

Нанайцы Дальнего Востока: генетическая реконструкция происхождения двух крупнейших кланов

[Елена Балановская](#)

Реконструкция генетической истории нанайцев – наиболее многочисленного коренного народа Приамурья – проведена по Y-хромосоме, наследующейся так же, как и принадлежность к роду: по отцовской линии. По данным этнографии два самых крупных клана (родовых объединений) нанайцев — *бельды* и *самар* — не имеют общих корней. Однако их генетические портреты оказались похожими: в генофондах обоих кланов преобладает специфичная для Приамурья гаплогруппа N3a6. Более того, по генетическим расстояниям, рассчитанным по всему спектру гаплогрупп, оба клана близки друг к другу и равно удалены от других коренных народов Приамурья. Однако на сети Y-STR гаплотипов носители гаплогруппы N3a каждого клана образовали собственные кластеры, не пересекающиеся друг с другом. Это позволило выдвинуть гипотезу о двух независимых путях миграции носителей гаплогруппы N3a, разделенных во времени: датировки кластеров указывают, что клан *самар* (1400 ± 500 лет) может быть «старше», чем клан *бельды* (800 ± 500 лет).

Мы уже не раз писали о работах, в которых проводилось параллельное изучение наследующихся по отцовской линии вариантов и Y-хромосомы, и родов – у народов, сохранивших историческую память о родовой структуре – [казахов](#), [тувинцев](#), [башкир](#) и др. К таким народам относятся и нанайцы — коренной этнос Дальнего Востока. Генофонд двух крупнейших родовых групп (кланов) нанайцев исследован специалистами Медико-генетического научного центра и Института общей генетики РАН при участии коллег из российских научных организаций (Комсомольск-на-Амуре, Новосибирск, Кызыл, Уфа) и Казахстана. Статья с результатами работы опубликована в журнале Генетика (первый автор Ю.В. Богунов, ведущий автор профессор Е.В. Балановская).

Нанайцы – наиболее многочисленный коренной этнос Приамурья (современная численность около 12 тыс. человек). Предполагается, что в его формировании приняли участие племена, говорившие на тунгусских, маньчжурских, палеосибирских, айнских и тюркских языках. Такое многообразие корней привело к тому, что локальные и родовые группы нанайцев различаются по культуре и языку. По мнению Л.Я. Штернбергера, нанайцы – это «конгломерат родов самого различного происхождения».

Авторы работы исследовали генофонд двух крупнейших нанайских кланов – *бельды* (*бэлдай*) и *самар* (*самагир*): в конце XIX века они объединяли более половины амурских нанайцев. По данным этнографии эти два самых крупных клана нанайцев не имеют общих корней.

Клан *бельды* – самый большой у нанайцев — насчитывал к концу XIX в. около тысячи человек и включал 47 родов (самые крупные из них – *актанко* и *перменко*). Представители клана *бельды* встречаются и у других амурских народов – орочей и ульчей. Этнографы и историки предполагают, клан *бельды* сформировался на основе трех компонентов: автохтонного, тунгусоязычного и приморского (включая айнов).

Клан *самар* – второй по численности среди нанайцев – насчитывал к концу XIX в. около 400 человек. Этнографы ведут их происхождение от тунгусоязычных популяций Забайкалья, ассимилировавших аборигенное население левого притока Амура (р. Горин) и прилегающих земель.

В ходе экспедиционного обследования было собрано 108 образцов венозной крови (70 – из разных родов клана *бельды* и 38 – из разных родов клана *самар*). Выделенную ДНК генотипировали по панели из 64 SNP маркеров и по 17 STR маркерам Y-хромосомы.

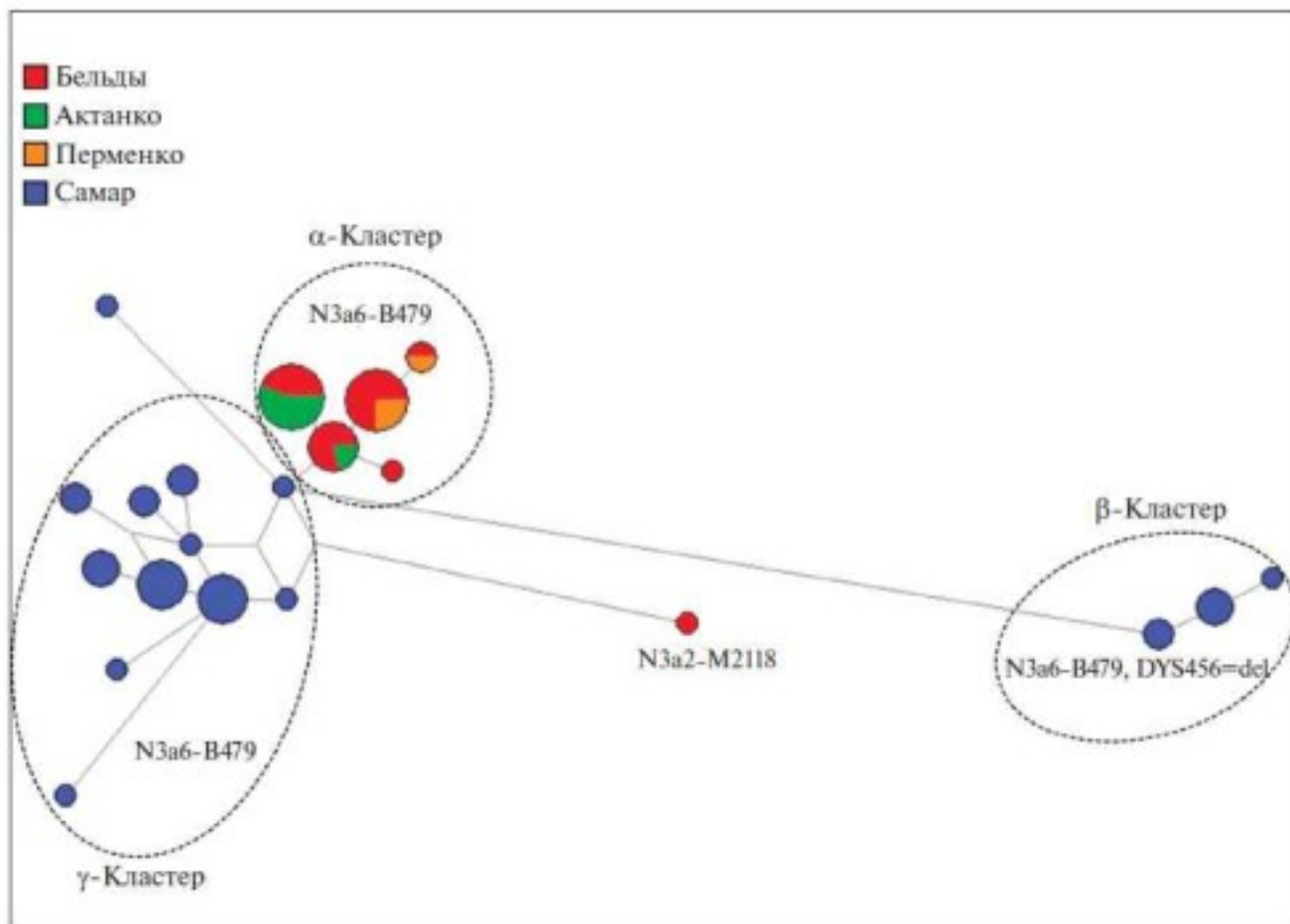
Анализ Y-хромосомного генофонда *бельды* показал, что на 98% он состоит из вариантов трех гаплогрупп: N3, C2 и O. Самая частая «североевразийская» гаплогруппа N3 (39%) представлена в основном специфичной для популяций Приамурья субветвью N3a6 (36%); другие субветви – N3a2, характерная для Северо-Восточной Сибири, Центральной Азии и Дальнего Востока, и восточноевропейская N3a3 – представлены единичными носителями. «Восточноевразийская» гаплогруппа C2 (37%) представлена четырьмя субветвями варианта C2b1a, характерного для коренных народов Сибири и Дальнего Востока. «Восточноазиатская» O (22%) представлена в основном субветвью O1 (12%) и единичными носителями других субветвей.

В генетическом портрете *самар* преобладает приамурская субветвь N3a6 — 84%. Остальные 16% их генофонда представлены единичными носителями гаплогрупп O1b, C2b1a и J2a1a.

Хотя по данным этнографии кланы *бельды* и *самар* не имеют общих корней, однако их генетические портреты оказались сходными: в их генофондах преобладает приамурская гаплогруппа N3a6 и на генетическую близость указывает небольшое

генетическое расстояние между ними ($d = 0.11$). При этом оба клана находятся на значительном генетическом расстоянии от остальных изученных авторами народов Приамурья, даже от ульчей и негидальцев, этнические ареалы которых пересекаются с нанайцами.

По STR гаплотипам наиболее частой гаплогруппы N3a6 исследователи построили филогенетическую сеть, которая выявила удивительную картину: каждый из кланов образовал свои собственные генетические кластеры, причем со 100%-ной специфичностью: ни один из представителей *бельды* и *самар* не попал в «чужой» кластер.



Филогенетическая сеть STR гаплотипов гаплогруппы N3a; родовая принадлежность индивидов обозначена цветом, указанном в легенде.

Таким образом, хотя в генофондах обоих кланов преобладает одна и та же гаплогруппа (N3a6), но гаплотипы в ее пределах у *бельды* и *самар* совершенно различны. На основе этого авторы выдвинули гипотезу о двух независимых путях миграции носителей гаплогруппы N3a, сформировавших два самых крупных клана нанайцев. Причем по времени эти миграции были разделены: возраст γ -кластера клана *самар* (1400 ± 500 лет) почти вдвое превышает возраст α -кластера *бельды* (800 ± 500 лет). На то, что клан *самар* более древний, чем *бельды*, указывает и более высокое гаплотипическое разнообразие вариантов N3a у *самар*.

В целом полученные результаты указывают, что генофонды обеих крупнейших родовых групп нанайцев во многом сходны, но это сходство сформировалось очень давно (некоторые данные указывают, что более 2000 лет назад) и не может проследиваться методами этнографии, пишут авторы. Миграции носителей «североевразийской» гаплогруппы N3a, во многом определившие генофонды кланов *самар* и *бельды*, были разделены как в пространстве, так и во времени.

Источник:

Богунов Ю.В., Жабагин М.К., Богунова А.А., Каменщикова Е.Н., Мальцева О.В., Беленикин М.С., Короткова Н.А., Дамба Л.Д., Юсупов Ю.М., Янковский Н.К., Балановский О.П., Балановская Е.В. Генофонд коренных народов Дальнего Востока:

генетическая реконструкция происхождения нанайских родов (бельды и самар) // Генетика. 2018. Т.54. Приложение. с. S99–S102. DOI: 10.1134/S0016675818130052.