

Своеобразный Y-хромосомный портрет чукчей Камчатки

Исследование Y-хромосомного генофонда чукчей Камчатки выявило его своеобразие по отношению к генофондам соседних популяций (коряки, эвены). Вместе с тем, филогенетический анализ Y-STR гаплотипов основных линий обнаружил сходство камчатских чукчей с чукотскими чукчами и эскимосами. Несмотря на интенсивность межэтнических браков, распространение общих кластеров и близких гаплотипов указывает на неразрывную связь чукчей Камчатки и Чукотки. Она может быть обусловлена постоянным притоком генов из основного этнического ареала чукчей в северные районы Камчатки. Датировки трёх ветвей гаплогруппы N3, характерных для чукчей, указывают на рост численности популяции в течение последних 500–1500 лет. Источником минорного компонента генофонда чукчей, сближающего его с другими народами Камчатки, может быть либо недавний поток генов, либо наследие древнего населения северо-востока Азии.

Чукчи проживают на севере Камчатки, где полуостров смыкается с материком, это южная часть их этнического ареала. Проживают они в окружении других народов – это коряки, древнее коренное население Камчатского края, эвены, прибывшие сюда в течение последних двух веков, и более позднее пришлое население, в основном русские. Сравнение генофонда чукчей Камчатки с чукчами Чукотки может выявить степень сохранения их генофонда на периферии этнического ареала, а сопоставление с другими малочисленными народами Камчатки – коряками и эвенами – оценить интенсивность потока генов от них.

До сих пор изучался генофонд лишь чукчей Чукотки, камчатские чукчи не исследованы ни по одной генетической системе. При анализе демографической ситуации в Олюторском районе Камчатского края (обзор этой работы можно прочитать на сайте) было показано, что более половины браков чукчей Камчатки – межэтнические (в основном – с коряками или эвенами), поэтому можно было предполагать, что генетический поток к чукчам от других народов Камчатки очень велик. Анализ Y-хромосомного генофонда камчатских чукчей, реконструкции генетических потоков и датировке генетических линий посвящено исследование того же коллектива Медико-генетического научного центра и Института общей генетики РАН (руководитель работы профессор Е.В.Балановская), [опубликованное в журнале Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология.](#)

Образцы венозной крови мужчин-чукчей (N=54) были собраны в Олюторском районе Камчатского края и хранились в Биобанке Северной Евразии. В выборку включались только мужчины, предки которых на протяжении не менее трех поколений относили себя к чукчам. Их ДНК авторы работы проанализировали по 60 SNP и 17 STR локусам Y-хромосомы, анализ проведен методами многомерной статистики, картографии и филогенетики. Для сравнения привлечены собственные и литературные данные по Y-STR и полным последовательностям Y-хромосомы.

Чукчей Камчатки отличает малое разнообразие гаплогрупп Y- хромосомы: мажорный компонент генофонда представлен двумя вариантами гаплогруппы N3 – *N3a5b-B202* (57%) и *N3*-M178** (19%), практически отсутствующими в генофондах других народов Камчатки (рис. 1А). Оставшуюся часть генофонда чукчей Камчатки составляют: 13% – варианты гаплогруппы *C2-M217* (*C2-M48x(SK1066)*, *C2b1a1-F3918*, *C2*-M217**); 7% – гаплогруппа *Q-M242*; по 2% – гаплогруппы *O-P31* и *I2-P37.2*

Анализ генетических расстояний выявляет значительное своеобразие чукчей Камчатки. Со всеми популяциями сравнения, представляющими Приамурье, Охотское побережье и Камчатку, у чукчей нет явного генетического сходства по Y-хромосоме. Они значительно отличаются даже от ближайших к ним по географии и по языку коряков Камчатки (рис. 1Б). Поскольку такую генетическую обособленность чукчей Камчатки задают гаплогруппы *N3a5b-B202* и *N3*-M178**, далее авторы рассматривают их по быстрому мутирующим STR-маркерам Y-хромосомы в контексте своих и литературных данных по окружающим популяциям.

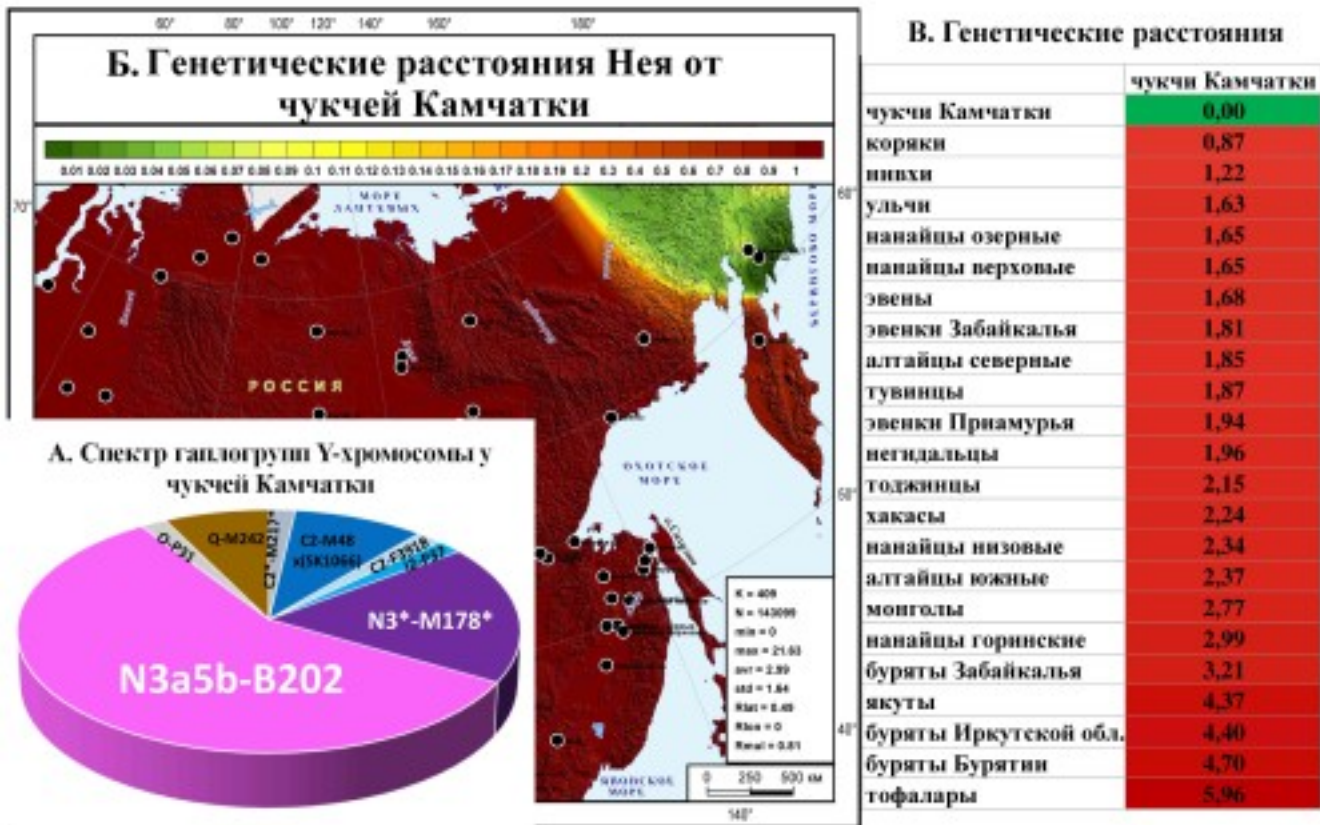


Рис. 1. Характеристика генофонда чукчей Камчатки по всему спектру гаплогрупп: А. Спектр гаплогрупп Y-хромосомы у чукчей Камчатки Б. Карта генетических расстояний Нея от чукчей Камчатки в масштабе Северо-Восточной Азии. В. Таблица генетических расстояний Нея от чукчей Камчатки до популяций Сибири.

На филогенетической сети гаплогруппы *N3* – *N3a5b-B202* прослеживаются две ветви, образцы которых распределены по двум кластерам: α и β . Кластер α включает образцы чукчей Камчатки и Чукотки, коряков Камчатки и Магаданской области и ительмена, обладает выраженным гаплотипом основателя (встречен преимущественно у чукчей). В кластере β встречены преимущественно чукчи Камчатки, в меньшем числе – чукчи и эскимосы Чукотки, а также единичные образцы коряков (Камчатки и Магаданской области). Гаплотип основателя кластера β обнаружен у магаданского коряка, чукотского чукчи и эскимоса. Датировка всей сети *N3a5b-B202* – 1500 ± 500 лет, кластера α – 600 ± 250 лет, кластера β – 1400 ± 800 лет.

На филогенетической сети гаплогруппы *N3*-M178** большинство образцов объединяются в основной кластер γ , включающий образцы чукчей Камчатки и Чукотки, коряка и эвена Камчатки, эвенов Магаданской области, эвенков и юкагиров. При этом все, за исключением одного, образцы из кластера γ являются носителями вариантов *N3*-M178** и *N3a2'6* (рис. 3Б). Гаплотип предполагаемого основателя (и кластера γ , и всей сети) встречен в основном у чукчей Камчатки (N=8), также – у коряка и эвена Камчатки (рис. 3А). Авторы отмечают, что все гаплотипы чукчей Камчатки вошли в состав кластера γ , что на данном уровне анализа означает их принадлежность к одной новой ветви внутри гаплогруппы *N3-M178*. Возраст кластера γ составляет 800 ± 300 лет, а всей сети – 1500 ± 500 лет.

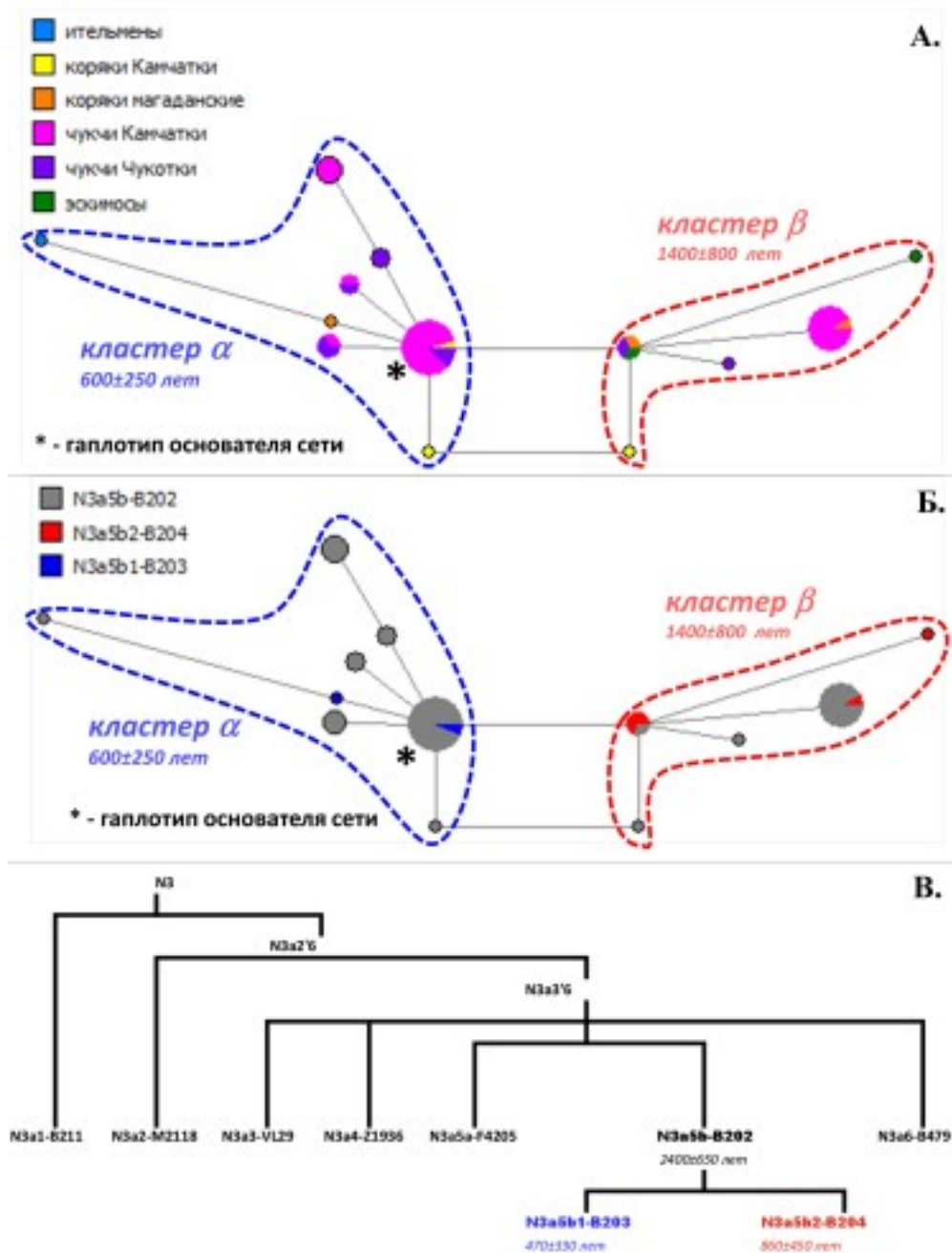


Рис. 2. Филогенетическая сеть (А, Б) гаплогруппы N3a5b-B202 и схема гаплогруппы N3 (В): А. Филогенетическая сеть гаплогруппы N3a5b-B202, где разными цветами показаны популяции, откуда происходят носители образцов; Б. Филогенетическая сеть гаплогруппы N3a5b-B202, где разными цветами показаны известные SNP-маркеры для тех же самых образцов; В. Филогенетическая схема гаплогруппы N3 с указанием изученных внутри неё ветвей (приводится по [Пумяе et al., 2016]), в том числе – линий внутри N3a5b-B202

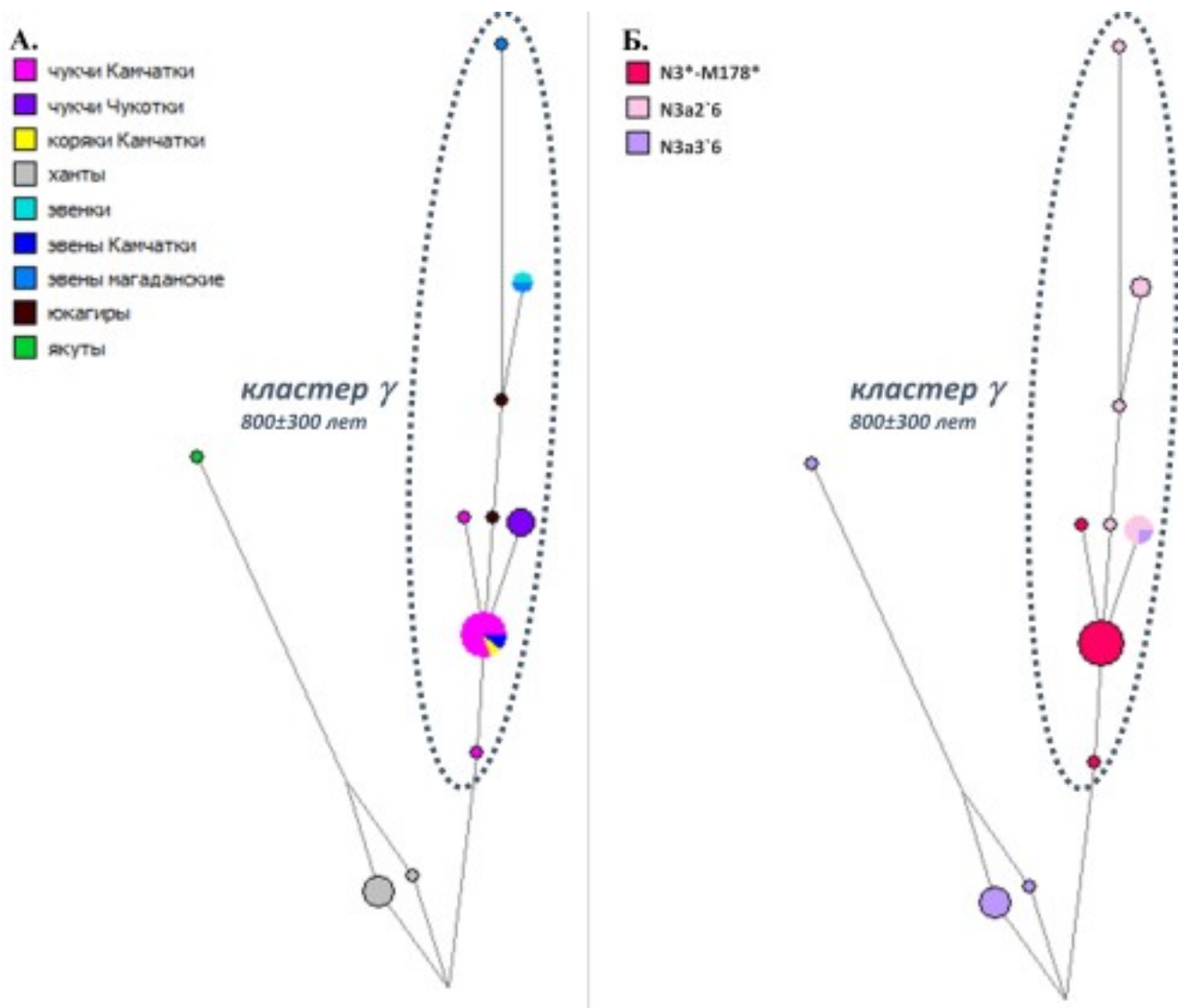


Рис. 3. Филогенетическая сеть варианта $N3^*-M178^*$: А. Разными цветами показаны популяции, откуда происходят образцы на сети; Б. Разными цветами показаны генотипы для тех же самых образцов по SNP-маркерам.

Исследование продемонстрировало сходство Y-хромосомных генофондов чукчей Камчатки и чукчей и эскимосов Чукотки. У чукотских и камчатских чукчей отмечается высокая частота гаплогруппы $N3a5b-B202$, наличие обеих ветвей $N3a5b1-B203$ и $N3a5b2-B204$; множество идентичных и близких гаплотипов внутри этих ветвей. Сходство прослеживается и на филогенетической сети $N3^*-M178^*$, где в кластер γ вошли гаплотипы чукчей и Камчатки, и Чукотки (рис. 3А). В целом, особенности мажорной гаплогруппы $N3$ указывают на неразрывную связь чукчей Камчатки и Чукотки, что может быть обусловлено постоянным притоком генов из основного этнического ареала чукчей в северные районы Камчатки. Этот вывод согласуется с историческими данными.

Датировки филогенетических кластеров и ветвей по STR-маркерам определяют их возникновение в течение последних 500–1500 лет, что может быть косвенным указанием на демографический рост популяций чукчей в данный период. Увеличение численности населения могло сопровождаться его расселением за пределы основного ареала, в том числе на Камчатку.

Во всех трех кластерах – α , β , γ – близкие к чукчам или даже идентичные гаплотипы встречены у коряков: и камчатских, и магаданских. Появление общих с чукчами гаплотипов у коряков, скорее, является следствием браков между ними, чем наследием предковой чукотско-корякской общности. Иными словами, это выявляет генетический поток от чукчей в генофонд коряков, что согласуется с оценкой текущей демографической ситуации в поселениях коряков на севере Камчатки.

Не более четверти Y-хромосомных линий чукчей находится за пределами гаплогруппы N . Среди них наиболее интересны гаплогруппы $C2-M48x(SK1066)$ и $Q-M242$ (в совокупности менее 15%), обе распространены и в соседних популяциях: у коряков Камчатки, а также у эвенков и эвенков Дальнего Востока. Оценка времени и источника происхождения минорного компонента генофонда чукчей, сближающего его с другими народами Камчатки – недавний поток генов или же наследие древнего населения Северо-Востока Азии – требует дополнительного исследования аутосомных геномов и древнего населения

региона.

Источник:

Агджоян А.Т., Богунова А.А., Каменщикова Е.Н., Запороженко В.В., Богунов Ю.В., Балановский О.П., Балановская Е.В. Генетический портрет чукчей Камчатки (по развернутой панели маркеров Y-хромосомы) // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. 2021. № 1. С. 80-92. DOI: 10.32521/2074-8132.2021.1.080-092.

Статью можно скачать в [Библиотеке сайта](#)