгдсэн байдаг. Судалгаагаар илэрсэн гаплотипүүдийг Генбанкинд бүртгэгдсэн үхрийн ижил гаплотипүүдтэй харьцуулан филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйг

ашиглаж MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

Үхрийн гаплогрупп тодорхойлох: Гаплогруппыг тогтоохдоо филогенетикийн сүлжээний (phylogenetic median-joining network) загварыг ашигласан (Jansen *et al.*, 2002). Уг филогенетикийн сүлжээний загвар нь бүтэн мтДНХ-ийн дараалалд дүн шинжилгээ хийж, нэг нуклеотидын солигдолтын сайтын ялгааг тогтоож харьцуулсаны үндсэнд хийгдсэн байдаг. Судалгаагаар тогтоогдсон гаплогруппуудын магадлалыг шалгах зорилгоор Генбанкинд бүртгэгдсэн бусад орны судлаачдын эртний үхрийн гаплогруппыг тодорхойлсон үр дүнтэй харьцуулан филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйгээр MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

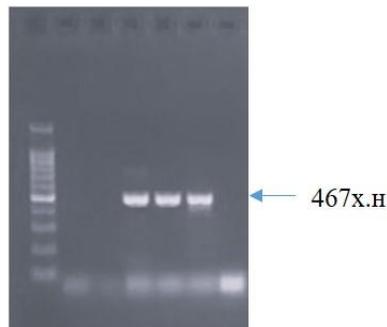
II.6.2.3 Үр дүн

II.6.2.3.1 Эртний үхрийн ДНХ-ийн ПГУ-ын үр дүн

Үхрийн мтДНХ-ын хяналтын хэсгийн (D-Loop) ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг гель электрофорезийн аргаар илрүүлсэн дүн (зураг 51). 24 дээжүүдийн мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийг олшруулахдаа дараах праймеруудыг ашиглав.

mtBTDF5'ССААТААСТСААСАСАГААТТТГС-3', mtBTDR
5'TAAGAGGAAAGAATGGACCGTTT -3' праймераар олшруулсан бөгөөд ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нийт урт 461 х.н. болсон (зураг 63).

MN 1 2 3 4 5



Зураг 63. Үхрийн мтДНХ-ийн Д-гогцооны 467 х.н хэсгийг ПГУ-аар олшруулсан дүн Тайлбар: М-маркер , N-сөрөг хяналт, 1-5-р нүхэнд дээж.

II.6.2.3.2 Нуклейн хүчлийн анализ

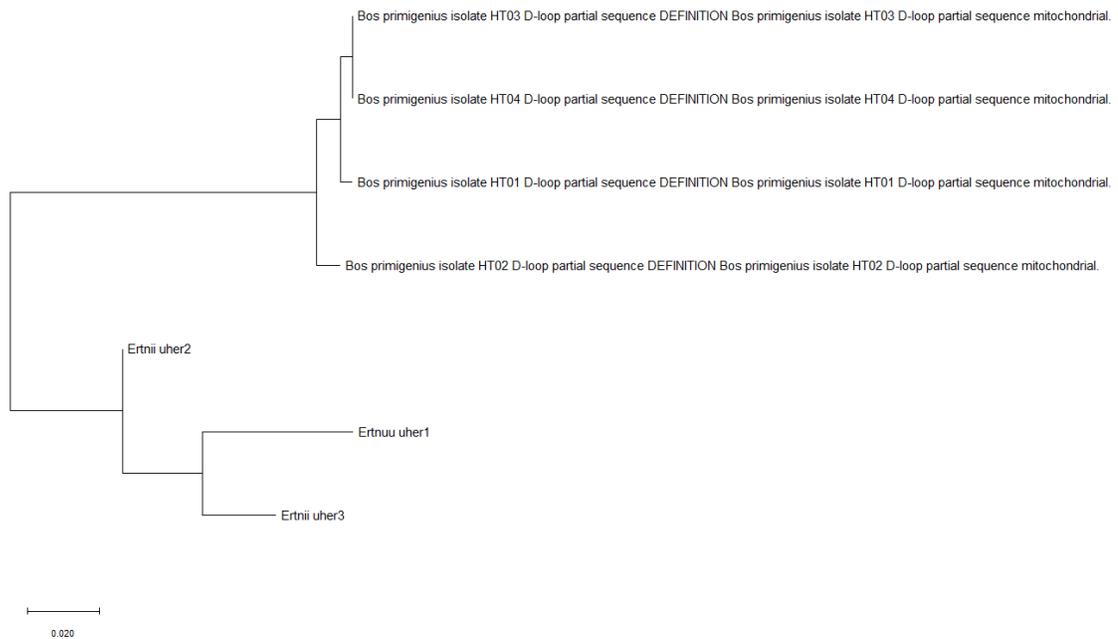


Зураг 64. Эртний үхэр 2 нь референс дараалалтай 1 кластерт орсон байна. Нөгөө 2 дээж нь тусдаа кластер үүсгэсэн

Эртний үхэр 2 нь референс дараалалтай 1 кластерт орсон байна. Нөгөө 1 дээж нь тусдаа кластер үүсгэсэн байгаа нь генетикийн хувьд ялгаа байгааг харуулж байна.

Үүнийг дээжийн тоог нэмэн баталгаажуулах хэрэгтэй. Эртний үхрийн дээж Achilli-ийн T-T5 гаплогруппын алинд ч хамрагдаагүй учир U гаплогруппыг шинээр үүсгэж тодорхойлов (зураг 64).

Dawei Cai нарын Houtaomuga, Xinhuang нуур, Da'an, Jilin аймаг, БНХАУ эртний (6500-5500 жилийн өмнөх) үхрийг бидний эртний үхрийн дарааллыг авч мод байгуулав (зураг 65). Dawei Cai нарын судалгаагаар эртний дээжүүд C гаплогруппэд хамрагдсан байна. Энэ C гаплогрупп нь Зүүн Азийн орчин үеийн *Bos taurus*-ий өвөг гэж үздэг.



Зураг 65. Dawei Cai нарын Houtaomuga, Xinhuang нуур, Da'an, Jilin аймаг, БНХАУ эртний (6500-5500 жилийн өмнөх) үхрийг бидний эртний үхрийн дарааллыг авч мод байгуулав.

II.6.2.4 Хэлэлцүүлэг

Өмнө нь Ойрх Дорнод (10,5 мянган жилийн өмнө гэршүүлсэн) ба Өмнөд Азаас (8,5 мянган жилийн өмнө гэршүүлсэн) биет биеэсээ үл хамааралтайгаар үхрийг гэршүүлсэн хэмээн үзэж байв. Үхрийн гэршлүүлэлт ялгаатай нутаг дэвсгэрт өөр өөр популяцаас үүссэн учир нэг удмын шугамд хамаардаггүй гэж үздэг. *Bos Taurus indicus*-аас хол Өмнөд Азийн үр удам орчин үеийн өөрийн шугамын өвөг юм. Үүнд үхрийг гэршүүлсэн 3 дахь төв байсныг илрүүлсэн ба энэ нь зүүн хойд Хятад юм. Үүнээс гадна гаршуулсан үхэр өнөөг хүртэл тодорхойлогдоогүй гаплогрупптэй ажээ. Монгол үхэрт энэ 4 гаплогрупп шигд илэрч байгаа нь мтДНХ-ийн олон янз байдлыг илтгэж байна. T2 гаплогрупп урьд Ойрх Дорнод, анатолийскд илэрдэг байсан бол Монгол үхэрт 34.3%-ийн давтамжтай илэрсэн нь харьцангуй өндөр гэсэн үг. Бидний судалгаагаар Хүннүгийн булшнаас олдсон ясны дээжүүд орчин үхрийн Achilli-ийн аль нэг гаплогруппд хамрагдаагүй ба бид U үсгээр гаплогруппыг тэмдэглэв. Монгол, Японд 4 гаплогрупп тархсан байдаг: T, T2, T3, T4. Эртний үхэр 2 нь референс дараалалтай 1 кластерт орсон байна. Нөгөө 1 дээж нь тусдаа кластер үүсгэсэн ба орчин үеийн үхрийн T гаплогруппд ойр байна. Тэгвэл T гаплогруппээс T1-T5 гэж үздэг (зураг58).

Dawei Cai нарын судалгаагаар эртний дээжүүд C гаплогруппд хамрагдсан байна. Энэ C гаплогрупп нь Зүүн Азийн орчин үеийн *Bos taurus*-ий өвөг гэж үздэг. Үүнээс гадна судалсан үхрийн дотор гаплотипын цаг хугацааны өөрчлөлт илэрсэн ба энэ нь неолитийн үеийн хүний нөлөөтэй холбоотой гэж үзсэн байна (ан агнуур). HT31 сорцыг адиоуглеродоор насжилтыг тогтооход *Bos taurus* шиг 5500-5300 өмнөх гэж гарсан ба Хятадаас олсон мэдэгдэж байгаа хамгийн эртний үхэр болсон. HT31-ийг Хятадын Зүүн хойд хэсгээс олсон ба энэ нь эртний Хүннүгийн нутаг юм. Үүнээс улбаалан үхрийг гэршүүлсэн өөр нэг цөм өнөөгийн Хятадын Зүүн хойд хэсгээс Монголын тал хүртэл явагсан гэж үзжээ (8). Dawei Cai нарын Houtaomuga, Xinhuang нуур, Da'an, Jilin аймаг, БНХАУ эртний (6500-5500 жилийн өмнөх) үхрийг бидний эртний үхрийн дарааллыг авч мод байгуулав (зураг 65). Хүннүгийн үеийн булшаас олсон үхэр Хятадын Зүүн хойд хэсгээс олсон үхрийн нийт илэрсэн дарааллаар филогенетикийн модыг байгуулахдаа MEGA v.10.0.4 программаар Тамура-Ней

модел, максимум лайклихүүд арга зүйгээр бүүтстрапыг 1000 репликацид тохируулав. Филогенетикийн модоос харахад Хятад ба Монгол үхрийн зай их байгаа нь нэг гарал үүсэлтэй боловч, эртнээс салсныг илтгэж байна.

II.6.2.5 Дүгнэлт

Хүннүгийн булшнаас олдсон үхрийн дээжээс урьд хаана ч илэрч байгаагүй шинэ гаплогруппыг илрүүлсэн ба U хэмээн нэрлэв. Бидний байгуулсан филогенетикийн модны зургаас хархад U гаплогрупп орчин үеийн үхрийн өвөг байх магадлал өндөр байна. Үүнд орчин үеийн монгол үхрийн T гаплогрупп U гаплогруппээс үүссэн байх магадлалтай. Үүнийг дээжийн тоог нэмэн баталгаажуулах хэрэгтэй байна. Бидний судалгаа үхрийг гэршүүлсэн өөр нэг цөм өнөөгийн Хятадын Зүүн хойд хэсгээс Монголын (Хүннүгийн нутаг) тал хүртэл байжээ хэмээх Dawei Cai нарын гаргасан дүгнэлтийг баталгаажуулж байна.

Ном зүй

1. Яковлев А.Ф. “Вклад гаплотипов в формирование племенных и воспроизводительных качеств животных” doi:10.25678/1996-6733. prodanimbiol. 2019.2.5-18
2. Pilgrim G.E. 1947. The evolution of the buffaloes, oxen, sheep and goats. *J. Linn. Soc. London, Zool.* 41:272–286.
3. Lenstra T.L., Coulon A., Chow C.C., Larson D.R. Single-molecule imaging reveals a switch between spurious and functional ncRNA transcription. *Mol. Cell.* 2015; **60**:597–610.
4. Magee, D.A., Sikora, K.M., Berkowicz, E.W., Berry, D.P., Howard, D.J., Mullen, M. P., et al. (2010). DNA sequence polymorphisms in a panel of eight candidate bovine imprinted genes and their association with performance traits in Irish Holstein-Friesian cattle. *BMC Genet.* 11:93. doi:10.1186/1471-2156-11-93
5. Lenstra, J.A. & Bradley, D.G. (1999) Systematics and phylogeny of cattle. In *The Genetics of Cattle*, Fries, R. and Ruvinsky, A., Eds., CABI Publishing, Oxon, New York, pp. 1-14
6. Achilli, A., Olivieri, A., Semino, O., and Torroni, A. (2018). Ancient Human Genomes—Keys to Understanding Our Past. *Science* 360 (6392), 964–965. doi:10.1126/science.aat 7257
7. S. Bonfiglio, A. Achilli, A. Olivieri, R. Negrini, L. Colli, L. Liotta, P. Ajmone Marsan, A. Torroni, L. Ferretti “The enigmatic origin of bovine mtDNA haplogroup R: sporadic interbreeding or an independent event of *Bos primigenius* domestication in Italy?” *PLoS One*, 5 (2010), p. e15760
8. Dawei Caia, f, *, Naifan Zhanga, f, Siqu Zhua, f, Qanjia Chena, f, Lixin Wanga, Xin Zhaoc, Xiaolin Mad, Thomas C.A. Roylee, f, Hui Zhoua, b, f, **, Dongya Y. Yange, f, ***” Ancient DNA reveals evidence of abundant aurochs (*Bos primigenius*) in Neolithic Northeast China” *Journal of Archaeological Science* 98 (2018) 72-80

III. Дүгнэлтийн хэлэлцүүлэг

Монгол нутагт хүн ам тасралтгүй оршин сууж байсан эсэхийг генетик, молекул биологийн аргаар батлах зорилт тавин ажиллаа.

Үүнд хүн болон таван хошуу малын генетик, молекул биологийн судалгааг мтДНХ-ийн Д-гогцоонд хийв. Орчин үеийн Монгол хүний мтДНХ-ийн генетик олон янз байдал нь Хүннүчүүдээс уламжлагдан ирсэн байх магадлал өндөр байна. Хүннүгийн (а6) болон хүрлийн (а29) үед хамрагдах Булган аймгийн нутгаас олдсон цаг хугацааны хувьд ялгаатай эртний 2 хүний хүний мтДНХ-д хийсэн молекул генетикийн шинжилгээгээр зүүн хойд азид өргөн тархсан C4a1a4a гаплогрупп илэрсэн бөгөөд хэдийгээр 1500 жилийн зөрүүтэй ч ижил гаплогруппд хамаарч байгаа нь тухайн нутаг дэвсгэрт байнгын оршин сууж байсныг илэрхийлж байж болох юм. Үүнээс гадна энэ 2 сорьц маань M13 орчин үеийн хүний дээжтэй нэг мөчирт байна. Баянхонгороос олдсон A7 дээжтэй M10 орчин үеийн хүний дээж G2a гаплогруппыг үүсгэж байв. Нөгөө талаар Хүннүчүүдийн Археологийн ясны олдворт илэрсэн гаплогруппууд өнөө цагийн Монголчуудад бүгд илэрсэн. Археологийн олдвор болон түүхэн баримт бичгээр орчин цагийн Монголчууд нь Хүннүчүүдийн үр сад мөн байна.

Орчин үеийн Монгол ямааны популяц A-D гаплогруппээс тогтож байна. Орчин үеийн Монгол ямааны популяцад хамгийн өргөн A гаплогрупп өндөр давтамжтай илэрлээ. 800-3000 хүртэлх жилийн өмнөх булшнаас олдсон ямааны дээжүүдийг орчин үеийн ямааны дээжүүдтэй харьцуулан судлав. Гаплогруппын хувьд он тооллоороо тус тусдаа шинэ гапlobүлэг үүсгэсэн боловч 800 жилийн өмнөх дээж 3000 жилийн өмнөх дээжтэй 1 гаплогруппд багтсан. Үүнд MЭӨ 300 жилээс урьдах а6 дээж орчин үеийн ямааны өвөг болж хамгийн түрүүнд салж A гаплогрупп багтсан хэмээн үзэж байна. Орчин үед Монгол нутагт өргөн тархсан (A гаплогрупп) ямаан сүрэг эртний ямаан сүрэг хооронд ураг төрлийн хамаарал байна. Урьд хаана ч илэрч байгаагүй шинэ гаплогруппыг илрүүлсэн ба M1, M2 хэмээн нэрлэв. Бидний байгуулсан филогенетикийн модны зургаас харахад M1, M2 гаплогрупп орчин үеийн ямааны өвөг байна.

Хүрэл, Хүннүгийн үеийн оршуулгын булшнаас хонины дээж гараагүй. Орчин үеийн монгол хонины судалгааг хийхэд: Гаплотипын олон янз байдал (Hd) нь 0.9239 байсан. Tajima утга (D) -1.652900. Популяц хоорондын ерөнхий генетик зайн утга 0.0093 байв. Харин групп тус бүрийн генетик зай Монгол үүлдэр 0.0393, сартуул үүлдэр 0.0173, аргал 0.0706 байсан. Үүнээс үзэхэд аргалийн популяц нь Монгол, Сартуул хонины популяцаас генетик зайн хувьд хол байна харин Монгол, Сартуул хонины популяциуд генетик зайн хувьд ойр байв. Бидний судалгаанаас харахад Монгол хонины популяци нь бусад орны хонины популяцтай харьцуулахад хаалттай популяц юм байна. Монгол аргалийн тоо толгой цөөрсөнтэй холбоотой генетик олон янз байдлаа алдаж байна. Монгол Улс (Монголын өндөрлөгийн нэг хэсэг) Евроазийн зүүн хэсэгт хонь гаршихад гол үүрэг гүйцэтгэсэн гэсэн таамаглалтай нийцэж байна.

Хүрэл, Хүннүгийн үеийн оршуулгын булшнаас тэмээний дээж гараагүй. Орчин үеийн монгол тэмээний судалгааг хийхэд: Гэрийн тэмээний популяц хооронд генетик ялгаа бага, харин хавтгай тэмээнээс их байгаа нь нэг гарал үүсэлтэй боловч, эртнээс салсныг илтгэж байна.

Манай судалгаагаар орчин үеийн Монгол адуунд B, A1, A'B'C'D, I, L, M, N, O'P, Q гэсэн 9 гаплогрупп илэрсэнтэй O'P (21.73%) болон Q (26.09%) гаплогруппууд нь хамгийн өндөр давтамжтай (47.8%) илэрсэн ба энэ гаплогрупп нь Зүүн Азийн гарал үүсэлтэй эртний гаплогрупп гэж тооцогддог. Уг үр дүнгээр Монгол адуунд O'P болон Q гаплогрупп зонхилдог гэдэг нь тодорхойлогдлоо.

Монгол адуу болон Пржевальскийн адуу нь нэг үндэстэй кластерт хамаарагдаж байгаагаас үзэхэд гарал үүслийн хувьд ижил байх магадлалтай. Иймээс Пржевальскийн адууны дээжийн тоог нэмэгдүүлснээр дээрх 2 зүйлийн гарал үүслийн судалгааг илүү тодорхой болгох боломжтой.

Монгол адуунд Европ болон Дундад дорнод илэрдэг гаплогрупп илэрч байгааг 1276 он буюу Монголын Эзэнт Гүрний байлдан дагуулалтын үеийн түүхтэй холбоотой гэж үзэж байна.

Хүннүгийн үеийн булшнаас гарсан адууны яс гэж үзэж байсан дээжүүд бүгд тахь Пржевальскийн адууны яс болох нь тогтоогдсон. Хүннүгийн үеийн булшнаас Пржевальскийн адуу гарсан нь Устсан *E. ferus*-ийн эхийн шугам энеолитийн үед евроазийн талд гэршиж орчин үеийн *E. Caballus* үүлдэрт ирсэн гэсэн дүгнэлттэй

дүйцэж байна (Орчин үеийн адуунд бүх гаплогрупп тодорхойлогдсон боловч F гаплогрупп зөвхөн Пржевальскийн адуунд илэрчээ).

Монгол үхэрт энэ 4 гаплогрупп (T, T2, T3, T4) жигд илэрч байна. Монголд үхрийн мтДНХ-ийн генетик олон янз байдал өндөр байгааг илтгэж байна. Хүннүгийн булшнаас олдсон үхрийн дээжээс урьд хаана ч илэрч байгаагүй шинэ гаплогруппыг илрүүлсэн ба U хэмээн нэрлэв. Бидний судалгаа үхрийг гэршүүлсэн өөр нэг цөм өнөөгийн Хятадын Зүүн хойд хэсгээс Монголын (Хүннүгийн нутаг) тал хүртэл байжээ хэмээх Dawei Cai нарын гаргасан дүгнэлтийг баталгаажуулж байна.

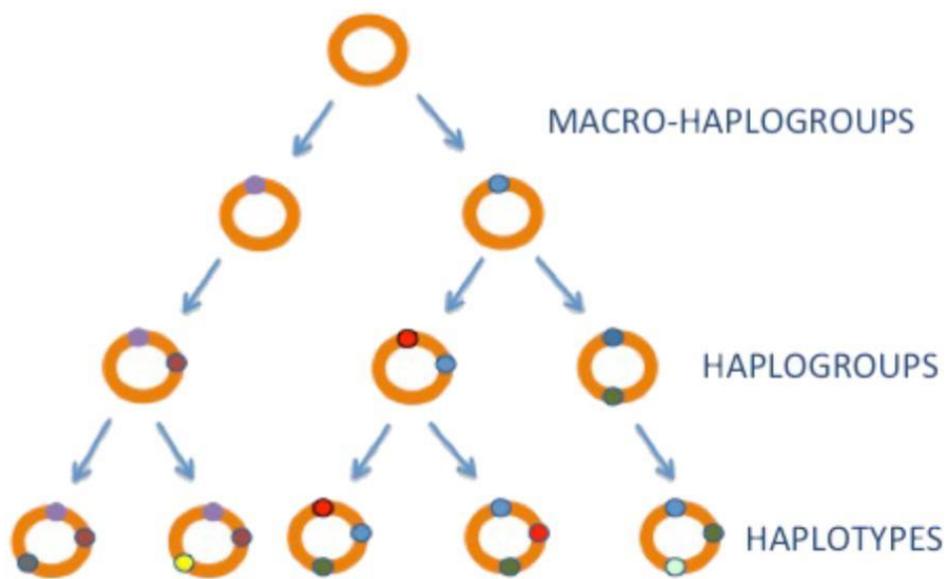
IV. Дүгнэлт

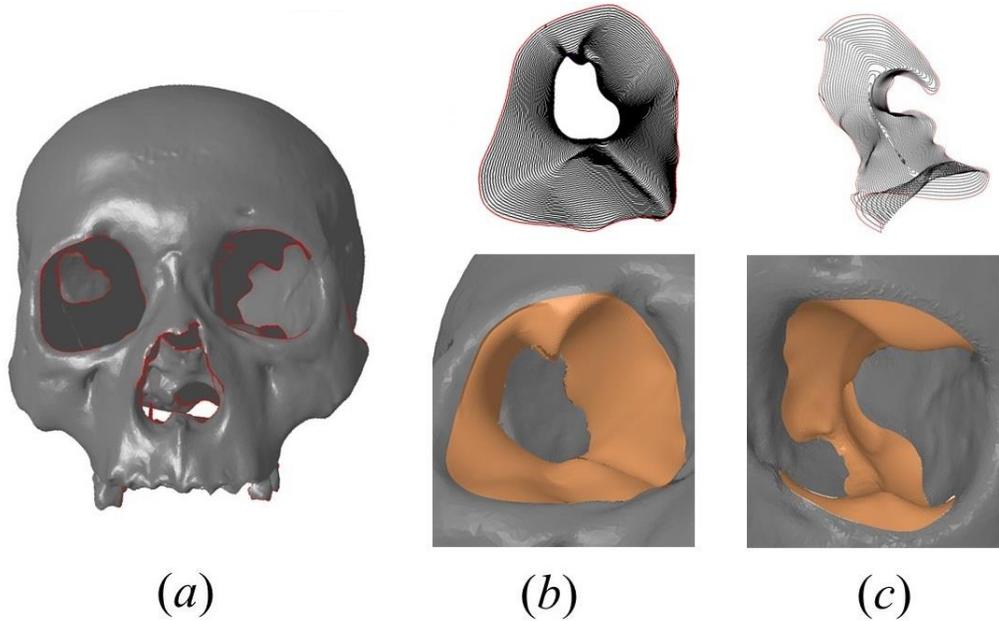
Хүрэл болон Хүннүгийн үеийн хүмүүсийн дээж нэг гаплогруппэд хамрагдаж байгаа болон орчин үеийн хүмүүстэй нэг гаплогруппэд хамрагдсан мөн Хүннүгийн булшнаас илэрдэг гаплогруппүүд орчин үеийн Монгол хүмүүст илэр байгаагаас харахад удам төрлийн холбоо байна гэж үзлээ. Эртний булшнаас тэмээ, адуу, хонины дээж илрээгүй болно. Харин Пржевальскийн адуу, ямаа, үхрийн яс гарсан. Ямаа, үхрийн дээжид шинэ гаплогрупп илэрсэн ба орчин үеийн Монгол ямаа, үхрийн өвөг байх магадлал өндөр байгаа учир удам төрлийн холбоо байна гэж дүгнэж байна. Бидний судалгаа үхрийг гэршүүлсэн өөр нэг цөм өнөөгийн Хятадын Зүүн хойд хэсгээс Монголын (Хүннүгийн нутаг) тал хүртэл байжээ хэмээх Dawei Cai нарын гаргасан дүгнэлтийг баталгаажуулж байна. Үүнээс гадна ямааг гэршүүлсэн нэг нутаг бол Монгол юм байна гэж дүгнэлээ. Орчин үеийн тэмээ, адуу, хонины генетик олон янз байдлыг мтДНХ-ийн D-loop хэсэг дээр тодорхойлов. Монгол Улс (Монголын өндөрлөгийн нэг хэсэг) Евроазийн зүүн хэсэгт хонь гаршихад гол үүрэг гүйцэтгэсэн гэсэн таамаглалтай нийцэж байна. Монгол адуунд Европ болон Дундад дорнод илэрдэг гаплогрупп илэрч байгааг 1276 он буюу Монголын Эзэнт Гүрний байлдан дагуулалтын үеийн түүхтэй холбоотой гэж дүгнэлээ. Гэрийн тэмээний популяц хооронд генетик ялгаа бага, харин хавтгай тэмээнээс их байгаа нь нэг гарал үүсэлтэй боловч, эртнээс салсныг илтгэж байна. Орчин үеийн Монгол ямааны популяц A-D гаплогруппээс тогтож байна. Бидний судалгаанд авсан ямааны популяцын генетик олон янз байдал бага байна.

V. Төслийн гүйцэтгэлийн товчоо

Төслийн гэрээгээр нийлүүлэх бүтээгдэхүүн	Тоо хэмжээ	Нийлүүлсэн бүтээгдэхүүн	Тоо хэмжээ	Биелэлт %
Эртний хүний яснаас митохондрийн ДНХ-г ялгаж нуклеотидын дарааллыг тогтоож хөрш зэргэлдээх нутгийн хүн амтай удмын ямар холбоо сүлбээтэй болохыг хөдлөшгүй тогтооно. Байлдан дагуулалтын дараа гапlobулэг өөрчлөгдсөн эсэхийг тогтооно.	2 өгүүлэл	Эрдэм шинжилгээний өгүүлэл, илтгэл	5 өгүүлэл 3 илтгэл	100 %
Эртний малын яснаас митохондрийн ДНХ-г ялгаж нуклеотидын дарааллыг тогтоож орчин үеийн малтай удмын ямар холбоо байгааг тогтооно.	2	Эрдэм шинжилгээний өгүүлэл, илтгэл	4 өгүүлэл 1 илтгэл	100%
Монголд амьдарч байсан хүний дүр төрх тогтоогдоно.	2	Эрдэм шинжилгээний өгүүлэл, илтгэл	3 скан хийсэн	40% Ковидийн хөл хориогоор уг ажил зоссон.
Эртний хүний яснаас митохондрийн ДНХ-г ялгаж нуклеотидын дарааллыг тогтоож орчин үеийн хүнтэй, эртний таван хошуу малын ДНХ орчин үеийн ДНХ-гийн залгамж холбоо байгаа эсэхийг тогтоосон судалгааны үр дүнгээр имфакт фактор өндөртэй сэтгүүлд өгүүлэл хэвлүүлэх	1	Эрдэм шинжилгээний өгүүлэл	1 өгүүлэл (хавсаргав) Монгол банк гадаад руу мөнгө шилжүүлэхгүй байгаа учир хүлэдэж байгаа	100%

Хавсралт 6





Эртний хүний гавлын ясны 3D скан хийж нүрний төрхийг гаргах

3 хэмжээст сканнерын тусламжтайгаар өгөгдсөн биетээс бүртгэж авсан цэгэн өгөгдлүүдийг математик аргаар боловсруулах боломжтой. Энэхүү боловсруулсан цэгэн өгөгдөл нь тухайн биетийн гурван хэмжээст загварыг өндөр нарийвчлалтай байгуулах боломжийг олгохоос гадна түүний тусламжтайгаар уг биетийн гадаргуун математик параметруудийг үнэлэх, тооцоолох боломжтой болно. Энэ нь тухайн биетийн өөрчлөлт, хувьсал, онцлог шинж чанар зэрэг олон чухал мэдээллүүдийг өгнө. Жишээлбэл, Зураг 1(а)-д Монголын газар нутгаас олдсон 3,000 орчим жилийн өмнөх (хожуу хүрлийн үе) эмэгтэй хүний толгойн яснаас байгуулсан 3 хэмжээст загварыг харуулсан байна. Нарийвчилсан тооцооллын үндсэн дээр тухайн ясны 2 нүдний ухархай орчмыг байгуулсан үр дүнг Зураг 1(б),(с)-ээс харж болно.