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.

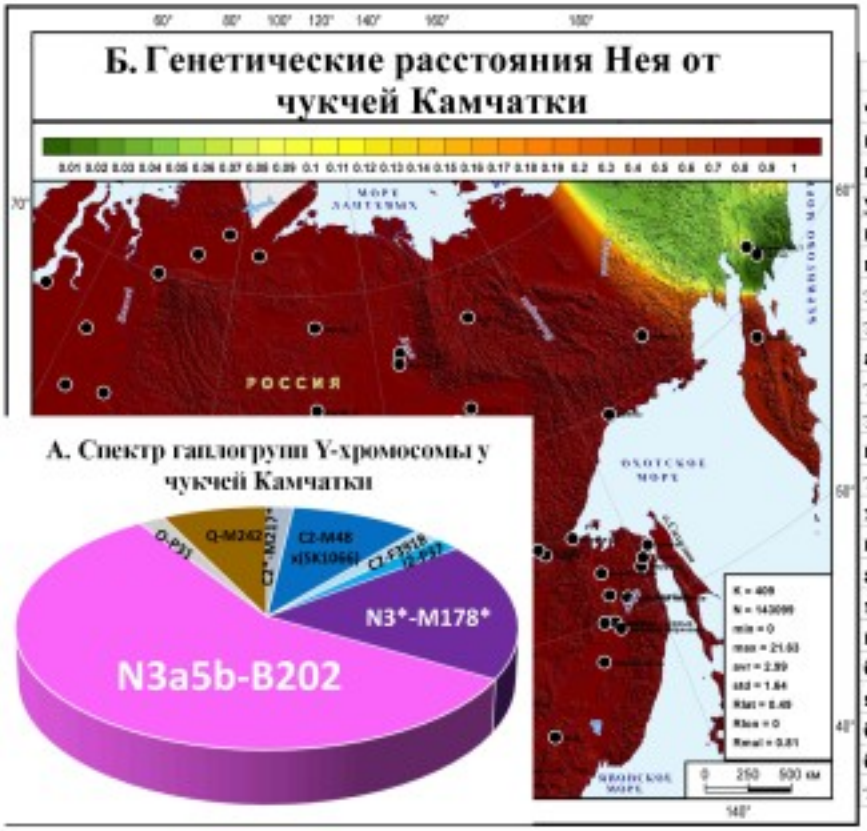
Чукчи проживают на севере Камчатки, где полуостров смыкается с материком, это южная часть их этнического ареала. Проживают они в окружении других народов – это коряки, древнее коренное население Камчатского края, эвены, прибывшие сюда в течение последних двух веков, и более позднее пришлое население, 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. Анализу 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 быстромутирующим STR-маркерам Y-хромосомы в контексте своих и литературных данных по окружающим популяциям.



В. Генетические расстояния

	чукчи Камчатки
чукчи Камчатки	0,00
коряки	0,87
нивхи	1,22
ульчи	1,63
нанайцы озерные	1,65
нанайцы верховые	1,65
эвены	1,68
эвенки Забайкалья	1,81
алтайцы северные	1,85
тувинцы	1,87
эвенки Приамурья	1,94
нетсидальцы	1,96
тоджинцы	2,15
хакасы	2,24
нанайцы низовые	2,34
алтайцы южные	2,37
монголы	2,77
нанайцы горинские	2,99
буряты Забайкалья	3,21
якуты	4,37
буряты Иркутской обл.	4,40
буряты Бурятии	4,70
тофалары	5,96

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.

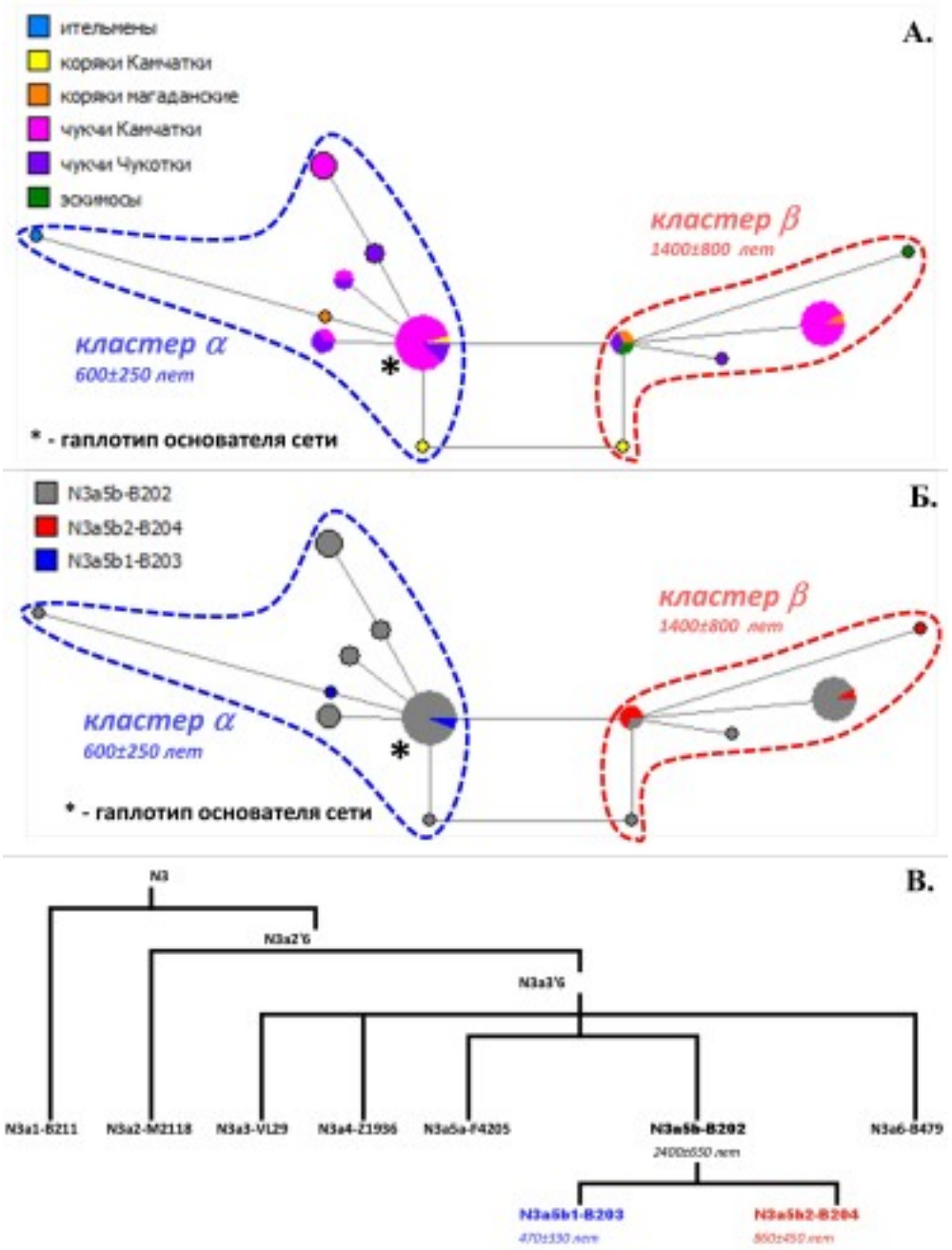


Рис. 2. Филогенетическая сеть (А, Б) гаплогруппы N3a5b-B202 и схема гаплогруппы N3 (В): А. Филогенетическая сеть гаплогруппы N3a5b-B202, где разными цветами показаны популя-ции, откуда происходят носители образцов; Б. Филогенетическая сеть гаплогруппы N3a5b-B202, где разными цветами показаны известные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

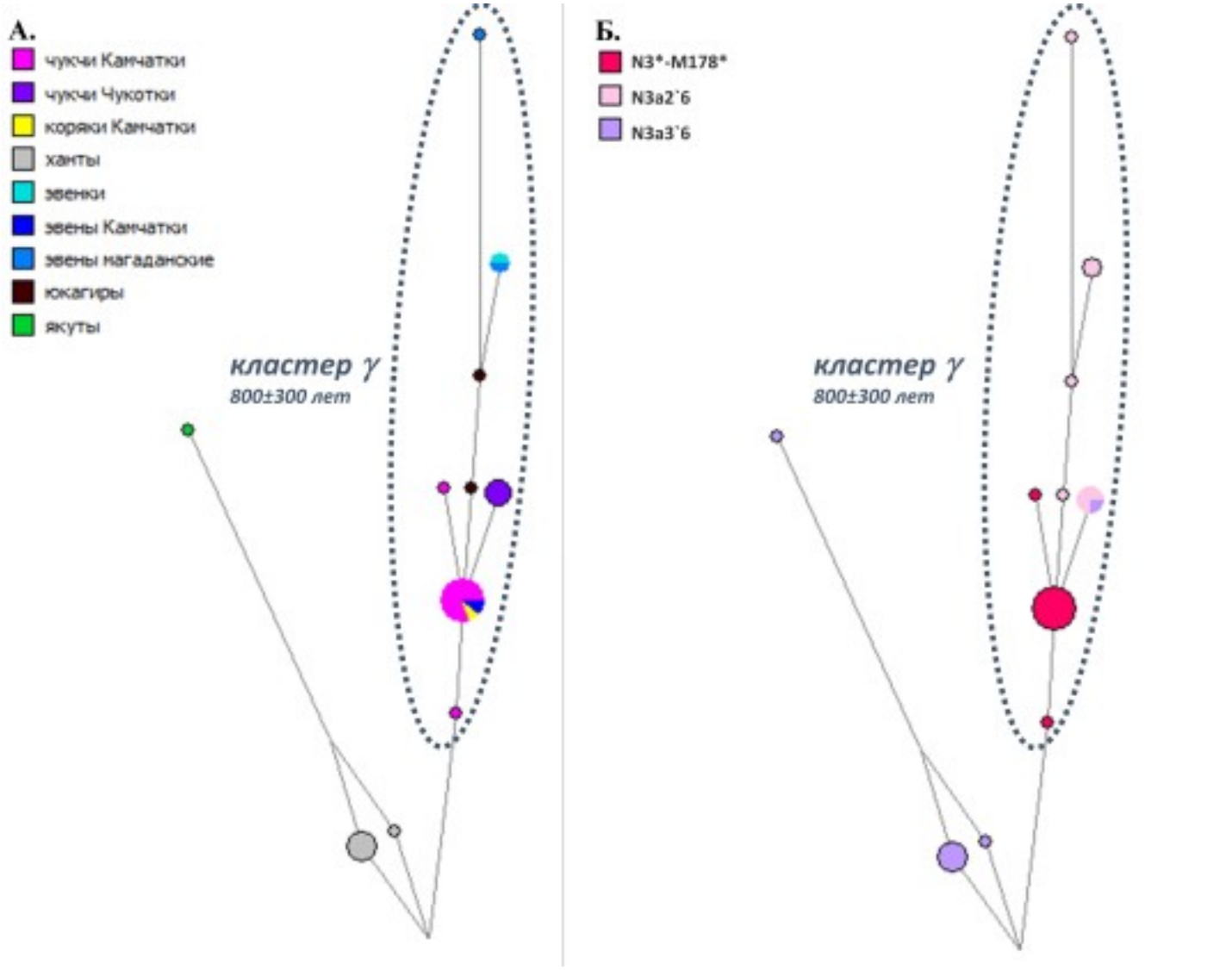


Рис. 3. Филогенетическая сеть варианта N3*-M178*: А. Разными цветами показаны популяции, откуда происходят образцы на сети; Б. Разными цветами показаны генотипы для тех же самых образцов по SNP-маркерам.

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 эвенов 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., Запорожченко 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