

УДК 575.17

Ю.В. Богунов¹, О.В. Мальцева², А.А. Богунова³, Е.В. Балановская⁴¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН
ул. Губкина, 3, Москва, 119991, Россия
E-mail: forbogunov@inbox.ru²Институт археологии и этнографии СО РАН
пр. Академика Лаврентьева, 17, Новосибирск, 630090, Россия
E-mail: olymals@gmail.com³Амурский гуманитарно-педагогический государственный университет
ул. Кирова, 17, Комсомольск-на-Амуре, 681000, Россия
E-mail: annasyachina@mail.ru⁴Медико-генетический научный центр
ул. Москворечье, 1, Москва, 115478, Россия
E-mail: balanovska@mail.ru

НАНАЙСКИЙ РОД САМАР: СТРУКТУРА ГЕНОФОНДА ПО ДАННЫМ МАРКЕРОВ Y-ХРОМОСОМЫ*

Показано современное расселение нанайского рода Самар (горинская группа нанайцев, Хабаровский край). Изучен генофонд популяции по SNP-маркерам Y-хромосомы. Его основу составляет североазиатская гаплогруппа N1c1-M178 (более 83 %), представлены также еще четыре: C*-M130, I*-M170, J2a1a-M47, O2-P31. Мажорная гаплогруппа N1c1-M178 маркирует преимущественное тунгусское происхождение рода, тогда как полное секвенирование Y-хромосомы образца с минорной гаплогруппой C3*-M130 выявило и связи с коренными популяциями Амура. Рассчитанные генетические расстояния и график многомерного шкалирования демонстрируют значительную генетическую близость нанайского рода Самар с якутами, хакасами и отдельными группами бурят. Это позволяет сделать вывод об их общем происхождении. Нанайцы других регионов находятся на значительном генетическом расстоянии от горинских самагиров.

Ключевые слова: нанайцы, родовая структура, род Самар, генофонд, Y-хромосома, гаплогруппа.

DOI: 10.17746/1563-0102.2015.43.2.146-152

Введение

Положение Нижнего Приамурья на периферии Восточной Сибири и Тихоокеанского побережья стало решающим фактором в формировании генофонда населения, включившего в себя популяции и таежной, и приморской зоны. По крайней мере с неолита этот регион был

зоной миграций народов Сибири и Восточной Азии – небольшие группы тунгусов, тюрков, монголов, маньчжуров смешивались с предшествующим населением. Изучение генофонда нанайцев – самого многочисленного этноса Нижнего Приамурья (ок. 10 тыс. чел.) – с опорой на знание родовой структуры и методы этнической геномики позволяет не только уточнить этногенез, но и выявить различные пласты в генофонде амурского населения, реконструировать исторические процессы на территории Дальнего Востока.

В трудах многих исследователей конца XIX – XX в. нанайская общность предстает как конгломерат разнородных групп с присваивающим типом хозяйства

*Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проекты № 13-04-10102, 13-06-90705, 14-06-00384, 14-06-10026, 14-14-00827); анализ полной последовательности Y-хромосомы – за счет гранта Российского научного фонда (проект № 14-14-00827).

без четкой социальной структуры и явных границ, отделяющих его от других сообществ долины Амура [Шренк, 1883; Лопатин, 1922; Смоляк, 1975]. До XIX в. – периода консолидации местных племен и родов в нанайский этнос – все амурское население подразделялось на несколько больших групп по территории проживания и культурно-языковому влиянию: маньчжурскому (*натки, дючеры*), монгольскому (*солонь, дауры*), тунгусскому (*манегиры, бирары, кили*) [Шренк, 1883, с. 11–93; Долгих, 1960]. В XIX в. вышеперечисленные родоплеменные образования исчезли с этнографической карты Приамурья, положив начало родовой организации нанайцев. В XX в. родовые названия закрепились в фамилиях, сохранив прежнюю территориальную привязку. Однако В.А. Туголуков, изучив общую картину этнических взаимоотношений в Приамурье за последние три столетия, заключил, что термин «род» применительно к местному сообществу не совсем правильный. На фоне тунгусской экспансии в регионе в XVII в., приведшей к ассимиляции коренного амурского населения и видоизменениям родовых названий, остается подходящим термин «фамилия» [Туголуков, 1972, с. 105]. Но большинство ученых при рассмотрении социальной организации нижнеамурских этносов, в т.ч. нанайцев, все же оперируют понятием «род», что находим и в источниках более раннего времени.

Вливание в инокультурную среду совершалось через институт *доха*, когда мелкие роды с целью выживания заключали союз между собой. Отношения в образованной патронимии базировались на трудовом и правовом партнерстве между ее членами, предполагали совместные действия в религиозных церемониях [Каргер, 1929, с. 4–8; Смоляк, 1970, с. 266, 288–289; 2001, с. 14]. В.А. Туголуков, изучая удэгейские и ороческие роды, предположил, что институт *доха* в нижнеамурской среде выполнял функцию связи дочерних родов, имевших общего предка. Его возникновение связано с тунгусской экспансией, буквально перекроившей местную матрилинейную систему родства, которая прослеживалась у нивхов и айнов. Так, материнский (нивхский) род вступал в связь с отцовским (тунгусским). Дети от таких браков, согласно нивхским нормам, не могут жениться в отцовском роде и, согласно тунгусским нормам, – в материнском. Компромиссным вариантом могла стать билинейность (совмещение патрилинейной или матрилинейной) системы родства или поиск третьего рода. У тунгусо-маньчжурских народов как ассимилированного сообщества отцовская родовая организация уживалась с принципами матрилинейности, имевшей местные корни. Выдача вдовы в соседний род, открывавшая путь к экзогамным отношениям в *доха*, знаменовала переход ее детей в новый отцовский род с дальнейшим запретом для них на брачные

связи внутри рода отчима. Вступление в *доха* даже групп, проживавших далеко друг от друга, указывает на процесс дробления больших локальных общностей на мелкие, их перемешивание и перемещение, вызванное миграцией тунгусов. В результате соседями могли оказаться кровнородственные группы, сблизившиеся через институт *доха*. Также предполагается, что созданное родовое объединение Самар могло базироваться на изначальном генетическом родстве его представителей [Туголуков, 1972].

В настоящей работе показано современное расселение рода Самар в Хабаровском крае, изучен его генофонд по SNP-маркерам Y-хромосомы, а также определена степень генетического родства с другими популяциями нанайцев и народами соседних территорий.

Специфика геногеографических исследований

В последние десятилетия изучение генетического разнообразия популяций человека стало одним из самых актуальных направлений науки. Это обусловлено появлением в арсенале популяционной генетики т.н. однородительских нерекombинирующих маркеров, локализованных на митохондриальной ДНК и Y-хромосоме человека. Поскольку первые имеют материнский тип наследования, а вторые – отцовский, в совокупности они дают раздельное понятие о вкладе представителей разных полов в историю становления генофонда. В настоящее время в филогеографических исследованиях населения маркеры Y-хромосомы исследуются более интенсивно, чем мтДНК, потому что по Y-хромосоме выявляется большее генетическое разнообразие и обнаруживается четкая корреляция с географическим положением и этнической историей населения [Балановская, Балановский, 2007]. Поскольку данная работа основана на использовании маркеров Y-хромосомы, остановимся более подробно на особенностях ее генома и характеристике типов ее полиморфизма.

Протяженность Y-хромосомы составляет ок. 60 млн пар нуклеотидов, ее концевые (теломерные) участки вступают в кроссинговер с гомологичными участками X-хромосомы. Все остальное пространство (более 50 млн пар нуклеотидов) занимает группа сцепленных генов, которая не разрушается рекомбинацией и передается из поколения в поколение в виде единого гаплотипа. Новые гаплотипы образуются только путем мутагенеза. Такой механизм возникновения изменчивости позволяет анализировать родство индивидов со сходными последовательностями нерекombинирующей части Y-хромосомы, что невозможно для рекомбинирующих аутосомных маркеров.

При изучении разнообразия Y-хромосомы исследуют два типа генетического полиморфизма (соответственно два типа маркеров). Однонуклеотидные полиморфизмы (SNP – single nucleotide polymorphism) возникают в Y-хромосоме достаточно часто. Точечные мутации почти никогда не происходят в одной и той же позиции дважды. Исследование SNP позволяет отнести анализируемый образец к той или иной ветви родословного древа Y-хромосомы – гаплогруппе – или ее субветви. Таким образом, мутация является «меткой» для всех последующих потомков и позволяет надежно отличать один «род» от другого. Как правило, у обозначения гаплогруппы (например, N1c1) указывают наименование маркера (индекс), ее определяющего (например, для N1c1 индекс M172). Это связано с тем, что Y-хромосомное древо гаплогрупп постоянно совершенствуется и происходят изменения в их названии, однако маркеры конкретных мутаций не меняются.

При втором типе полиморфизма различия между индивидами определяются по числу аллелей – коротких tandemных повторов (STR – short tandem repeats) в определенных локусах Y-хромосомы. В ряду поколений этот показатель сохраняется, т.е. у ребенка-мальчика, его отца, деда и т.д. будет одинаковый гаплотип Y-хромосомы. Однако все же происходят изменения числа аллелей – возникают новые мутации, причем гораздо чаще, чем SNP, примерно одна на 22 поколения (500 лет).

Обратим внимание на то, что, не зная, к какой гаплогруппе принадлежит исследуемый образец, точно невозможно сказать, действительно ли данный индивид является родственником другого с похожим набором STR-маркеров. Чтобы это проверить, нужно проанализировать SNP-маркеры. Именно поэтому наиболее эффективно параллельное исследование обеих генетических систем (SNP и STR). Их образно сравнивают с часовой и минутной стрелкой: первая (SNP) показывает позицию образца на родословном древе в «глобальном» масштабе, а вторая (STR) – его более точное положение. Исследование STR на фоне данных об SNP позволяет датировать возникновение отдельных кластеров гаплотипов (т.е. ветвей родословного древа Y-хромосомы). Существуют два подхода к анализу SNP-маркеров Y-хромосомы. При первом (традиционном) анализируются отдельные, наиболее информативные маркеры. Второй подход (ставший технически возможным только в самые последние годы) заключается в полной расшифровке нуклеотидной последовательности Y-хромосомы, что позволяет выявить все SNP-маркеры Y-хромосомы, присутствующие у данного образца. В связи с высокой стоимостью полногеномного секвенирования этот подход в нашей работе реализован для одного образца (представителя гаплогруппы C3*-M130), а первый – для всех.

Таким образом, человек обладает набором генов, содержащих информацию о его предках. Весь набор изменений в генофонде популяции отражает очередность генетических преобразований в ряду поколений. Зная среднюю частоту мутаций STR-маркеров Y-хромосомы, можно сравнить спектры гаплотипов разных популяций (или родов), выявить степень их близости и проследить историю изменения Y-гаплотипов. Таким образом, определенные мутации в Y-хромосоме выполняют роль свидетеля исторических процессов: они могут зафиксировать время, миграции, ассимиляцию, метисацию.

Общая структура геногеографических исследований такова: собирают выборку биологических образцов мужчин, не связанных между собой родством по крайней мере на три поколения, но принадлежащих к одной популяции; генотипируют STR- и SNP-маркеры Y-хромосомы; проводят анализ частот гаплогрупп и рассчитывают генетические расстояния; анализируют разнообразие гаплогрупп с последующим филогеографическим анализом STR-гаплотипов внутри каждой.

История рода Самар хранится в его генофонде. В ряду множества поколений ассимилировались различные по своему этническому происхождению ветви. Однако с позиции описанного выше методического аппарата современной популяционной генетики изучаемый генофонд не является смесью исторических генофондов. По отцовским линиям Y-хромосомы он хорошо структурируется, что позволяет надеяться на выявление следов не только тунгусской экспансии, но и последующих напластований.

Материал и методы исследований

Материалом для демографических исследований служили данные похозяйственных книг населенных пунктов – мест традиционного проживания нанайцев – трех административных районов Хабаровского края (Солнечный, Комсомольский, Нанайский); для генетических – образцы венозной крови 37 мужчин рода Самар из сельских поселений Кондон ($N = 19$), Нижние Халбы ($N = 10$), Бельго ($N = 5$), Верхняя Эконь ($N = 1$), Черный Мыс ($N = 1$), Нижняя Тамбовка ($N = 1$). В выборку включены индивиды, не состоящие в кровном родстве на глубину не менее трех поколений.

ДНК выделяли фенол-хлороформенной экстракцией. Концентрация ДНК определялась методом ПЦР в реальном времени с использованием набора Quantifiler® (Applied Biosystems). С помощью набора Y-filer™ PCR Amplification Kit (Applied Biosystems) и генетического анализатора 3130×1 (Applied Biosystems) анализировали 17 STR-локусов

Y-хромосомы. На основе установленных гаплотипов проводилась предикция гаплогрупп Y-хромосомы с последующим подтверждением генотипированием SNP-маркеров. Такой подход позволял надежно определять гаплогруппу. Дополнительно для образца с гаплогруппой C3*-M130 (×M48) была проведена полная расшифровка нуклеотидной последовательности Y-хромосомы с использованием технологии BigY, разработанной американской генетико-генеалогической компанией FamilyTreeDNA, и определено положение этого образца в общей филогенетической структуре гаплогруппы.

Сравнение генофонда рода Самар с прочими популяциями нанайцев и этносами из других регионов проведено на основе базы данных Y-base (www.genofond.ru). По частотам гаплогрупп с помощью программы DGenetic рассчитывали генетические расстояния [Nei, 1975], на основе матрицы которых в программе Statistica осуществляли многомерное шкалирование, графически визуализирующее степень сходства изученных популяций.

Результаты исследований

Современное расселение рода Самар в Хабаровском крае. Наибольшая численность зарегистрирована в районе исторического проживания – пос. Кондон Солнечного р-на: в 2012 г. 93 мужчины и 111 женщин – 38,3 % от населения поселка. За последнее столетие представители рода Самар расселились и по долине Амура, главным образом в пределах территории Комсомольского р-на: Верхняя Эконь – 3 %, Бельго – 8,76, Нижние Халбы – 18,9 %. В населенных пунктах Нанайского р-на индивиды с фамилией Самар отсутствовали или их доля в родовой (фамильной) структуре населения не превышала 1 %.

«Генетический портрет» рода Самар. В результате генотипирования Y-хромосомы установлено, что «генетический портрет» ныне живущих представителей рода характеризуется наличием пяти гаплогрупп: N1c1-M178, C*-M130, I*-M170, J2a1a-M47, O2-P31. Основу генофонда составляет гаплогруппа N1c1 (более 83 %), значительное преобладание которой можно рассматривать как характерную родовую черту, выделяющую данную популяцию среди других нанайских родов.

Североевразийская гаплогруппа N1c1 с высокой частотой встречается в генофондах народов Сибири: якутов (ок. 90 %), бурят (в отдельных популяциях до 78 %), эвенков (34 %), а также дальневосточных чукчей (61 %), коряков (24 %) [Степанов и др., 2001; Харьков, Степанов, 2005; Харьков и др., 2014]. Накопление данной гаплогруппы у представителей рода Самар свидетельствует о наличии генетической связи

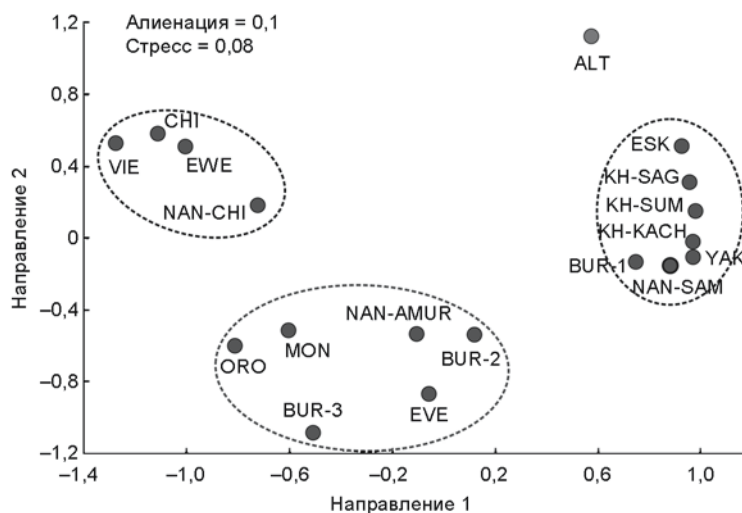
изучаемой популяции с северными народами и подтверждает исторические реконструкции миграционных потоков самагиров на Амур.

Высокая частота гаплогруппы J2a1a-M47 (8,1 %) – вторая характерная особенность генофонда рода Самар. По нашим данным, ближневосточная линия J2 не встречается в генофондах остальных родов нанайцев Хабаровского края (неопубликованные данные). Она отмечена у эвенков и эвенов с частотой менее 2 % и не характерна для других народов Сибири. У этносов Средней Азии достигает 12 %.

Гаплогруппа C3*-M130, являясь одним из минорных компонентов в генофонде рода Самар, может маркировать связи с очень широким кругом народов, у которых она зафиксирована. Поэтому для уточнения было проведено полное секвенирование образца с этой гаплогруппой. Обнаружено большое сходство с ее носителями в других популяциях нанайцев и у нивхов и значительное отличие от таковых у иных народов Сибири и Центральной Азии. Таким образом, наличие гаплогруппы C3*-M130 маркирует пусть минорные по частоте, но четко прослеживаемые генетические связи рода Самар с другими популяциями Амура.

Генетические взаимоотношения между популяциями. Были рассчитаны генетические расстояния между генофондами народов Сибири и Восточной Азии. Использована панель наиболее характерных для изучаемых популяций 13 крупных гаплогрупп, данные по которым присутствуют в литературных источниках. В анализ включены три нанайские выборки: рода Самар (NAN-SAM), суммарной популяции остальных нанайцев Амура (NAN-AMUR) и нанайцев Китая (NAN-CHI). В генетическом пространстве графика многомерного шкалирования выявились три кластера (см. рисунок), каждый из которых включил одну из нанайских популяций. Это указывает на значительные генетические различия между ними. Нанайцы Китая вошли в единый кластер с эвенками (генетическое расстояние до них $d = 0,09$), китайцами ($0,10 < d < 0,12$), вьетнамцами ($d = 0,11$). Однако их генофонд обнаруживает меньшее, но выраженное сходство с генофондами монголов ($d = 0,21$) и орочей ($d = 0,22$). А нанайцы Амура вошли в единый кластер с эвенками ($d = 0,05$), монголами ($d = 0,09$), бурятами Забайкальского края ($0,04 < d < 0,13$) и орочами ($d = 0,15$).

Генофонд рода Самар наиболее своеобразен: генетическое расстояние между ним и остальными нанайцами Амура ($d = 0,60$) почти в 2 раза больше, чем между последними и нанайцами Китая ($d = 0,36$). Столь значительные различия между генофондами нанайцев Хабаровского края связаны с преобладанием у рода Самар североевразийской гаплогруппы N1c1-M217 и низкой частотой C3c-M48. Именно поз-



Положение популяций нанайцев в генетическом пространстве народов Сибири и Восточной Азии: график многомерного шкалирования.

ALT – алтайцы; BUR-1 – буряты (Забайкальский край); BUR-2 – буряты (Селенгинский и Хоринский р-ны, Республика Бурятия); BUR-3 – буряты (Закаменский р-н, Республика Бурятия); VIE – вьетнамцы; CHI – китайцы [Zhong et al., 2010; Cai et al., 2011]; NAN-SAM – нанайцы рода Самар; NAN-AMUR – нанайцы Амура (Хабаровский край); NAN-CHI – нанайцы Китая [Chen et al., 2006]; MON – монголы [Kim et al., 2011]; ORO – ороочи [Xue, 2006]; KH-SUM – хакасы, суммарная популяция; KH-SAG – сагайцы; KH-KACH – качинцы; EWE – эвены; EVE – эвенки [Zhong et al., 2010]; ESK – эскимосы [Lell et al., 2002]; YAK – якуты.

тому, вопреки огромным географическим расстояниям, его генофонд чрезвычайно похож на таковой бурят Забайкальского края ($d = 0,01$), якутов ($d = 0,01$) и хакасов ($0,01 < d < 0,15$). Сходство «генетических портретов» этих этносов может указывать на общность некоторых этапов их этногенеза. Неожиданной является относительная близость генофондов рода Самар и эскимосов ($d = 0,18$). Указанные популяции образовали единый кластер в генетическом пространстве.

Особенности генофонда рода Самар в целом подтверждают гипотезу историков о происхождении самагиров от более северных народов Сибири. Согласно этой гипотезе, они являются потомками эвенков, испытавших влияние сначала якутов, а затем (в XVII в.) бурят. Несмотря на то, что доля гаплогруппы N1c1 в генофонде современных эвенков не превышает 34 %, у якутов и бурят наблюдается более значительное ее накопление – 90 и 47 % соответственно (у «восточных» бурят может достигать 78 %) [Харьков, Степанов, Медведева и др., 2008; Харьков, Хамина, Медведева и др., 2014]. В изученной нами популяции эвенков (Забайкальский край) частота этой гаплогруппы также невелика (23 %). Однако классическими генетическими маркерами ранее был выявлен чрезвычайно высокий уровень генетического разнообразия данного этноса при огромном ареале и крайне малой численности населения. Это приводит к дрейфу генов, в результате которого возникают значительные различия между генофондами популяций эвенков. Поэтому можно предположить, что истоком генофонда рода Самар была популяция эвенков, отличающаяся более высокими частотами гаплогруппы N1c1. Хотя даже и это не обязательно – основателем рода мог стать один из носителей данной гаплогруппы. Относительный вклад эвенков, якутов и бурят можно будет оценить позднее, после анализа вариан-

тов гаплогруппы N1c1 – STR-гаплотипов, характерных для генофондов каждого из этих этносов.

Заключение

Усилившийся в XX в. распад родовой организации и установление территориально-соседских отношений народов Амура способствовали размыванию границ внутриэтнических структур, а межэтнические контакты только ускорили ассимиляцию. На этом фоне, а также в условиях невысокой численности приамурских этносов проводить исследования их этногенеза крайне затруднительно. Современная генетика, опираясь на маркеры Y-хромосомы и внутриэтнический уровень структурирования генофонда, открывает новые источники информации, а следовательно, и новые возможности в изучении этносов.

Значительная доля современных нанайцев в настоящее время проживает в условиях иноязычного окружения и имеет тесные контакты с ним, главным образом с русскими. Однако нанайский род Самар (район современного пос. Кондон) в этом отношении уникален. Значительная удаленность от основного ареала нанайцев, а также труднодоступность территории способствовали длительному практически изолированному существованию популяции, а значит, и сохранению исходного генофонда. Напрямую об этом свидетельствуют низкое разнообразие гаплогрупп и преимущественное накопление только одной линии Y-хромосомы.

Установленный в работе «генетический портрет» нанайского рода Самар позволяет говорить о его тунгусских истоках. За длительный период алдано-ленско-амурской миграции к р. Девятке исходный генофонд испытал многократные влияния извне, о чем свидетельствует сходство с генофондами современ-

ных якутов и бурят. Археологические, этнографические материалы, письменные источники также указывают на участие народов северо-восточных районов Сибири в этногенезе рода Самар [Малявин, 1998; Медведев, 2005; Медведев, Филатова, 2014, с. 148–149]. О степени такого влияния можно будет судить в дальнейшем после филогеографического анализа выявленных гаплотипов Y-хромосомы.

Список литературы

- Балановская Е.В., Балановский О.П.** Русский генофонд на русской равнине. – М.: Луч, 2007. – 416 с.
- Долгих Б.О.** Родовой и племенной состав народов Сибири в XVII в. // Албазинский уезд. – М.: Изд-во АН СССР, 1960. – С. 579–614.
- Каргер Н.Г.** Отчет об исследовании родového состава населения бассейна р. Гарина // Гарино-Амгунская экспедиция 1926 г. – Л.: [б.и.], 1929. – С. 3–24.
- Лопатин И.А.** Гольды амурские, уссурийские и сунгарийские. – Владивосток: [б.и.], 1922. – 371 с.
- Малявин А.В.** Древние памятники р. Девятки: явление археологической локалии // Project Amur. – Tsubkuba: University of Tsubkuba, 1998. – P. 53–68.
- Медведев В.Е.** Неолитические культуры Нижнего Приамурья // Российский Дальний Восток в древности и средневековье: открытия, проблемы, гипотезы. – Владивосток: Дальнаука, 2005. – С. 234–267.
- Медведев В.Е., Филатова И.В.** Керамика эпохи неолита Нижнего Приамурья (орнаментальный аспект). – Новосибирск: Изд-во ИАЭТ СО РАН, 2014. – 168 с.
- Смоляк А.В.** Социальная организация народов Нижнего Амура и Сахалина в XIX – начале XX в. // Общественный строй у народов Севера Сибири. – М.: Наука, 1970. – С. 264–299.
- Смоляк А.В.** Этнические процессы у народов Нижнего Амура и Сахалина. – М.: Наука, 1975. – 232 с.
- Смоляк А.В.** Народы Нижнего Амура и Сахалина: фототальбом. – М.: Наука, 2001. – 320 с.
- Степанов В.А., Харьков В.Н., Пузырев В.П., Солтобаева Ж.О., Стегний В.Н.** Гаплотипы Y-хромосомы в популяциях Средней Азии // Генетика. – 2001. – Т. 37, № 2. – С. 256–259.
- Туголуков В.А.** Институт «доха» у удэгейцев и орочей // СЭ. – 1972. – № 3. – С. 105–115.
- Харьков В.Н., Степанов В.А.** Формирование генофонда коренного населения Сибири по данным Y-хромосомы // Медицинская генетика. – 2005. – Т. 4, № 6. – С. 282–283.

Харьков В.Н., Степанов В.А., Медведева О.А., Спирidonova М.Г., Максимова Н.Р., Ноговицина А.Н., Пузырев В.П. Происхождение якутов: анализ гаплотипов Y-хромосомы // Молекулярная биология. – 2008. – Т. 42, № 2. – С. 226–237.

Харьков В.Н., Хамина К.В., Медведева О.Ф., Симонова К.В., Еремина Е.Р., Степанов В.А. Генофонд бурят: клинальная изменчивость и территориальная подразделенность по маркерам Y-хромосомы // Генетика. – 2014. – Т. 50, № 2. – С. 203–213.

Шренк Л.И. Об инородцах Амурского края. – СПб.: Изд-во Импер. АН, 1883. – Т. 1 (части географическая, историческая и антропологическая). – 323 с.

Cai X., Qin Z., Wen B., Xu S., Wang Y., Lu Y., Wei L., Wang C., Li S., Huang X., Jin L., Li H., Genographic Consortium. Human migration through bottlenecks from Southeast Asia into East Asia during Last Glacial Maximum revealed by Y chromosomes // PLoS One. – 2011. – Vol. 6, iss. 8. – P. e24282. – DOI: 10.1371/journal.pone.0024282

Chen J., Li H., Qin Z.D., Liu W.H., Lin W.X., Yin R.X., Jin L., Pan S.L. Y-chromosome genotyping and genetic structure of Zhuang populations // Acta Genetica Sinica. – 2006. – Vol. 33, N 12. – P. 1060–1072.

Kim S.H., Kim K.C., Shin D.J., Jin H.J., Kwak K.D., Han M.S., Song J.M., Kim Won, Kim Wook. High frequencies of Y-chromosome haplogroup O2b-SRY465 lineages in Korea: a genetic perspective on the peopling of Korea // Investig. Genet. – 2011. – Vol. 2. – P. 10.

Lell J.T., Sukernik R.I., Starikovskaya Y.B., Su B., Jin L., Schurr T.G., Underhill P.A., Wallace D.C. The dual origin and Siberian affinities of Native American Y chromosomes // Am. J. Hum. Genet. – 2002. – Vol. 70, N 1. – P. 192–206.

Nei M. Molecular Population Genetics and Evolution. – Amsterdam: North-Holland Publ. Co, 1975. – 290 p.

Xue Y., Zerjal T., Bao W., Zhu S., Shu Q., Xu J., Du R., Fu S., Li P., Hurles M., Yang H., Tyler-Smith C. Male demography in East Asia: a North-South contrast in human population expansion times // Genetics. – 2006. – Vol. 172, N 4. – P. 2431–2439.

Zhong H., Shi H., Qi X.B., Xiao C.J., Jin L., Ma R.Z., Su B. Global distribution of Y-chromosome haplogroup C reveals the prehistoric migration routes of African exodus and early settlement in East Asia // J. Hum. Genet. – 2010. – Vol. 55, N 7. – P. 428–435.

*Материал поступил в редколлегию 20.08.14 г.,
в окончательном варианте – 25.11.14 г.*

Y.V. Bogunov¹, O.V. Maltseva², A.A. Bogunova³, E.V. Balanovskaya⁴

¹*N.I. Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences,
Gubkina 3, Moscow, 119991, Russia*

E-mail: forbogunov@inbox.ru

²*Institute of Archaeology and Ethnography, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences,
Pr. Akademika Lavrentieva 17, Novosibirsk, 630090, Russia*

E-mail: olymals@gmail.com

³*Amur State University of Humanities and Pedagogy,
Kirova 17, Komsomolsk-on-Amur, 681000, Russia*

E-mail: annasyachina@mail.ru

⁴*Medical Genetic Research Center,
Moskvorechye 1, Moscow, 115478, Russia*

E-mail: balanovska@mail.ru

THE NANAY CLAN SAMAR: THE STRUCTURE OF GENE POOL BASED ON Y-CHROMOSOME MARKERS

Members of the Nanay clan Samar reside in the Gorin area of the Khabarovsk Province. Their gene pool was studied using the SNP markers of the Y-chromosome. The predominant haplogroup, occurring in more than 83 % of clansmen, is the northern Eurasian haplogroup N1c1-M178. Four other haplogroups are C-M130, I*-M170, J2a1a-M47, and O2-P31. The most frequent haplogroup N1c1-M178 indicates mostly Tungus origin of the Samar clan; other haplogroups detected by complete sequencing such as the minor haplogroup C3*-M130 reveal ties with native populations of the Amur basin. Genetic distances and their multidimensional scaling demonstrate marked affinities of Samar clansmen with Yakuts, Khakas, and certain groups of Buriats, suggesting common origin. Nanay of other regions are much further from the Samar.*

Keywords: Nanays, tribal structure, Samar clan, gene pool, Y-chromosome, haplogroups.