

Эвенки Забайкалья и Приамурья оказались генетически схожи

Генофонды забайкальских и амурских эвенков, несмотря на их географическую удаленность, оказались сходными по Y-хромосоме. В генетическом пространстве Сибири и Дальнего Востока обе группы эвенков — вместе с эвенками Охотского побережья и Камчатки — близки к популяциям Приамурья и удалены от бурят, монголов, якутов и народов Южной Сибири.

Исследован генофонд эвенков – забайкальских и амурских, по SNP маркерам Y-хромосомы, статья с результатами работы специалистов из Института общей генетики РАН и Медико-генетического научного центра опубликована в журнале «Вестник Московского университета, серия Антропология».

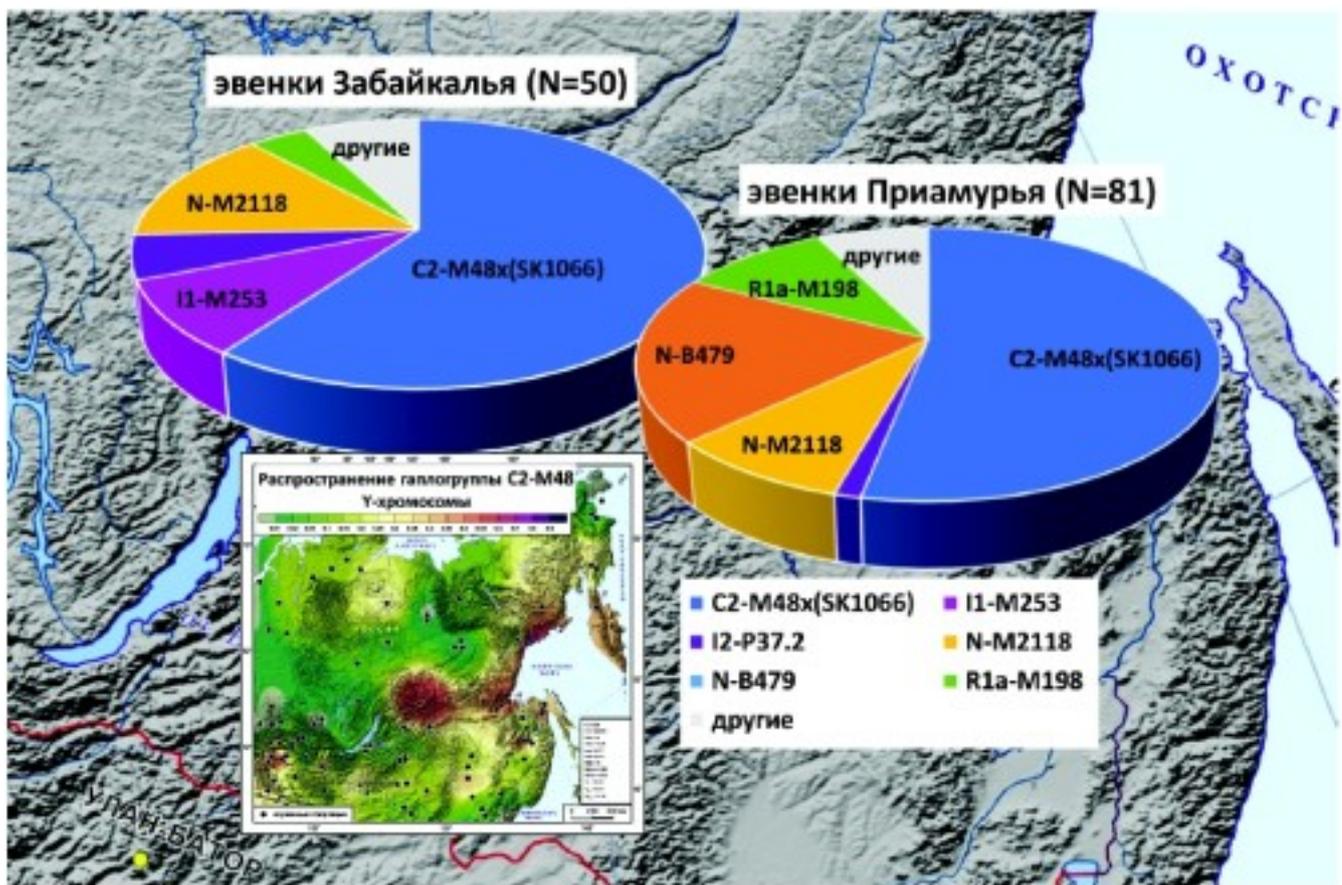
Эвенки – хотя и крайне малочисленный народ Сибири (38 тысяч человек по переписи 2010 года), но один из наиболее широко расселенных. Современный ареал эвенков охватывает Красноярский край, Якутию, Бурятию, Забайкальский и Хабаровский края, Амурскую область, север Монголии и Китая. Ареал эвенков условно подразделяют на западную и восточную части по линии река Лена – озеро Байкал. Везде эвенки проживают в близком соседстве со многими другими народами Сибири и Дальнего Востока. У эвенков и некоторых соседних народов есть целый ряд одинаковых названий родов.

Расселившись на столь обширной территории, эвенки перешли к разному хозяйственному типу: на самом севере они занимаются оленеводством, в тайге – охотой, на юге – скотоводством. Возникли и различия по языку: три наречия — северное, южное и восточное, и различия по признакам внешности и по классическим генетическим маркерам (частотам групп крови и вариантам иммуноглобулина).

Западные эвенки – в основном несколько популяций из Красноярского края и Якутии — изучены по тем или иным системам ДНК маркеров (митохондриальной ДНК, Y-хромосомы, аутосомных маркеров). Генофонд практически неизученных двух популяций восточных эвенков — забайкальских и амурских – впервые исследован в данной работе по единой обширной панели маркеров Y-хромосомы.

Были собраны образцы венозной крови 131 представителей забайкальских (50) и амурских (81) эвенков. В выборку включали неродственных между собой мужчин, три поколения предков которых относили себя к данному народу. ДНК анализировали по единой панели 60 SNP маркеров Y-хромосомы.

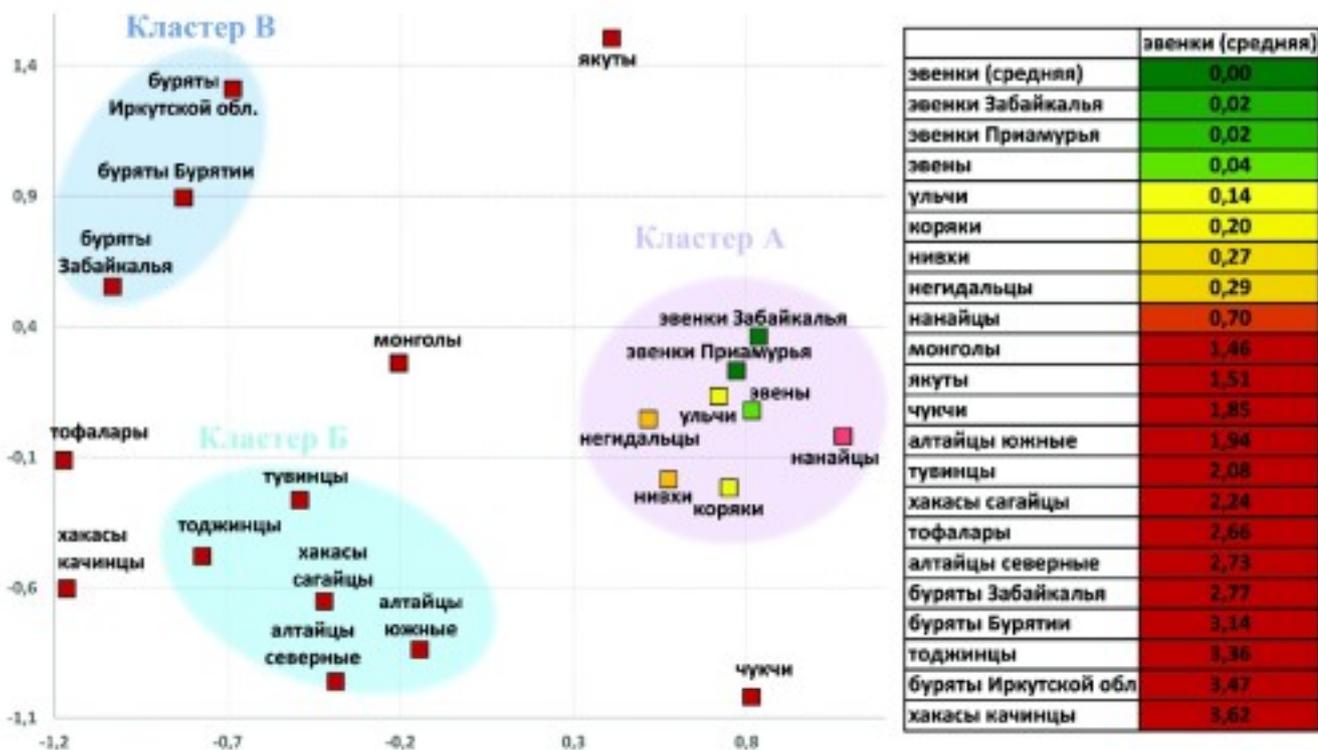
Как отмечают авторы, генофонды забайкальских и амурских эвенков оказались удивительно схожи. Две трети обоих генофондов состоят из гаплогрупп C2-M48 и N-M2118, причем в сходных соотношениях. Более частая гаплогруппа C2-M48, распространенная в популяциях Северо-Восточной и Центральной Азии, возникла около 13 тыс. лет назад. Вторая по частоте гаплогруппа N-M2118 (с датировкой около 4-5 тыс. лет назад) характерна для популяций Средней Сибири с пиком частоты у якутов. Основные различия в генетическом портрете забайкальских и амурских эвенков связаны с вкладом гаплогрупп N-B479 и R1a-M198, а также I1-M253 и I2-P37.2.



Y-хромосомные портреты двух изученных популяций эвенков (с картой распространения основной гаплогруппы в их генофондах).

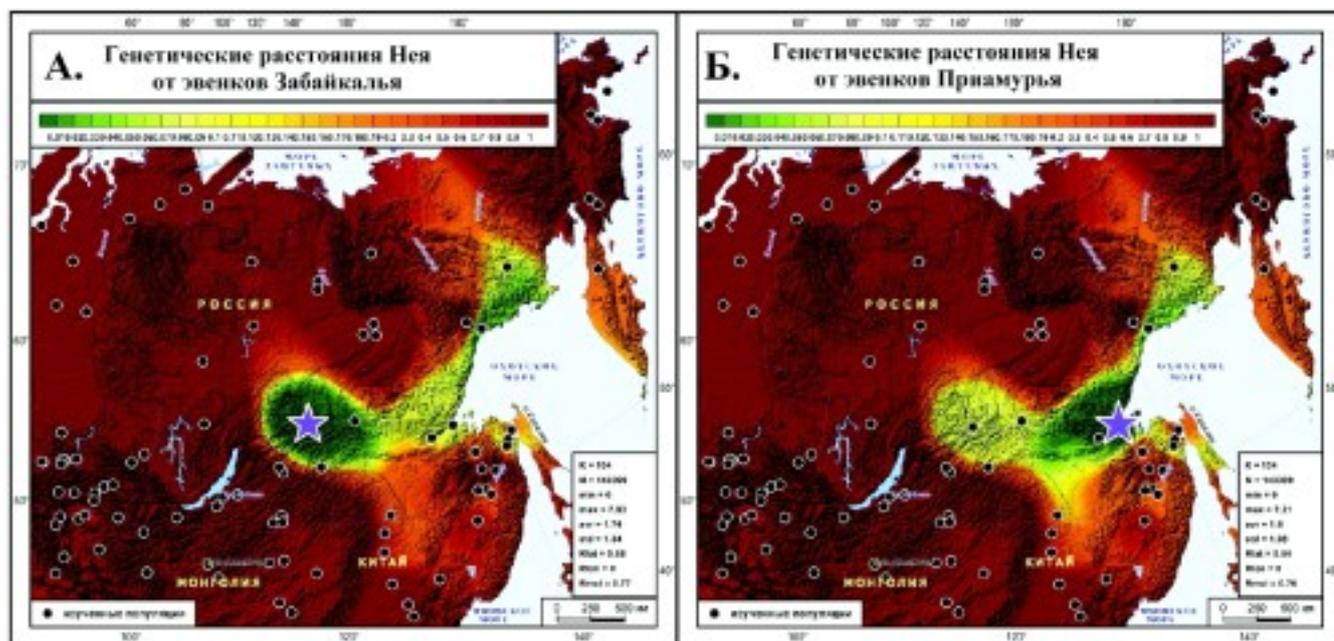
На графике многомерного шкалирования мы видим положение забайкальских и амурских эвенков среди других народов Сибири. В генетическом пространстве выделяются три кластера популяций: кластер А объединяет изученные группы эвенков с популяциями Приамурья и Камчатки, кластер Б включает популяции Южной Сибири (алтайцев, хакасов-сагайцев, тувинцев), кластер В – бурят Бурятии, Иркутской области и Забайкалья. Отдельно от этих кластеров на графике расположились популяции якутов, чукчей Камчатки, монголов, тофаларов и хакасов-качинцев.

Внутри кластера А две группы эвенков расположились в наиболее близком соседстве, а к ним ближе всего находятся эвены. Промежуточная степень сходства для эвенков отмечается с ульчами, коряками, нивхами, негидальцами. В тот же кластер входят нанайцы. При этом генетическое расстояние между забайкальскими эвенками и их ближайшими соседями бурятами Забайкалья в 2,5 раза больше, чем между забайкальскими эвенками и нанайцами, хотя последних разделяет более 1000 км, включая горные хребты и долины рек. Что касается популяций, не входящих в кластер А, то эвенки значительно генетически удалены как от северных групп (якуты, чукчи), так и от более южных (монголы, алтайцы).



Положение эвенков Забайкалья и Приамурья в генетическом пространстве Сибири (график многомерного шкалирования). Цветом выделены три основных кластера популяций. В правой части рисунка приведены генетические расстояния от усредненной популяции эвенков до каждой из групп сравнения. Более близкие популяции обозначены зелеными тонами, более далекие – красно-коричневыми тонами. Популяции на графике шкалирования обозначены теми же цветами.

Но ярче всего то, к каким популяциям близки генофонды восточных эвенков, показывают карты генетических расстояний. Генетически близкие к эвенкам популяции на этих картах обозначены зелеными тонами, а генетически далекие – красно-коричневыми (см. шкалу). Мы видим, что обе карты генетических расстояний (А и Б) от двух групп эвенков до окружающих популяций оказались удивительно сходными между собой. Наибольшее генетическое сходство две группы эвенков проявляют друг с другом, а также с эвенами Охотского побережья. Более слабое сходство отмечается с генофондами популяций Приамурья и севера Камчатки (ульчи, нивхи, нанайцы, негидальцы, удэгейцы, коряки севера Камчатки), а также с популяциями правобережья Амура. От всех остальных популяций Сибири и Центральной Азии эвенки генетически далеки (красно-коричневые тона).



Карты генетических расстояний от эвенков Забайкалья (А) и Приамурья (Б), построенные по частотам 30 гаплогрупп Y-

хромосомы. Ареалы популяций, генетически наиболее близких к эвенкам, обозначены желто-зелеными тонами, ареалы популяций, генетически удаленных от эвенков — красно-коричневыми тонами.

Обсуждая результаты, авторы подчеркивают, что такой паттерн генетического сходства связан, в первую очередь, с высокой частотой гаплогруппы C2-M48 у эвенков и генетически близких к ним популяций. Это могло стать результатом дрейфа генов, вероятно, в предковой для многих из них популяции. С другой стороны, как отмечают исследователи, внутри гаплогруппы C2-M48 может скрываться множество более молодых субвариантов, и в каждой популяции могут быть представлены свои субварианты. Выявить их поможет дальнейший анализ филогеографии этой гаплогруппы.

Вторая общая для забайкальских и амурских эвенков гаплогруппа (N-M2118) отражает их связь с популяциями Средней Сибири. Это может указывать на контакты предков эвенков с якутами либо на другие источники заимствования «среднесибирской» части генофонда.

Третья общая для двух групп эвенков гаплогруппа (R1a-M198), по мнению авторов, может либо восходить к палеолиту, либо отражать след ассимиляции мигрантов из европейской части за последние несколько столетий. Разобраться в этом опять же может только запланированный авторами анализ филогеографии ветвей этой гаплогруппы. На европейский след в генофонде эвенков Забайкалья указывает и гаплогруппа I1-M253, появившаяся в Европе в неолите.

Как отмечают исследователи, неожиданным оказалось близкое сходство эвенков Забайкалья с популяциями Дальнего Востока и при этом отдаленность от бурят, своих географических соседей. Это не подтверждает существующую гипотезу об ассимиляции бурятами эвенкийских родовых групп либо о включении бурятских родовых групп в состав эвенков.

Авторы выдвигают гипотезу, что эвенки Забайкалья и Приамурья сохранили «восточнотунгусский» генетический компонент, распространенный между Байкалом и Охотским побережьем и включенный в систему генофондов Дальнего Востока.

Источник:

Агджоян А.Т., Богунов Ю.В., Богунова А.А., Каменщикова Е.Н., Запорожченко В.В., Пылёв В.Ю., Короткова Н.А., Утриван С.А., Схяляхо Р.А., Кошель С.М., Балановский О.П., Балановская Е.В. Мозаика генофонда эвенков: забайкальский и амурский сегменты // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология. 2019. № 3. С. 67-76