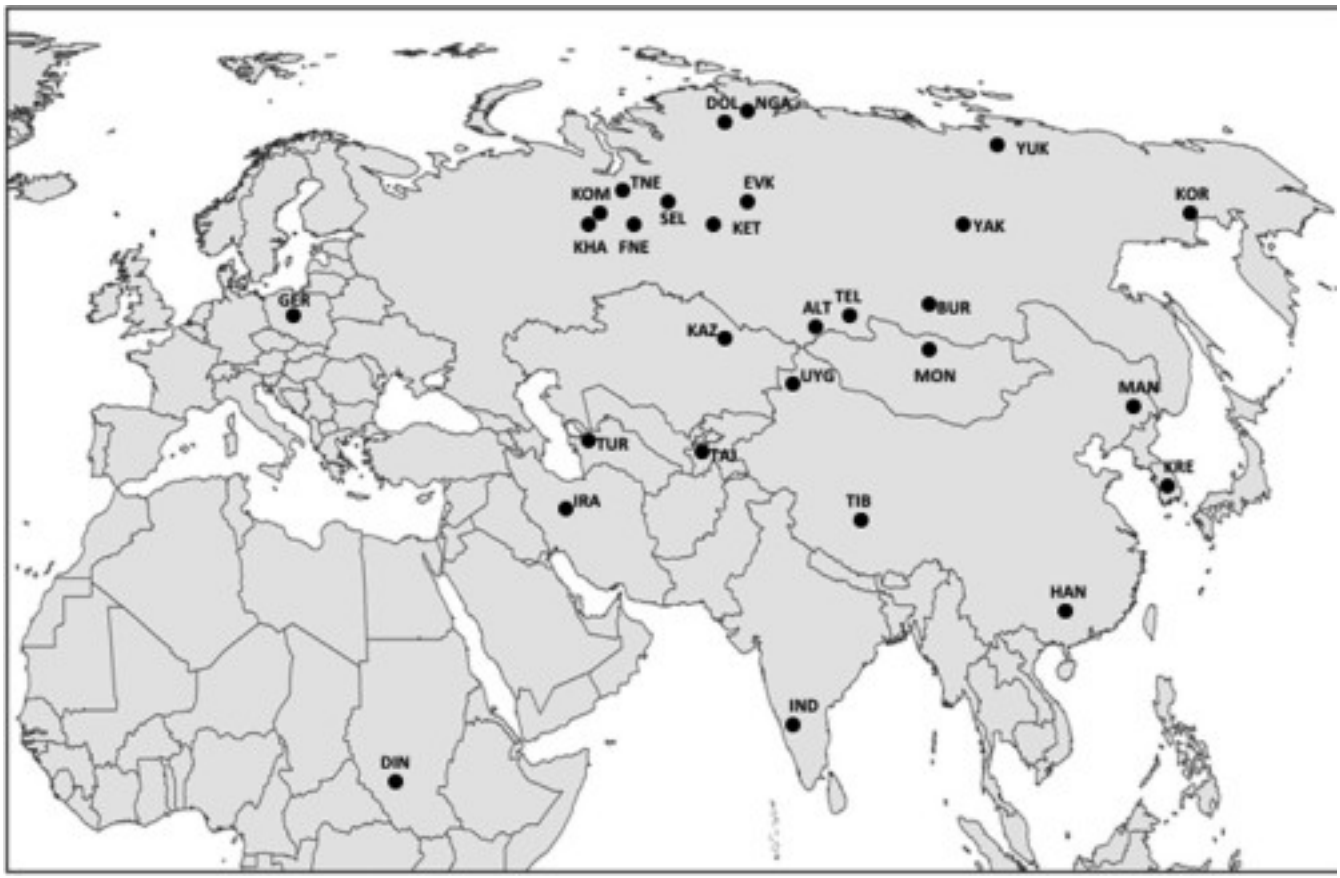
О генетическом разнообразии Сибири и происхождении самодийских народов

Исследование Y-хромосомных и аутосомных данных из популяций Сибири показало их высокое генетическое разнообразие. Одни их них (нганасаны, эвенки, юкагиры, коряки), по-видимому, в своей истории не испытали смешения с другими сибирскими популяциями; другие же хранят явные следы такого смешения. Популяции самодийских народов оказались различными по генетическим корням. Наиболее генетически близки лесные и тундровые ненцы; селькупы тяготеют к кетам из другой языковой группы; нганасаны проявляют наибольшее сходство с эвенками и юкагирами.

Статья, опубликованная в журнале American Journal of Human Biology (Karafet et al., 2018), посвящена генетическому разнообразию популяций Сибири и происхождению народов, говорящих на языках самодийской группы. Самодийские языки относятся к уральской языковой семье и делятся, в свою очередь, на две ветви. К народам северной ветви относятся ненцы, энцы и нганасаны, живущие на полуострове Таймыр. Ненцы делятся на тундровых (оленеводы) и лесных (охотники-рыболовы). Нганасаны живут в тундровой зоне в центре полуострова Таймыр. Энцы – практически исчезнувший народ (по переписи 2010 года их насчитывается 200 человек). Самый южный народ самодийский семьи – селькупы, ареал которых доходит до Южной Сибири. Считается, что предки селькупов мигрировали в зону тайги с юга в начале первого тысячелетия н.э.

Изучение генофонда сибирских народов до сих пор в основном базировалось на маркерах Y-хромосомы и митохондриальной ДНК. В данной работе наряду с Y-хромосомными исследовали аутосомные маркеры однонуклеотидного полиморфизма (SNP) из 15 популяций Сибири и Монголии в сравнении с популяциями из Европы, Ближнего Востока, Центральной и Южной Азии. В том числе образцы ДНК были собраны в четырех самодийских популяциях: нганасаны, тундровые ненцы, лесные ненцы и северные селькупы. Исследователи ставили перед собой задачи охарактеризовать генетическое положение популяций Сибири и проверить гипотезы происхождения самодийских народов.



Изученные популяции на карте: Сибирь: ALT- Алтай-Кижи, BUR — буряты, DOL- долгане, EVK — эвенки, FNE – лесные ненцы, KET — кеты, KHA — ханты, KOM — коми, KOR — коряки, MON — монголы, NGA — нганасаны, SEL — селькупы, TEL — телеуты, TNE – тундровые ненцы, YAK — якуты, YUK – юкагиры. Центральная Азия: KAZ — казахи, TAJ — таджики, TUR — туркмены, UYG – уйгуры. Восточная Азия: HAN – китайцы хань, KRE — корейцы, MAN — манчжуры, TIB – тибетцы. Ближний Восток: IRA – иранцы. Европа: GER – немцы. Южная Азия: IND – индусы. Африка – YRI – динка.

В общей сложности 330 образцов были генотипированы по 567 097 SNP на платформе Affymetrix. Образцы из остальных регионов, ранее генотипированные, были добавлены в анализ для сравнения.

Авторы провели анализ главных компонент методом «drop one in», разместив в одном генетическом пространстве образцы из 27 современных популяций и из 6 древних популяций (археологические культуры: афанасьевская, андроновская, карасукская, окуневская, верхнепалеолитические образцы Мальта и Усть-Ишим). На графике древние образцы обозначены крупными квадратами разных цветов. Современные популяции, обозначенные более мелкими значками разных цветов, разместились в близком соответствии со своим географическим положением с севера на юг и с запада на восток.

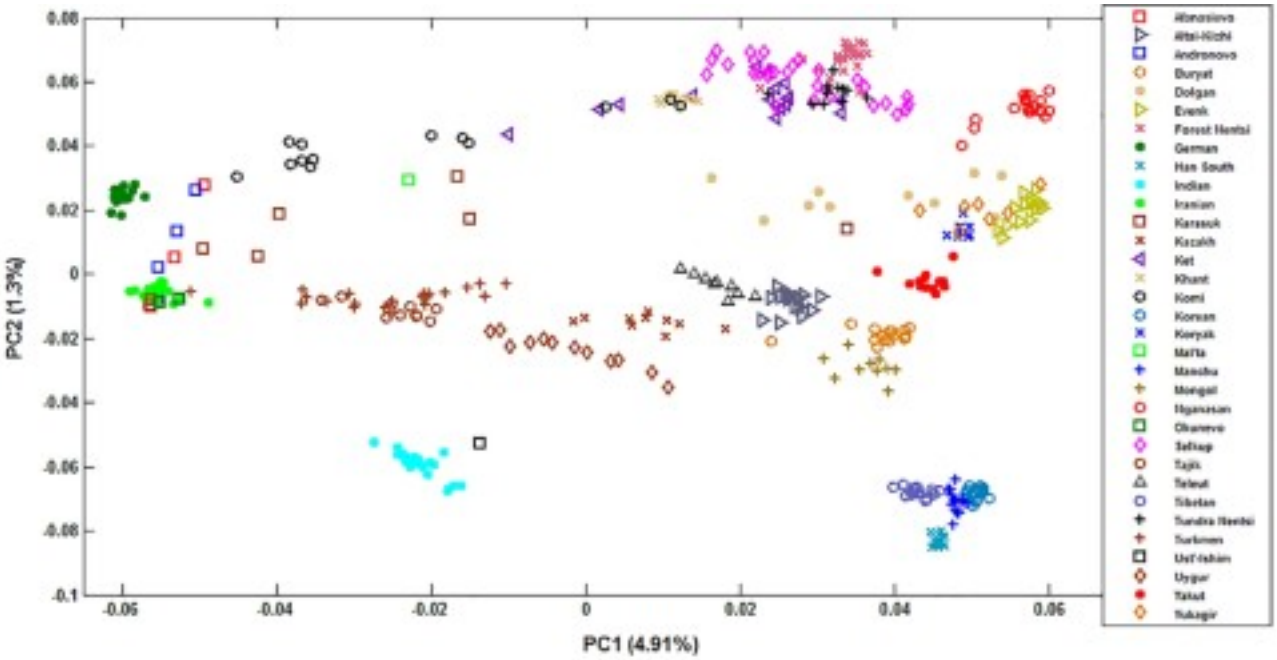


График анализа главных компонент. 27 современных популяций обозначены более мелкими значками (см. легенду). 6 древних популяций обозначены более крупными квадратами разных цветов (см. легенду).

Авторы отмечают, что для популяций Сибири характерно высокое генетическое разнообразие, что можно объяснить эффектом основателя, эндогамией и дрейфом генов, возникающих в популяциях малого размера в условиях относительной изоляции.

По современным популяциям они обнаружили такие закономерности. Монголоязычные буряты генетически близки к монголам, тюркоязычные алтай-кижи и телеуты тяготеют к тюркоязычным популяциям Центральной Азии. Тунгусоязычные эвенки группируются с популяциями Центральной и Восточной Сибири и перекрываются с юкагирами. Уралоязычные популяции образуют обширный кластер, в котором коми тяготеют к европейцам, а ханты близки к селькупам, тундровым и лесным ненцам. Кеты генетически смешиваются с селькупами. Нганасаны формируют отдельный кластер, близкий к эвенкам, юкагирам и корякам.

А вот что показывают древние геномы. Усть-Ишим не слишком близок к современным сибирским популяциям, но входит в кластер с индусами (Южная Азия). Образец Мальта занимает промежуточное положение между современными западными евразийцами, группами из Центральной Азии и Западной Сибири. Образцы энеолита и бронзового века (афанасьевская, окуневская и андроновская культуры из региона Алтая-Саян) формируют кластер, генетически близкий к современным иранцам и немцам. А образец культуры Карасук бронзового века находится посередине между Европой, Центральной Азией и Сибирью.

Далее, авторы провели и анализ ADMIXTURE, выявляющий предковые генетические компоненты в популяциях при заданном их числе (К). На рисунке показаны эти компоненты для изученных популяций при К=3-7. Сибирский генетический компонент появляется в популяциях при К=4 (розовый цвет) и максимально выражен в геноме нганасан. При К=5 сибирский компонент делится на два: остается «нганасанский» и появляется «селькупо-кетский» (желтый цвет), характерный для западносибирских популяций. При К=6 возникает компонент, выраженный у ненцев и хантов (малиновый цвет).

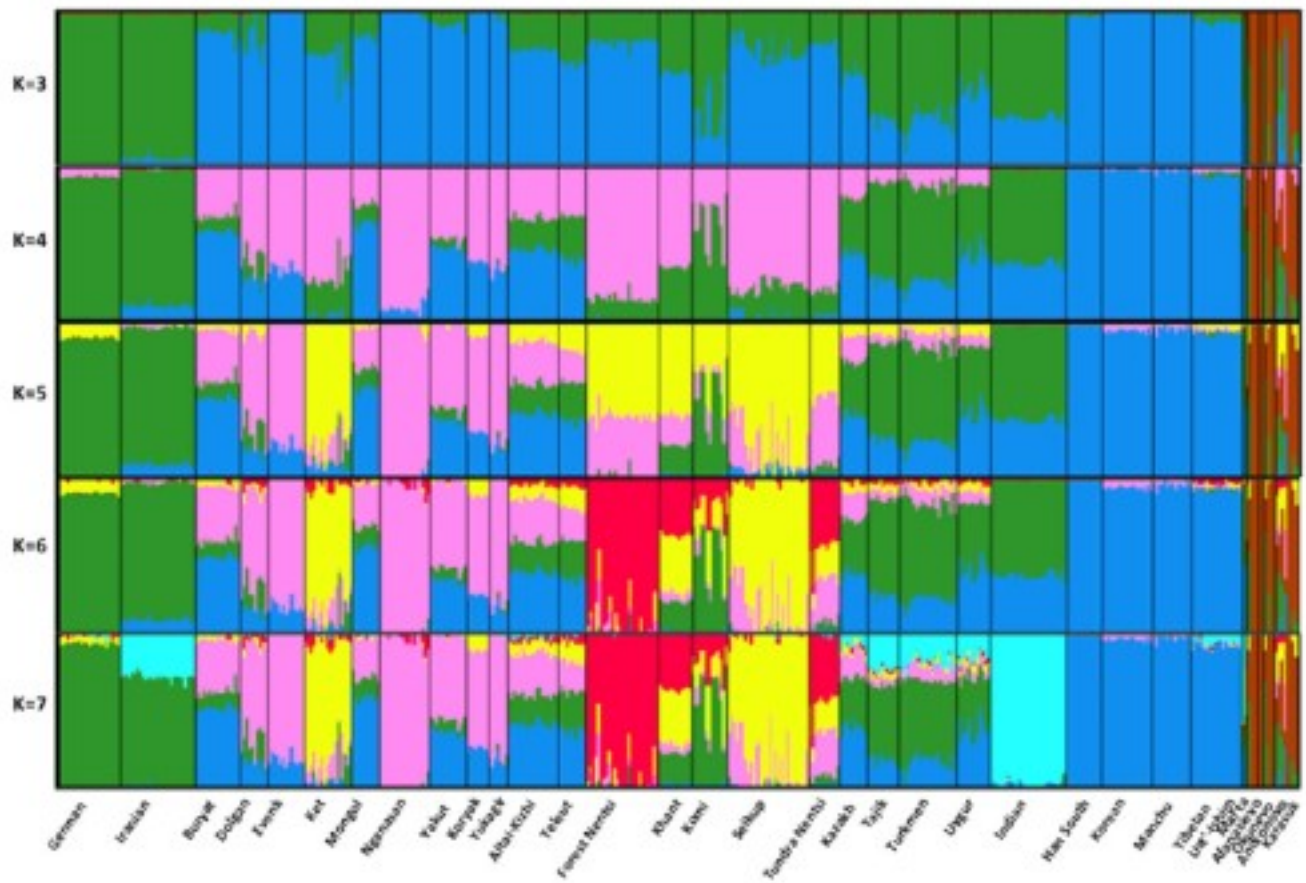
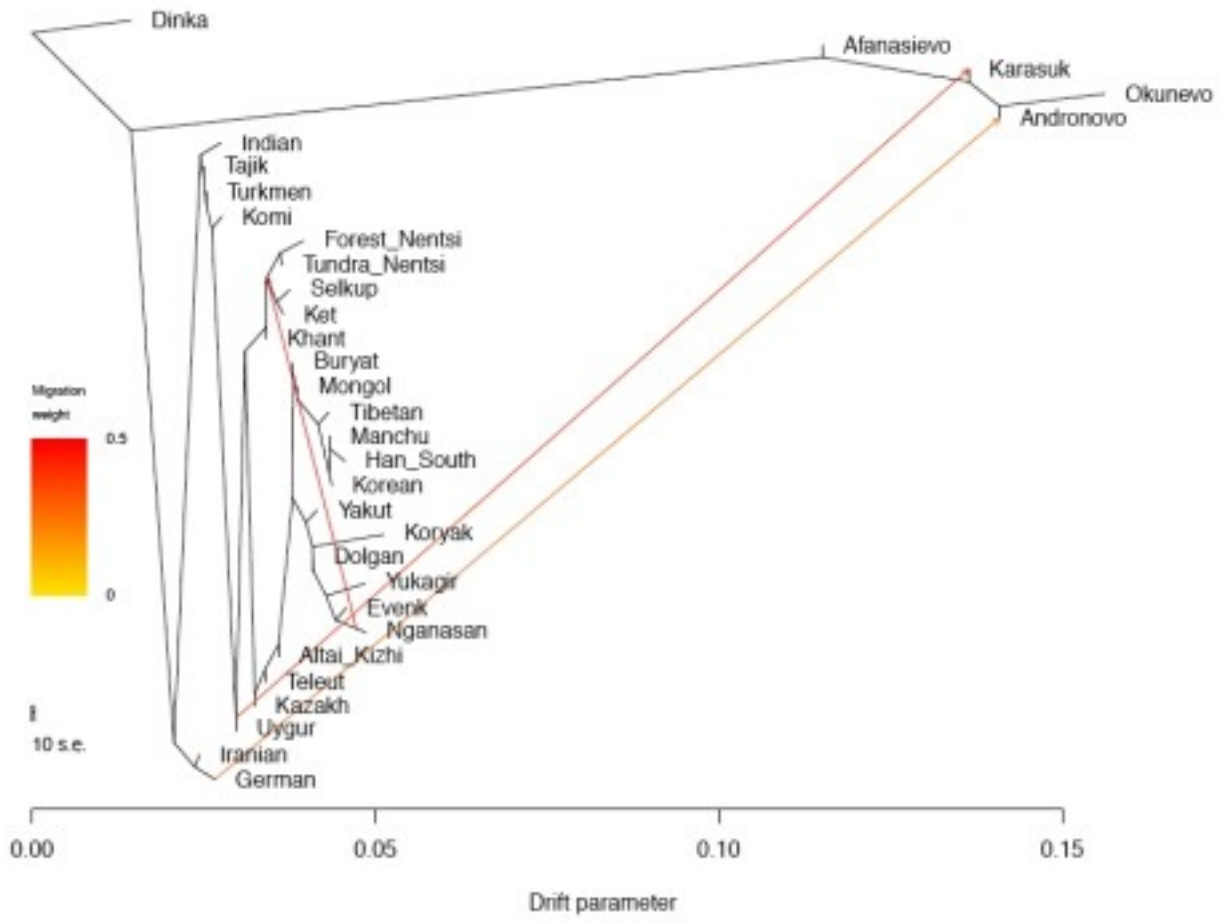


График анализа ADMIXTURE современных и древних популяций Сибири при К=3 – К=7 (заданное число предковых компонентов).

Для реконструкции разветвления и смешения популяций авторы использовали метод TreeMix, построив филогенетическое дерево популяций по методу максимальной вероятности. Африканскую популяцию динка приняли за аутгрупп (внешнюю группу сравнения). На дереве сразу отделяется ветвь древние сибирские популяции энеолита и бронзового века. Большинство современных сибирских популяций разделяется на две ветви. В одну попали самодийские тундровые и лесные ненцы, селькупы и кеты; в другую – нганасаны, эвенки, юкагиры, долгане, коряки, якуты, монголы.



Филогенетическое дерево популяций, построенное по методу TreeMix.

Авторы приходят к выводам, что некоторые популяции народов Сибири (нганасаны, эвенки, юкагиры и коряки), по-видимому, не испытали в своей истории заметного смешения с другими сибирскими популяциями. Другие же, напротив, хранят следы множественных смешений, и чаще всего с нганасанами или эвенками.

Разнообразие гаплогрупп Y-хромосомы

Наиболее часто у изученных сибирских народов встречаются четыре гаплогруппы (N = 46.2%; C = 20.9%; Q = 14.4% и R = 15.2%).

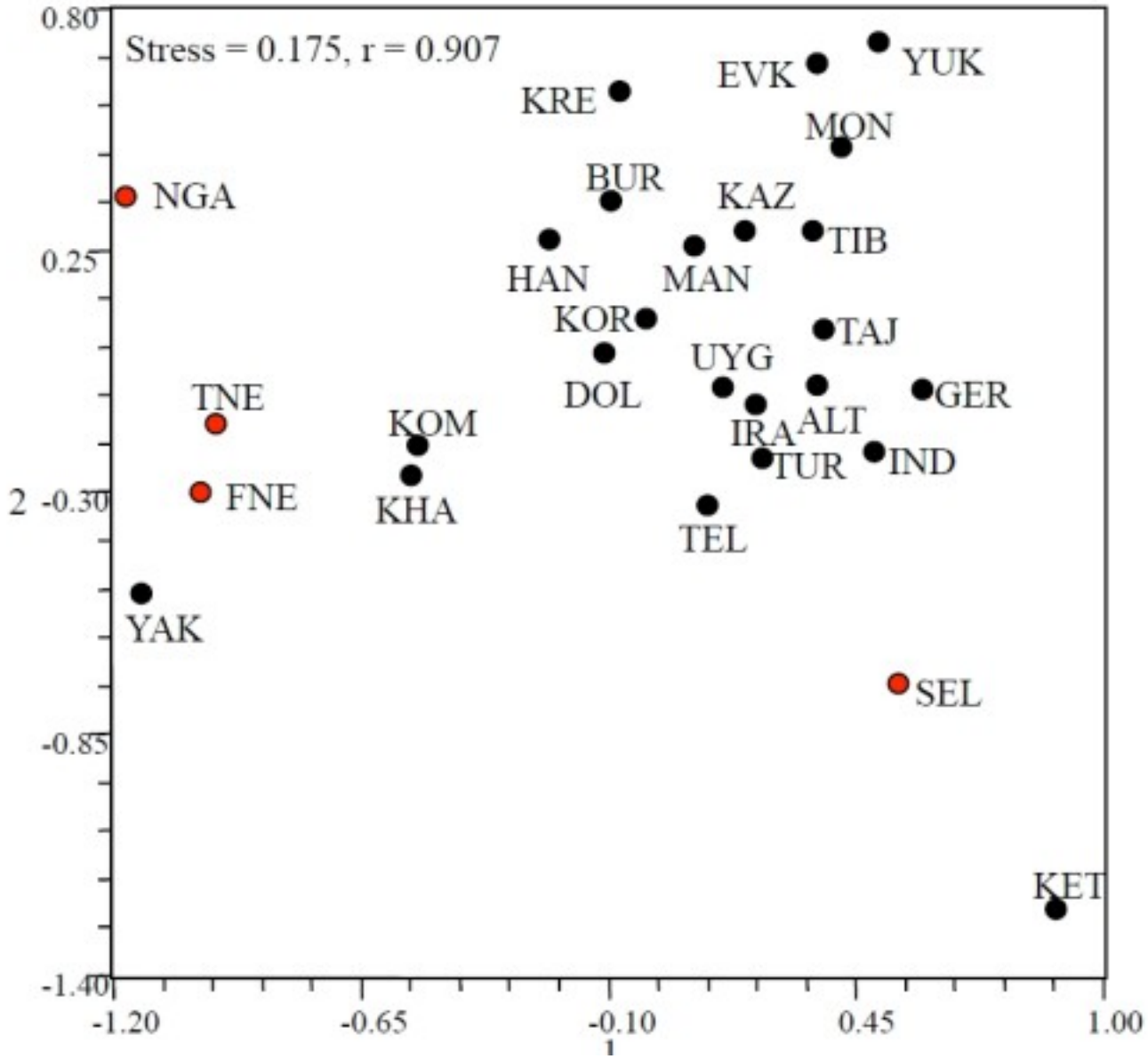
Гаплогруппа N широко распространена по всей Сибири и Восточной Европе и достигает максимума у нганасан (94,1%) и якутов (91,9%). В пределах Сибири две сестринские ветви: N-P43 и N-L708 распределены таким образом: N-P43 приурочена к Северо-Западной Сибири, охватывая Волго-Уральский регион и полуостров Таймыр, но не заходит в Восточную Сибирь; N-L708 широко распространена не только в Сибири, но и в других регионах северной Евразии.

Гаплогруппа C доминирует у бурятов (61,3%), эвенков (69,2%) и юкагиров (80%), со средней частотой она встречается в Центральной и Восточной Азии. Гаплогруппа Q, характерная для американских индейцев, встречается в 10 сибирских популяциях, а максимума достигает у кетов (97,7%) и селькупов (66,7%). Присутствие в Сибири гаплогруппы R ограничено регионом Алтая и Западной Сибирью, она максимальна у телеутов (70%) и алтайцев (46,8%).

Авторы отмечают, что в самодийских популяциях нельзя выделить определенные Y-гаплогруппы-основатели. Частота N-P63 высока у нганасан (88,8%) и средняя у лесных ненцев (37,8%). N-P362 и N-L1034 с высокими частотами отмечаются у тундровых ненцев (51,1% и 23,4%, соответственно). Q-L54 с частотой 66,6% доминирует у селькупов.

Многомерный анализ по маркерам Y-хромосомы расположил популяции Сибири в соответствии с величиной генетических расстояний между ними таким образом. Самодийские популяции на рисунке обозначены красными точками, остальные – черными. Наиболее генетически близки лесные и тундровые ненцы; селькупы тяготеют к кетам; нганасаны расположились

отдельно от всех, но на наименьшем расстоянии они находятся от тундровых ненцев. Надо сказать, что этот результат отличается от результата анализа главных компонент по аутосомам, в соответствии с которым нганасаны наиболее близки к эвенкам и юкагирам.



Многомерный анализ популяций Сибири на основе генетических расстояний по маркерам Y-хромосом. Самодийские популяции обозначены красными точками, остальные – черными.

О происхождении самодийских народов

Большинство этнографов и антропологов считают, что все самодийские народы являются потомками коренных палеолитических популяций, которые были ассимилированы древними самодийскими племенами, пришедшими из Южной Сибири в середине первого тысячелетия н.э. Первые поселения на полуострове Таймыр ранее датировались временем 6000 лет назад, но последние археологические находки показывают, что люди могли жить в Северной Сибири намного раньше. Кочевые оленеводческие племена, говорящие на самодийских языках, вероятно, распространились на землях местных охотников в Западной Сибири и на полуострове Таймыр. Взаимодействие между аборигенами и самодийскими племенами могло быть разным в тех или иных регионах, что привело к разной степени генетического смешения между этими группами. Это же взаимодействие привело к распространению самодийских языков.

Результаты проведенного генетического исследования в целом согласуются с этой гипотезой. И в рамках ее авторы выдвигают свои гипотезы относительно происхождения конкретных самодийских народов.

Нганасаны, вероятно, являются прямыми потомками палеолитической популяции охотников на диких северных оленей, которая была ассимилирована пришлыми самодийскими племенами, передавшими ей свой язык. Язык и материальная культура нганасан предполагают доисторические контакты с популяциями тунгусов и юкагир.

Тундровые и лесные ненцы – потомки того же аборигенного племени, от которого происходят нганасаны, но с большим генетическим вкладом самодийских племен. У лесных ненцев 58% составляет генетический компонент, который прослеживается по самодийским кланам, и 42% — компонент, прослеживаемый по кланам аборигенного происхождения.

Генетическая история селькупов, вероятно, отличается от таковой у нганасан и ненцев. Есть версия, что селькупы не ассимилировали аборигенный генофонд Западной Сибири, но скорее, представляют собой прямых потомков южных самодийских племен. Некоторые подтверждения этой версии получены из генетики. Селькупы генетически близки с кетами, говорящими на языке енисейской группы, что говорит в пользу их общего происхождения.

В рамках работы генетики оценивали также уровень гомозиготности в разных популяциях, и в некоторых оценили его как довольно высокий. Наиболее высок он у ненцев, что не удивительно, так как примерно 8% браков у ненцев заключаются между близкими родственникми.

Наконец, авторы, как и следовало ожидать, нашли в геномах популяций Сибири множественные адаптации к низким температурам, сезонным колебаниям освещенности и ограниченным ресурсам пищи. Так, например, они обнаружили признаки положительного отбора в генах PLIN1 и PLA2G2A, кодирующих белки-регуляторы метаболизма липидов и фосфолипидов. Оба гена оказывают влияние на жировой обмен и обеспечивают приспособление организма к высокому содержанию животных жиров в рационе, что характерно для северных народов.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Karafet T.M., Osipova L.P., Savina O.V., Hallmark B., Ham M.F. **Siberian genetic diversity reveals complex origins of the Samoyedic-speaking populations //** Am J Hum Biol. 2018 Nov 8:e23194. doi: 10.1002/ajhb.23194

Текст статьи можно найти в Библиотеке сайта