

Агджоян А.Т.<sup>1,2)</sup>, Богунов Ю.В.<sup>1,2)</sup>, Богунова А.А.<sup>2)</sup>, Каменщикова Е.Н.<sup>3)</sup>,  
Кагазежева Ж.А.<sup>1,2,6)</sup>, Короткова Н.А.<sup>2,4)</sup>, Чернышенко Д.Н.<sup>1,2)</sup>, Пономарёв Г.Ю.<sup>1)</sup>,  
Утрянин С.А.<sup>2,1)</sup>, Кошель С.М.<sup>5)</sup>, Балановский О.П.<sup>1,2,4)</sup>, Балановская Е.В.<sup>2,4)</sup>

<sup>1)</sup> ФГБУН «Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН», 119991, ул. Губкина, д. 3, Москва, Россия;

<sup>2)</sup> ФГБНУ «Медико-генетический научный центр», 115522, ул. Москворечье, д. 1, Москва, Россия;

<sup>3)</sup> Амурский гуманитарно-педагогический государственный университет, кафедра педагогики профессионального образования, 681000, ул. Кирова, д. 17, корп. 2, Комсомольск-на-Амуре, Россия;

<sup>4)</sup> АНО «Биобанк Северной Евразии», 115201, ул. Котляковская, д. 3, Москва, Россия;

<sup>5)</sup> Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, географический факультет, кафедра картографии и геоинформатики, 119991, ГСП-1, Москва, Россия;

<sup>6)</sup> Кубанский государственный медицинский университет, Краснодар, 350063, Россия

## ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОРТРЕТ ОХОТСКИХ И КАМЧАТСКИХ ЭВЕНОВ

**Материалы и методы.** Генофонд охотских (N=59) и камчатских (N=29) эвенов впервые изучен по широкой панели маркеров Y-хромосомы с выделением локальных субвариантов внутри гаплогрупп **C-M217** и **N-M178**. Многомерный статистический анализ проведен на основе частот 16 стволов гаплогрупп Y-хромосомы и отражает более общую картину положения генофонда эвенов. Карта генетических расстояний от эвенов представляет более точный паттерн, учитывающий распространение субветвей гаплогрупп C и N – наиболее частых в регионе и наиболее информативных в реконструкции генетической истории народонаселения Дальнего Востока. Выборки были сформированы из мужчин, не связанных родственными отношениями, все предки которых по мужской линии относили себя к эвенам и проживали на данной территории на протяжении не менее трех поколений. Сбор образцов (венозная кровь) сопровождался добровольным письменным информированным согласием под контролем Этической комиссии ФГБНУ «МГНЦ».

**Результаты.** Обнаружено сходство спектров гаплогрупп Y-хромосомы во всех изученных популяциях эвенов. У изученных групп резко преобладает гаплогруппа **C-M48(xSK1066)**, составляющая в среднем четыре пятых генофонда эвенов. Минорными являются паневразийская гаплогруппа **R-M198** (встречена во всех популяциях с примерно с равной частотой, 7%) и «приамурская» субгаплогруппа **N-B479** (обнаружена только у охотских эвенов с частотой 10%). Полученные генетические портреты четырех популяций охотских и камчатских эвенов указывают на их чрезвычайное сходство, не разрушенное ни дрейфом генов из-за чрезвычайно малого размера популяций, ни браками с окружающими их этносами.

**Заключение.** Положение популяции эвенов в многомерном генетическом пространстве определяет их генетические связи ( $0.07 < d < 0.29$ ) с популяциями Приамурья, Забайкалья и Камчатки, что указывает на присутствие в генофонде эвенов трех компонентов: «приамурского», «северо-камчатского», «забайкальского». Картографирование генетических расстояний с учетом информативных субветвей гаплогрупп C и N выявляет сходный паттерн, но позволяет оценить величину вклада каждого из трех компонентов в генофонд эвенов. Вклад «северо-камчатского» компонента (выраженного сходством с коряками северных районов Камчатки) может отражать генетическое взаимодействие коряков и эвенов в последние несколько веков, а два другие компонента, вероятно, связаны с более ранними датами. Предполагается, что сложение генофонда эвенов (как и удских эвенов) проходило на основе преобладания местного амурского (охотского) генетического субстрата, восходящего корнями к неолитическому населению Приамурья. Миграция тунгусов Забайкалья принесла не только язык и хозяйственный тип – оленеводство, но и оказала заметное влияние на генофонд.

**Ключевые слова:** геногеография; популяционная генетика человека; генофонд; Дальний Восток; Приамурье; Камчатка; эвены; Y-хромосома; гаплогруппы

## Введение

Эвены, или ламуты, представляют северо-восточную ветвь тунгусов, широко расселенных в Сибири и по сей день. Эвены по языку и культуре являются родственными эвенкам, и в записях исследователей XVII века уже описываются как отдельный народ [История и культура эвенов..., 1997]. Внутри эвенов выделялись как оленные, так и оседлые группы, нередко принадлежащие к одним и тем же родам. Начиная с XVII века эвено-оленоводы начинают продвигаться в более северные районы – в земли коряков и юкагигов, а также на территории, населенные чукчами и эскимосами. К приходу русских на Дальний Восток эвены занимали горную область Верхоянского хребта и районы Охотского побережья, ограниченные на юго-западе устьем реки Улья, а на северо-востоке устьем реки Ола. На северо-востоке жили коряки, а к югу кочевали эвенки (тунгусы). Многие исследователи считают эвенов и эвенков одним народом, в результате внутреннего раздора разделившимся на две группы, одна из которых вынуждена была покинуть страну предков и искать себе другую родину. В пользу этой гипотезы говорят язык, схожесть быта и обычаев, верования. Сами же эвены полностью отрицают эту версию, выделяя себя в отдельный самостоятельный народ. На Камчатку предки современных эвенов (ламуты) переселились в середине XIX века. Память об этом переселении хранится до сих пор: в ходе проведенного нами экспедиционного обследования быстринских эвенов некоторые участники вспоминали семейные предания о переселении их предков на Камчатку, довольно точно воспроизводя известный исследователям маршрут.

Современная численность эвенов в России – около 22 тыс. чел., подавляющее большинство проживает на территории Якутии (15 тыс. чел.), более 2,5 тыс. чел. – в Магаданской области, почти 1,5 тыс. чел. – в Чукотском автономном округе, и около 3 тыс. чел. – на территории Камчатского и Хабаровского краев [Итоги Всероссийской переписи..., 2010].

Эвенский язык принадлежит к северной подгруппе тунгусской ветви тунгусо-маньчжурских языков и наиболее близок с эвенкийским. Согласно данным глоттохронологии, эвенский и эвенкийский языки (восточные диалекты эвенского языка и западные диалекты эвенкийского языка, ныне наиболее удаленные друг от друга территориально) разделились около 1500 лет назад [Эвенский язык, б.г.].

Среди особенностей внешнего облика, выделяющих эвенов среди других тунгусо-маньчжурских народов, исследователи отмечали более светлый цвет кожи, наиболее низкое переносье и наиболее

плоскую спинку носа. Предполагалось, что подобный комплекс признаков сформировался в процессе расселения эвенов по северо-востоку Сибири и активного взаимодействия с юкагирами, коряками и чукчами [История и культура эвенов..., 1997].

В ряде работ по новейшим широкогеномным и полногеномным панелям был изучен полиморфизм генетических маркеров и в популяциях эвенов. Отдельные образцы ДНК эвенов рассмотрены в контексте генофондов Северной Азии или Евразии, а также при разработке проблемы заселения Американского континента [Wong et al., 2015; Mallick et al., 2016; Pagani et al., 2016]. Анализ разнообразия линий мтДНК у эвенов Магаданской области представлен в работах [Деренко, 2009; Derenko et al., 2007; Sukernik et al., 2012], где показано преобладание в генофонде эвенов западноевразийских линий мтДНК. Результаты филогенетического анализа полных последовательностей Y-хромосомы 8 образцов эвенов Магаданской области и Якутии в работах [Karmin et al., 2015; Ilumäe et al., 2016] дают представление о выявленных субвариантах гаплогрупп **C-M217**, **N-P43**, **N-M178**, однако не позволяют оценить их частоты и использовать для статистического сравнения. Частоты гаплогрупп Y-хромосомы (к сожалению, по крайне узкой на сегодняшний день панели гаплогрупп) для трех групп эвенов – западных и центральных (из разных районов Якутии), а также восточных (восточные районы Якутии и Магаданская область) – опубликованы в работе [Pakendorf et al., 2007], где показано преобладание гаплогруппы **C-M48** в генофонде восточной группы, преобладание гаплогруппы **N-M178** – в генофонде западной группы эвенов, и сопоставимые доли (50% и 37% соответственно) гаплогрупп **C-M48** и **N-M178** в генофонде центральной группы эвенов. Иными словами, прослеживается тренд увеличения частоты гаплогруппы **C-M217** и уменьшения доли **N-M178** в направлении запад-восток. Огромные различия генофондов всего лишь трех популяций эвенов, показанные в [Pakendorf et al., 2007] более десяти лет назад, только подчеркивают необходимость изучения всех групп эвенов, а особенно – ранее не охваченных в генетических исследованиях. Именно таким группам – охотским и камчатским эвенкам – и посвящено данное исследование.

## Материалы и методы

Популяции охотских эвенов (N=59) были исследованы в ходе экспедиционных исследований в Охотском районе Хабаровского края (Аркинское

поселение, N=41; Инское поселение, N=18), популяции камчатских эвенов (N=29) – в Олюторском (N=15) и в Быстринском районах (N=14) Камчатского края. Суммарно материалом для изучения генофонда эвенов послужили образцы крови (N=88) мужчин, включенные в Биобанк народонаселения Северной Евразии [Биобанк Северной Евразии] и собранные в соответствии с правилами формирования популяционных выборок Биобанка, изложенными в работе [Балановская с соавт., 2016]. В выборку включались только мужчины, предки которых на протяжении не менее чем трех поколений (до деда включительно) относили себя или к охотским, или к камчатским эвенам.

Выделение ДНК из венозной крови проведено методом фенол-хлороформной экстракции с использованием протеиназы К. Генотипирование 60 SNP-маркеров Y-хромосомы для образцов ДНК эвенов проведено на приборах QuantStudio 12K OpenArray (Thermo Fisher Scientific) и 7900HT Real-Time PCR System (Applied Biosystems) с использованием TaqMan зондов. Наименования гаплогрупп даны согласно [ISOGG, 2019]. Популяции для сравнения получены из базы данных «Y-base», разработанной под руководством О.П. Балановского [БД Y-base]. Расчет генетических расстояний Нея проведен по панели 16 гаплогрупп Y-хромосомы (C-M217x(M48), C-M48, G-M285, G-P15, I-L118, I-P37.2, I-L35, J-M267, J-M172, L-M11, N-P43, N-M178, O-M122, Q-M242, R-M198) в программе DJgenetic [Balanovsky et al., 2008], а их визуализация – методом многомерного шкалирования в программе Statistica [Statistica Software, 2005].

Картографический анализ проведен в программе GeneGeo [Кошель, 2012; Balanovsky et al., 2011]. Карты (модели) распространения 31 гаплогруппы (C-M217x(M407,F3918,F3791,M48), C-M407, C-F3918, C-F3791x(F5481), C-F5481, C-M48x(SK1066), C-SK1066, E-M35, G-M285, G-P15, I-L118, I-P37.2, I-L35, J-M267, J-M172, L-M11, N-P43, N-B211, N-M2118, N-VL29, N-Z1936, N-F4205, N-B202, N-B479, O-M122, Q-M242, R-M198, R-M73, R-M269, R-M124, T-L206) были построены методом средневзвешенной интерполяции с радиусом влияния 2000 км и значением степени весовой функции 3 по данным о частотах гаплогрупп Y-хромосомы из базы данных «Y-base», разработанной под руководством О.П. Балановского [БД Y-base]. По совокупности всех карт отдельных гаплогрупп была построена обобщенная карта генетических расстояний Нея от эвенов до всех точек карты. Для этого сначала для каждой гаплогруппы построена карта генетических расстояний от средней частоты этой гаплогруппы у эвенов до интерполированных значений частоты этой гаплогруппы

в каждой точке карты. Затем было найдено ее среднее значение по всем гаплогруппам для каждой точки карты, и создана обобщенная карта генетических расстояний от эвенов.

## Результаты и обсуждение

### *Сравнение популяций охотских и камчатских эвенов*

Несомненно, что изученные выборки слишком малы для их достоверного статистического сравнения, однако их качественное сравнение может указать на тенденции сходства и различий изученных популяций. Более того, мы на рисунке 1 представили спектр выявленных гаплогрупп у всех четырех популяций эвенов, поскольку история каждой популяции своеобразна. Две группы охотских эвенов – аркинских и иньских – не только проживают в совершенно разных экологических условиях (одна – на побережье, другая – в тайге), но и в настоящее время не заключают между собой браки. В каждой из этих общностей распространено мнение, что именно они настоящие эвены, а другая группа не может претендовать на это. Две популяции камчатских эвенов не только разобщены географически и ареалами других народов, но и проживают в течение уже многих поколений в разном этническом окружении: быстринские эвены – среди коряков и ительменов; олюторские эвены – среди чукчей. Круг брачных связей у них также различен: быстринские эвены заключают браки преимущественно на юге Камчатки, а олюторские – в материковой части Камчатского края (Олюторский и Пенжинский районы) и Магаданской области.

Такое яркое своеобразие истории четырех групп эвенов, крайне малая численность популяций и проживание их в разной этнической среде позволяют предполагать и резкое различие их генофондов. Однако итоги анализа, иллюстрируемые рисунком 1, демонстрируют удивительное сходство спектров гаплогрупп Y-хромосомы всех четырех популяций эвенов. Во всех популяциях резко преобладает гаплогруппа C-M48(xSK1066), составляющая в среднем четыре пятых генофонда эвенов (синий цвет на диаграммах). Из минорных **гаплогрупп паневразийская R-M198** (7%, коричневый цвет на диаграммах) встречается во всех четырех популяциях с примерно равной частотой. **«Приамурская» ветвь гаплогруппы N** [Ilumäe et al., 2016] **N-B479** обнаружена только у охотских эвенов с частотой 10%.

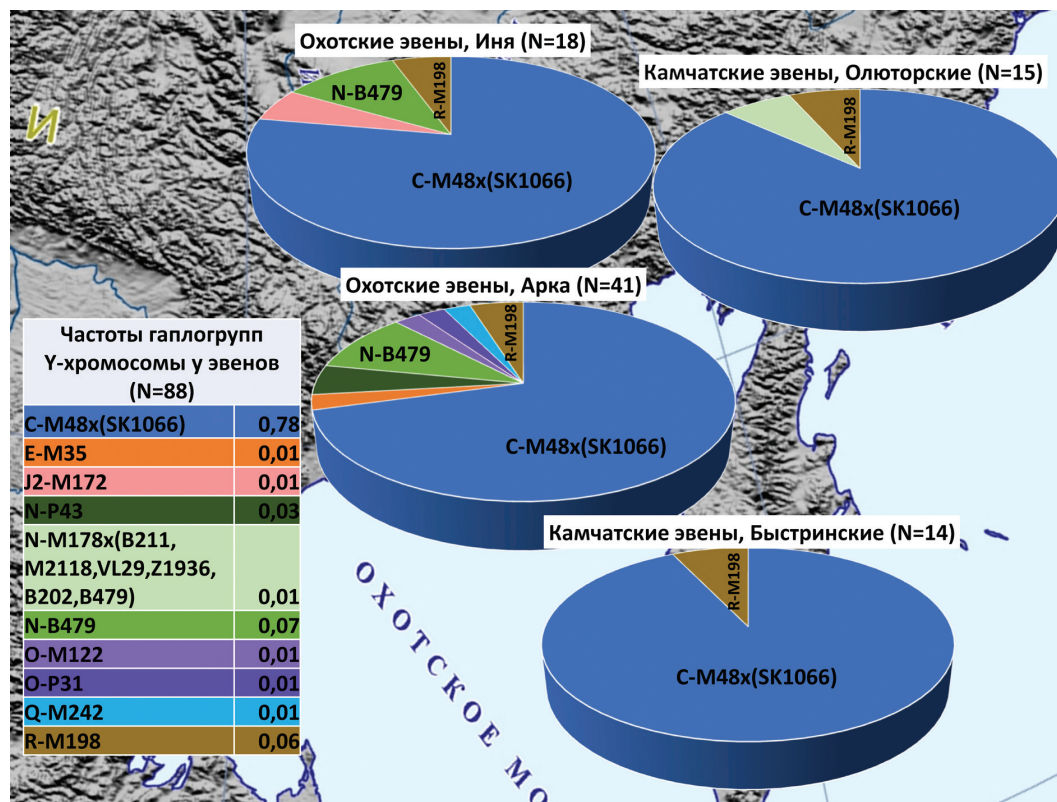


Рисунок 1. Частоты гаплогрупп Y-хромосомы в изученной популяции эвенов  
 Figure 1. The frequencies of Y-chromosomal haplogroups in the studied Even populations

Полученные генетические портреты четырех популяций охотских и камчатских эвенов указывают на их чрезвычайное сходство, не разрушенное ни дрейфом генов из-за чрезвычайно малого размера популяций, ни браками с окружающими их этносами. Этот результат позволяет далее в анализе рассматривать их как единую популяцию эвенов Дальнего Востока с достаточным размером выборки N=88.

*Положение эвенов Дальнего Востока в генетическом пространстве народов Северо-Восточной Азии*

Анализ генетической близости или удаленности эвенов от других народов Северо-Восточной Азии можно провести с помощью графика многомерного шкалирования (рис. 2), контролируя возможные искажения при переходе к двумерному изображению с помощью таблицы генетических расстояний от эвенов до остальных популяций, представленной в нижней части рисунка 2.

К сожалению, для включения популяций, изученных другими коллективами, приходится жертвовать набором гаплогрупп и при расчете матрицы

генетических расстояний ограничиваться набором генетических маркеров для наименее изученных популяций. Поэтому график многомерного шкалирования построенный на основе матрицы генетических расстояний Нея, рассчитан по частотам не десятков, а лишь 16 гаплогрупп Y-хромосомы. Мы как бы возвращаемся к этапу изученности популяций на десятилетие назад и не видим столь важных различий между ветвями гаплогрупп **C**, **N** и **Q**, которые наиболее важны для реконструкции этногенеза народов Северо-Восточной Евразии. Но при этом график многомерного шкалирования дает более общую картину положения генофонда эвенов, хотя и на основе частот крупных (и потому более древних) стволов гаплогрупп, не описывающих более позднюю историю популяций.

По данным о наиболее крупных стволах Y-гаплогрупп в генетическом пространстве Северо-Восточной Азии (в широком понимании, когда в регион естественно включена и Северная Азия) выделяется три кластера (рисунок 2).

Кластер **α** включает в себя популяции обширной территории: коряков Камчатки, древних народов Приамурья (ульчи, нивхи), эвенков амурских и забайкальских, орочонов Китая (очень близких по языку к амурским эвенкам). Наиболее генетически сходны

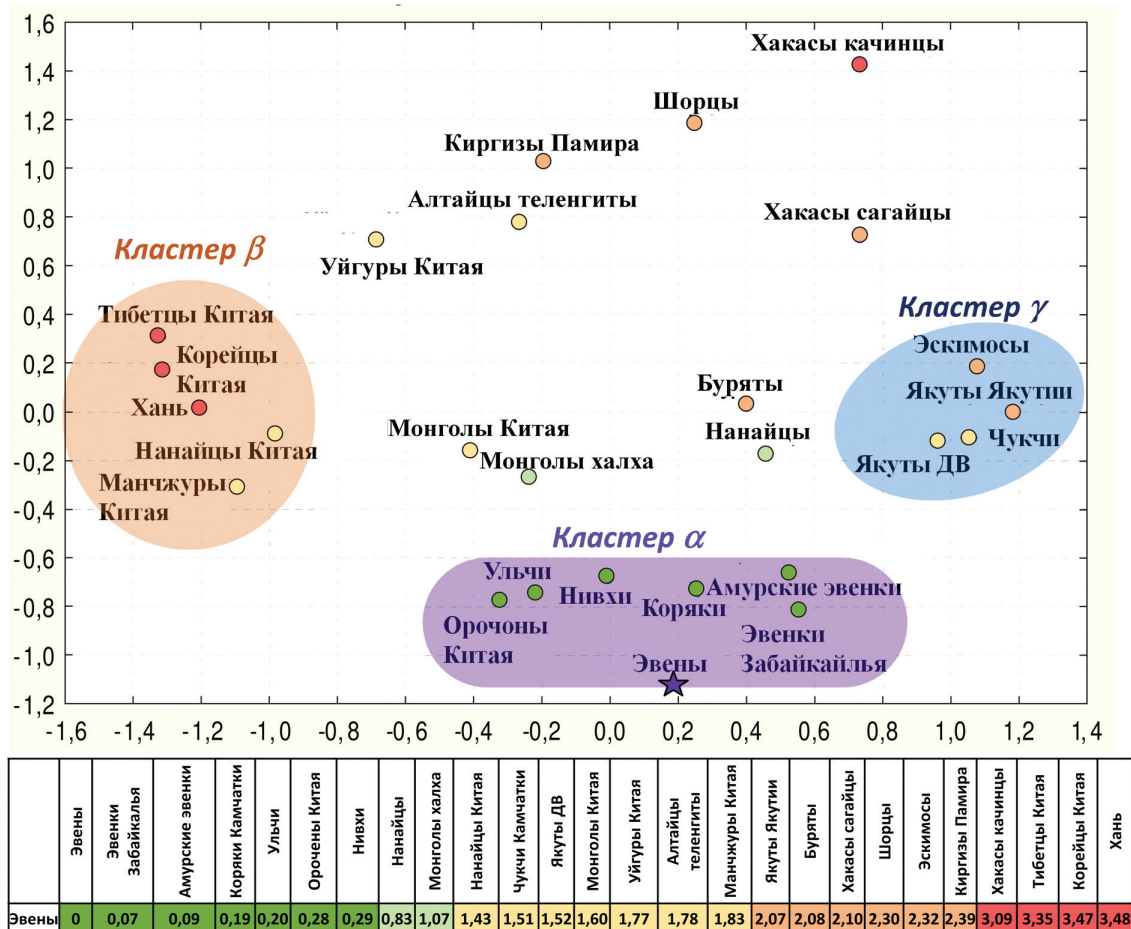


Рисунок 2. Положение эвенов в генетическом пространстве Восточной Азии (график многомерного шкалирования, показатели стресса=0,13, алиенации=0,16)

Figure 2. The position of the Evens in the genetic space of East Asia (multidimensional scaling graph, stress = 0.13, alienation = 0.16)

Примечания. Для возможности сравнения с популяциями, изученными другими коллективами, построен по узкой панели 16 гаплогрупп. В нижней части рисунка приведены генетические расстояния Нея от эвенов до каждой из популяций сравнения.

Notes. For comparison with the published data our data were trimmed to a narrow panel of 16 haplogroups. At the bottom of the figure, Nei's genetic distances from Evens to each of the comparison populations are shown.

с эвенами обе группы эвенков – забайкальских (генетическое расстояние  $d=0.07$ ) и амурских ( $d=0.09$ ), наиболее удалены орочоны ( $d=0.28$ ) и амурские нивхи ( $d=0.29$ ). Но этот кластер очень четкий и компактный: следующие по возрастанию генетические расстояния (см. таблицу в нижней части рисунка 2) до нанайцев ( $d=0.83$ ) и монголов-халха ( $d=1.07$ ) уже в три раза больше.

Кластер  $\beta$  объединяет популяции Китая («окитаенных» нанайцев, маньчжуров, хань, корейцев, тибетцев) за исключением монголов и уйгур Китая. Кластер  $\gamma$  географически тяготеет к северо-востоку Азии: его образуют якуты Якутии и Дальнего Востока (Приамурья), чукчи и эскимосы.

Положение популяции эвенов в кластере  $\alpha$  указывает на генетические связи ( $0.07 < d < 0.29$ ) с

популяциями Приамурья, Забайкалья, Камчатки и на генетическую удаленность от популяций якутов ( $1.51 < d < 2.07$ ), которые часто встречаются на страницах истории эвенов. Но указывает ли данный результат на равное сочетание в генофонде охотских эвенов столь различных компонентов («приамурского», «камчатского» и «забайкальского»), или же это эффект использования панели крупных стволов (и, соответственно, древних по датировке возникновения) гаплогрупп Y-хромосомы? Изменится ли картина генетических связей эвенов с популяциями Северо-Восточной Азии при использовании в анализе субвариантов гаплогрупп, наиболее распространенных в этом регионе?



Рисунок 3. Карта генетических расстояний от эвенов

Figure 3. Map of genetic distances from Evens

Примечания. Ареалы популяций, генетически наиболее близких к эвенов, отражены желто-зелеными тонами и расположены в Приамурье и на Камчатке. Карта построена по частотам 31 гаплогруппы Y-хромосомы. Черными точками на карте обозначены популяции сравнения (N=104 популяции), сиреневой звездой – положение популяции эвенов Арки (с наиболее многочисленной выборкой).

Notes. Areas of populations that are genetically closest to the Evens are colored in yellow-green tones and are located in the Amur region and Kamchatka. The map is based on the frequencies of 31 haplogroups of Y-chromosome. Black dots on the map indicate populations for comparison (N = 104 populations), and the lilac star indicates the position of the Arka Evens, the most numerous in the sample.

#### *Картографический анализ положения эвенов в системе генофондов*

Ответить на этот вопрос помогает карта генетических расстояний от эвенов до окружающих популяций Северо-Восточной Азии (рисунок 3): картографирование позволяет провести анализ по в два раза более широкой панели – 31 гаплогруппы Y-хромосомы. Результаты двух видов анализа взаимодополняют друг друга: если график мно-

гомерного шкалирования (рисунок 2) позволяет охватить взглядом общую картину положения генофонда эвенов на основе частот крупных стволков гаплогрупп, то карта генетических расстояний представляет более точный паттерн, учитывающий распространение субветвей гаплогрупп C и N – наиболее частых в регионе и наиболее информативных в реконструкции генетической истории народонаселения Дальнего Востока.

Карта, учитывая субветви гаплогрупп **C** и **N**, выявляет наибольшее генетическое сходство (зеленые тона) эвенов с эвенками Приамурья и Забайкалья ( $d=0.05$ ) и ульчами ( $d=0.11$ ); умеренное сходство (желтые тона) – с коряками Камчатки ( $d=0.15$ ) и нивхами ( $d=0.17$ ); слабое сходство (оранжевые тона) – с нанайцами Приамурья ( $0.38 < d < 0.40$ ). При этом карта (рисунок 3) подтверждает отсутствие генетической близости к генофондам Центральной Сибири (например, к якутам). Иными словами, картографирование генетических расстояний с учетом информативных субветвей гаплогрупп **C** и **N** подтверждает присутствие в генофонде эвенов тех же трех генетических компонентов, которые проявились и на графике многомерного шкалирования («приамурский», «северо-камчатский», «забайкальский»), но иначе оценивает их вклад в генофонд эвенов.

Наибольшая генетическая близость эвенов к амурским популяциям – эвенков, ульчей, нивхов – может указывать на происхождение «субстрата» генофонда эвенов из той же неолитической прапопуляции Приамурья, к которой восходят и ульчи [Siska et al., 2017; Балановская с соавт., 2018], и предположительно другие популяции Дальнего Востока. При этом наибольшая близость охотских эвенов к удским эвенкам ( $d=0.05$ ) может объясняться относительно недавним выделением предков эвенов из общей с дальневосточными эвенками популяции, основу генофонда которой составлял не пришлый тунгусский, а все тот же местный субстрат, восходящий к неолиту Приамурья.

Вклад «северо-камчатского» компонента (выраженного сходством с коряками северных районов Камчатки) может отражать генетическое взаимодействие коряков и эвенов. Так, согласно этнографическим данным, эвены включали в себя в первую очередь оседлых коряков, проживающих вдоль побережья Охотского моря [История и культура эвенов..., 1997].

«Забайкальский» компонент в генофонде эвенов является самым ожидаемым, ассоциируясь с миграцией на северо-восток тунгусских родовых групп из Забайкалья. Эта миграция, принеся культурные особенности и язык, оказала заметное влияние на генофонд эвенов и амурских эвенков. По данным этнографии появление оленеводства датируется не ранее середины I тыс. н.э. и связывается с забайкальским народом «увань», предполагаемым предком тунгусов [История и культура эвенов..., 1997]. Соответственно, появление «забайкальского» генетического компонента в Приамурье могло происходить на рубеже первого и второго тысячелетий нашей эры: это предположение

будет проверено нами в дальнейшем с помощью филогенетического анализа и датировками на его основе.

Дальнейший сценарий генетической истории эвенов, требующий проверки: существование в течение нескольких веков единой популяции, предковой для эвенов и приамурских эвенков, и отраженной в сходстве генофондов этих популяций, ныне географически столь разобщенных. Последний этап этого броска из Забайкалья – выделение из предковой эвено-эвенкинской прапопуляции группы, мигрировавшей на север и впоследствии включившей в себя оседлых коряков – население северо-западных берегов Охотского моря и Камчатки. Генетические датировки этого маршрута помогут проверить такой сценарий.

Оценка вклада всех трех компонентов является предварительной и должна рассматриваться как гипотеза – ее подтверждение требует детального филогенетического анализа с привлечением не только большего числа субветвей Y-хромосомы, но и большего охвата популяций, изученных по широкой панели маркеров. Именно этой задаче будут посвящены дальнейшие работы по изучению генофонда народов Дальнего Востока России.

## Заключение

Все четыре изученные популяции охотских и камчатских эвенов обладают сходными генофондами с резким преобладанием одного и того же варианта гаплогруппы **C**, составляющей 4/5 их генофонда. Из минорных гаплогрупп **паневразийская R-M198** встречена во всех четырех популяциях с низкой, но примерно равной частотой. «Приамурская» ветвь гаплогруппы **N** обнаружена только у охотских эвенов.

Полученные результаты позволяют предполагать, что сложение генофонда эвенов (как и удских эвенков) проходило на основе преобладания местного амурского (охотского) генетического субстрата, восходящего корнями к неолитическому населению Приамурья. Миграция тунгусов Забайкалья принесла не только язык и хозяйственный тип оленеводства, но и оказала заметное влияние на генофонд.

## Благодарности

Авторы выражают благодарность администрации Охотского района Хабаровского края и Министерству здравоохранения Хабаровского края, администрациям Олюторского и Быстринского районов Камчатского края и Министерству здравоохранения Камчатского края, при организационной поддержке которых проведено экспедиционное обследование генофонда эвенов.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 17-06-00472 (в части обследования генофонда эвенов Камчатского края) и РФФ в рамках научного проекта № 17-14-01345 (в части изучения генофонда эвенов Хабаровского края). Часть исследования выполнена в рамках темы Государственного задания Минобрнауки России для Медико-генетического научного центра и в рамках Государственного задания Минобрнауки России для ИОГен РАН.

## Библиография

Балановская Е.В., Богунов Ю.В., Каменщикова Е.Н., Балаганская О.А., Агджоян А.Т. с соавт. Демографический и генетический портреты ульчей // *Генетика*, 2018. Т. 54. № 10. С. 1218–1227. DOI: 10.1134/S0016675818100041.

Балановская Е.В., Жабагин М.К., Агджоян А.Т., Чухряева М.И., Маркина Н.В. с соавт. Популяционные биобанки: принципы организации и перспективы применения в геногеографии и персонализированной медицине // *Генетика*, 2016. Т. 52. № 12. С. 1371–1387. DOI: 10.7868/S001667581612002X.

БД «Y-base». URL: <http://www.genofond.ru/genofond.ru/default26d8e.html?s=0&p=346>. (дата обращения – 20.06.2019).

Биобанк Северной Евразии. URL: [www.биобанк.рф](http://www.биобанк.рф). (дата обращения – 20.06.2019).

Деренко М.В. Молекулярная филогеография коренного населения Северной Азии по данным об изменчивости митохондриальной ДНК: Автореф. дисс. ... д-ра биол. наук, М., 2009, 49 с.

Тулолуков В.Л., Туреев В.А., Слеваковский Б.А., Кочешков Н.В. История и культура эвенов: историко-этнографические очерки. СПб.: Наука. 1997. 182 с.

Итоги Всероссийской переписи населения 2010 г. Т. 4. Национальный состав и владение языками, гражданство. URL: [http://www.gks.ru/free\\_doc/new\\_site/perepis2010/croc/perepis\\_itogi1612.htm](http://www.gks.ru/free_doc/new_site/perepis2010/croc/perepis_itogi1612.htm). (дата обращения – 20.06.2019).

Кошель С.М. Геоинформационные технологии в геногеографии // Современная географическая картография. М: Дата+, 2012. С. 158–166.

Эвенский язык (Статья на сайте Отдела Севера и Сибири ИЭА РАН). URL: <http://lingsib.iea.ras.ru/ru/languages/even.shtml> (дата обращения – 20.06.2019).

## Сведения об авторах

Агджоян Анастасия Торосовна, к.б.н.;  
ORCID ID: 0000-0002-8776-2934; aagdzhojan@gmail.com;  
Богунов Юрий Васильевич, к.б.н.; forbogunov@inbox.ru;  
Богунова Анна Александровна, к.б.н.; aansyach@yandex.ru;  
Каменщикова Елена Николаевна, к.п.н.;  
mangu\_evgenia@mail.ru;  
Кагазежева Жанета Аслановна, janetka0001@bk.ru;  
Короткова Надежда Александровна;  
ORCID ID: 0000-0003-1760-4700; dargony@mail.ru;  
Чернышенко Дмитрий Николаевич, rabotamech@mail.ru;  
Пономарев Георгий Юрьевич, st26i900@gmail.com;  
Утриван Сергей Александрович;  
ORCID ID: 0000-0002-4459-7211; utrivan1@gmail.com;  
Кошель Сергей Михайлович, к.г.н.;  
ORCID ID: 0000-0002-4540-2922; skoshel@mail.ru;  
Балановский Олег Павлович, д.б.н., профессор РАН;  
ORCID ID: 0000-0003-4218-6889; balanovsky@inbox.ru;  
Балановская Елена Владимировна, д.б.н., профессор РАН;  
ORCID ID: 0000-0002-3882-8300 balanovska@mail.ru.



Аgdzhoyan A.T.<sup>1,2</sup>), Bogunov Y.V.<sup>1,2</sup>), Bogunova A.A.<sup>2</sup>), Kamenshikova E.N.<sup>3</sup>),  
Kagazezheva Zh.A.<sup>1,2,6</sup>), Korotkova N.A.<sup>2,4</sup>), Chernyshenko D.N.<sup>1,2</sup>), Ponomarev G.Y.<sup>1</sup>),  
Utrivan S.A.<sup>2,1</sup>), Koshel S.M.<sup>5</sup>), Balanovsky O.P.<sup>1,2,4</sup>), Balanovska E.V.<sup>2,4</sup>)

<sup>1</sup> Vavilov Institute of General Genetics, RAS, Gubkina st., 3, Moscow, 119991, Russia;

<sup>2</sup> FSBI «Research Centre for Medical Genetics», Moskvorechie st., 1, Moscow, 115522, Russia;

<sup>3</sup> Department of Pedagogics and Professional Education, Amur State University of Humanities and Pedagogy,  
Kirova st., 17/2, Komsomolsk-on-Amur, 681000, Russia;

<sup>4</sup> Biobank of Northern Eurasia, Kotlyakovskaya st., 3, Moscow, 115201, Russia;

<sup>5</sup> Lomonosov Moscow State University, Faculty of Geography, Department of Cartography and Geoinformatics,  
GSP 1, Moscow, 119991, Russia;

<sup>6</sup> Kuban State Medical University, Krasnodar, 350063, Russia

## THE GENETIC PORTRAIT OF THE OKHOTSK AND THE KAMCHATKA EVENS POPULATION

**Materials and methods.** *The gene pool of Okhotsk (N = 59) and Kamchatka (N = 29) Evens was studied on a wide panel of Y-chromosomal markers, highlighting local subvariants within the C-M217 and N-M178 haplogroups. The multidimensional statistical analysis was carried out on the frequencies of 16 large (and therefore more ancient) trunks of Y-chromosomal haplogroups and reflects a more general picture of the position of the Evens gene pool. The genetic distance map from the Evens represents a more accurate pattern that takes into account the distribution of the branches of the haplogroups C and N, the most frequent in the region and the most informative in the reconstruction of the genetic history of the population of the Far East. The samples were formed from unrelated men, all the ancestors of whose through the male line belonged to Evens and lived within this territory for at least three generations. The collection of samples (venous blood) was accompanied by a voluntary written informed consent.*

**Results.** *The similarity of the spectra of Y-chromosomal haplogroups in all studied Even populations was found. In all populations the haplogroup C-M48(xSK1066) predominates averaging four fifths of the Evens gene pool, the minor Pan-Eurasian haplogroup R-M198 (found in all populations with approximately equal frequency, 7%) and «Amur» subhaplogroup N-B479 (found only in Okhotsk Evens with a frequency of 10%). The resulting genetic portraits of the four populations of the Okhotsk and Kamchatka Evens indicate their extreme similarity, not destroyed either by the drift of genes due to the extremely low size of the populations, or by marriages with the surrounding ethnic groups.*

**Conclusion.** *The position of the Even population in the multidimensional genetic space indicates genetic relationships ( $0.07 < d < 0.29$ ) with the populations of the Amur region, Transbaikalian region and Kamchatka, which also reflects the presence in the Evens gene pool of the three components («Amur», «North Kamchatka», «Transbaikalian»). Mapping of genetic distances using the informative subclades of haplogroups C and N reveals a similar pattern, but differently contribution of the three components to the Evens gene pool. The contribution of the «North Kamchatka» component (expressed in the similarity with the Koryaks of the northern regions of Kamchatka) may reflect the genetic interaction between the Koryaks and the Evens populations in the last several centuries, while the other two components are probably related to more earlier dates. It is assumed that the formation of the Evens gene pool (as well as the Udskey Evenks) was based on the predominance of the local Amur (Okhotsk) genetic substrate, which goes back to the Neolithic population of the Amur region. The migration of the Tungusic groups from Transbaikalian region to Amur region brought the language and economic type - reindeer herding but had little impact on the gene pool.*

**Keywords:** gene geography; human population genetics; gene pool; Far East; Amur region; Kamchatka; evens; Y-chromosome; haplogroup

## References

- Balanovskaya E.V., Bogunov YU.V., Kamenshchikova E.N., Balaganskaya O.A., Agdzhoyan A.T. s soavt. Demograficheskiy i geneticheskij portrety ul'chej [Demographic and Genetic Portraits of the Ulchi Population]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2018, 54 (10), pp. 1245-1253. DOI: 10.1134/S1022795418100046. (In Russ.).
- Balanovskaya E.V., Zhabagin M.K., Agdzhoyan A.T., CHuhryaeva M.I., Markina N.V. s soavt. Populyacionnye biobanki: principy organizatsii i perspektivy primeneniya v genogeografii i personalizirovannoy medicine [Population biobanks: Organizational models and prospects of application in gene geography and personalized medicine]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2016, 52 (12), pp. 1227-1243. DOI: 10.1134/S1022795416120024. (In Russ.).
- BD "Y-base" [DB Y-base]. Available at: <http://www.genofond.ru/genofond.ru/default26d8e.html?s=0&p=346>. (Accessed: 20.06.2019). (In Russ.).
- Biobank Severnoj Evrazii [Biobank of Northern Eurasia]. Available at: [www.биобанк.рф](http://www.биобанк.рф). (Accessed: 20.06.2019). (In Russ.).
- Derenko M.V. *Molekulyarnaya filogeografiya korenogo naseleniya Severnoi Azii po dannym ob izmenchivosti mitokhondrial'noi DNK* [Molecular phylogeography of the indigenous population of Northern Asia according to data on mitochondrial DNA variability]. Thesis DSc in Biology, Moscow, 2009. 49 p. (In Russ.).
- Tugolukov V.L., Turvev V.A., Spevakovskii B.A., Kocheshkov N.V. *Istoriya i kul'tura evenov: istoriko-etnograficheskie ocherki* [History and culture of the Evens: historical and ethnographic essays]. St. Petersburg, Nauka Publ., 1997. 182 p. (In Russ.).
- Itogi Vserossiiskoi perepisi naseleniya 2010 goda. T. 4. Nacional'nyj sostav i vladenie yazykami, grazhdanstvo*. [The Results of population census in Russia in 2010]. Available at: [http://www.gks.ru/free\\_doc/new\\_site/perepis2010/croc/perepis\\_itogi1612.htm](http://www.gks.ru/free_doc/new_site/perepis2010/croc/perepis_itogi1612.htm). (Accessed: 20.06.2019). (In Russ.).
- Koshel S.M. Geoinformatsionnye tekhnologii v genogeografii [Geoinformation technologies in gene geography]. In: *Sovremennaya geograficheskaya kartografiya* [Modern geographical cartography]. Moscow, Data+ Publ., 2012, pp. 158-166. (In Russ.).
- Evenskij yazyk (Stat'ya na sajte Otdela Severa i Sibiri IEA RAN)*. [Even language (Article on the website of the Department of the North and Siberia, IEA RAS)]. Available at: <http://lingsib.iea.ras.ru/ru/languages/even.shtml>. (Accessed: 20.06.2019). (In Russ.).
- Balanovsky O., Dibirova K., Dybo A. et al. The Geographic Consortium. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus Region. *Mol. Biol. Evol.*, 2011, 28, pp. 2905-2920. DOI: 10.1093/molbev/msr126.
- Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A. et al. Two sources of the Russian patrilineal heritage in their Eurasian context. *Am. J. Hum. Genet.*, 2008, 82, pp. 236-250. DOI: 10.1016/j.ajhg.2007.09.019.
- Derenko M., Malyarchuk B., Grzybowski T., Denisova G., Dambueva I. et al. Phylogeographic analysis of mitochondrial DNA in northern Asian populations. *Am. J. Hum. Genet.*, 2007, 81 (5), pp. 1025-1041. DOI: 10.1086/522933.
- Illumäe A.M., Reidla M., Chukhryaeva M., Järve M., Post H. et al. Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography that Cuts across Language Families. *Am. J. Hum. Genet.*, 2016, 99 (1), pp. 163-173. DOI: 10.1016/j.ajhg.2016.05.025.
- Karmin M., Saag L., Vicente M., Wilson Sayres M.A., Järve M. et al. A recent bottleneck of Y chromosome diversity coincides with a global change in culture. *Genome Res.*, 2015, 25 (4), pp. 459-466. DOI: 10.1101/gr.186684.114.
- Mallick S., Li H., Lipson M., Mathieson I., Gymrek M. et al. The Simons Genome Diversity Project: 300 genomes from 142 diverse populations. *Nature*, 2016, 538 (7624), pp. 201-206. DOI: 10.1038/nature18964.
- Pagani L., Lawson D.J., Jagoda E., Mörseburg A., Eriksson A. et al. Genomic analyses inform on migration events during the peopling of Eurasia. *Nature*, 2016, 538 (7624), pp. 238-242. DOI: 10.1038/nature19792.
- Pakendorf B., Novgorodov I.N., Osakovskij V.L., Stoneking M. Mating patterns amongst Siberian reindeer herders: inferences from mtDNA and Y-chromosomal analyses. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2007, 133 (3), pp. 1013-1027. DOI: 10.1002/ajpa.20590.
- Siska V., Jones E.R., Jeon S. et al. Genome-wide data from two early Neolithic East Asian individuals dating to 7700 years ago. *Science Advances*, 2017, 3 (2), e1601877. DOI: 10.1038/nature18964.
- Statistica Software*, version 7.1. (StatSoft Inc., Tulsa, OK, USA, 2005).
- Sukernik R.I., Volodko N.V., Mazunin I.O., Eltsov N.P., Dryomov S.V. et al. Mitochondrial genome diversity in the Tubalar, Even, and Ulchi: contribution to prehistory of native Siberians and their affinities to Native Americans. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 2012, 148 (1), pp. 123-138. DOI: 10.1002/ajpa.22050.
- Wong E.H., Khrunin A., Nichols L., Pushkarev D., Khokhrin D. et al. Reconstructing Genetic History of Siberian and Northeastern European Populations. *Genome Res.*, 2017, 27 (1), pp. 1-14. DOI: 10.1101/gr.202945.115.
- Y-DNA Haplogroup Tree 2019. Available at: <https://isogg.org/tree/> (Accessed: 20.06.2019).

## Information about Authors

- Agdzhoyan Anastasiya T., PhD of Biology;  
ORCID ID: 0000-0002-8776-2934; [aagdzhoyan@mail.ru](mailto:aagdzhoyan@mail.ru);
- Bogunov Yuriy V., PhD in Biology, [forbogunov@inbox.ru](mailto:forbogunov@inbox.ru);
- Bogunova Anna A., PhD in Biology, [ansyach@yandex.ru](mailto:ansyach@yandex.ru);
- Kamenshikova Evgeniya N., PhD in Pedagogy,  
[mangu\\_evgenia@mail.ru](mailto:mangu_evgenia@mail.ru);
- Kagazezheva Zhaneta A., [janetka0001@bk.ru](mailto:janetka0001@bk.ru);
- Korotkova Nadezhda A.; ORCID ID: 0000-0003-1760-4700;  
[dargony@mail.ru](mailto:dargony@mail.ru);
- Chemysheko Dmitriy N., [rabotamech@mail.ru](mailto:rabotamech@mail.ru);
- Ponomarev Georgiy Y., [st26i900@gmail.com](mailto:st26i900@gmail.com);
- Utrivan Sergey A.; ORCID ID: 0000-0002-4459-7211;  
[utrivan1@gmail.com](mailto:utrivan1@gmail.com);
- Koshel Sergey, PhD in Geography, ORCID ID: 0000-0002-4540-2922;  
[skoshel@mail.ru](mailto:skoshel@mail.ru);
- Balanovsky Oleg P., DSc in Biology, Professor RAS,  
ORCID ID: 0000-0003-4218-6889; [balanovsky@inbox.ru](mailto:balanovsky@inbox.ru);
- Balanovskaya Elena V., DSc of Biology, Professor RAS;  
ORCID ID: 0000-0002-3882-8300; [balanovska@mail.ru](mailto:balanovska@mail.ru).