

Балановская Е.В.¹⁾, Агджоян А.Т.^{2,1)}, Богунов Ю.В.¹⁾, Богунова А.А.¹⁾, Каменщикова Е.Н.³⁾,
Кагазежева Ж.А.^{2,1)}, Чернышченко Д.Н.¹⁾, Пылёв В.Ю.¹⁾, Жабагин М.К.⁵⁾, Балановский О.П.^{2,1,4)}

¹⁾ ФГБНУ «Медико-генетический научный центр им. Н.П. Бочкова»,
ул. Москворечье, д. 1, Москва, 115522, Россия;

²⁾ ФГБУН «Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН», ул. Губкина, д. 3, Москва, 119991, Россия;

³⁾ ФГБОУ ВО «Амурский гуманитарно-педагогический государственный университет»,
кафедра педагогики профессионального образования,
ул. Кирова, д. 17, корп. 2, Комсомольск-на-Амуре, 681000, Россия;

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

⁵⁾ Национальная лаборатория Астана, Университет им. Назарбаева,
пр. Кабанбай Батир, 53, г. Нур-Султан, 010000, Казахстан

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПЕРЕПЛЕТЕНИЯ ТУНГУСОЯЗЫЧНЫХ НАРОДОВ ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА: ЭВЕНЫ, ЭВЕНКИ, НАНАЙЦЫ

Материалы и методы. Исследован генофонд крупного нанайского рода – Киле, который по данным гуманитарных наук сформирован несколькими миграционными волнами эвенков. Выборка Киле включила 45 мужчин из 14 селений 7 районов Хабаровского края. Большинство Киле относятся к географическим группам озерных и верховых нанайцев и редки среди низовых и горинских нанайцев. Для сравнения привлечены генофонды популяций Дальнего Востока и Центральной Азии, изученные по той же панели из 60 SNP-маркеров Y-хромосомы, что и нанайцы. При анализе методами многомерной статистики и картографии панель маркеров сокращена до 30 для возможности сравнения с менее изученными популяциями.

Результаты. Генетический портрет Киле при анализе только крупных гаплогрупп выглядит гомогенным: 85% С, 12% N, 3% О. При подразделении гаплогруппы С на ветви, выявлено, что три четверти Киле относятся к ветви С-M48, этим Киле резко отличаются от генофонда основного массива нанайцев, у которых эта гаплогруппа редка. График многомерного шкалирования и карта генетических расстояний от Киле подтверждают этот вывод: Киле генетически очень близки к эвенам и эвенкам, относительно близки к ульчам, негидальцам, нивхам и корякам и далеки от всех четырех географических групп нанайцев. Дальнейшее подразделение гаплогруппы С-M48 на информативные для населения Дальнего Востока субветви выявило резкое отличие Киле от эвенков, но впечатляющее сходство с эвенами.

Заключение. Резкие отличия Киле от общего генетического портрета нанайцев согласуются с данными лингвистики и этнографии. Но резкое отличие Киле от эвенков и огромное сходство с эвенами противоречит данным гуманитарных наук. Выдвинута гипотеза, что Киле являются потомками не эвенков, а древней протопопуляции, существовавшей до разделения эвенов, Киле и эвенков, причем только нанайцы Киле и эвены сохранили в своем генофонде субветвь гаплогруппы С-Z40445(xB470,F13686).

Ключевые слова: этногенез; генофонд; родовая структура; народонаселение; Y-хромосома; Приамурье; нанайцы; эвены; эвенки

Введение

Генофонд любого народа являет собой сложный ковер, который плетет история по своему вкусу, неторопливо вплетая разноцветные нити разных племен в и без того сложную основу. И генетик, и антрополог обычно лишь описывают получившийся сложный узор, проводя аналогии с генофондами и

фенофондами других народов в попытке реконструировать только основные вехи генетической и этнической истории. Но для некоторых народов исследователям улыбается удача – возможность осторожно разбирать этот изысканный узор по отдельным нитям, ведущим к другим этносам, и шаг за шагом восстанавливать сложное плетение истории.

Эта удача – сохранение этносом родовой структуры. Когда принадлежность к роду четко наследуется по отцовской линии, то анализ Y-хромосомы, также передающейся строго по отцовской линии, становится уникальным и эффективным инструментом анализа переплетений истории популяций.

Такой инструмент одновременного исследования родовой и генетической структуры используется все шире [Юсупов с соавт., 2019; Жабагин с соавт., 2020; Харьков с соавт., 2020; Calafell et al., 2017; Balinova et al., 2019; Wen et al., 2019]. И в данной работе мы на примере одного из многочисленных родов нанайцев – рода *Киле* – сделаем еще один шаг в реконструкции истории населения Дальнего Востока.

Лишь часть этого населения сейчас говорит на палеоазиатских языках. Остальные народы говорят на языках тунгусо-маньчжурской ветви алтайской семьи. В этой ветви выделяют три группы языков [Реформатский, 2001; Певнов, 2008]. К сибирской группе относят: а) эвенкийский (тунгусский), негидальский, солонский; б) эвенский (ламутский). В маньчжурскую группу входят: а) маньчжурский; б) чжурчжэньский. Амурская группа включает: а) нанайский, ульчский; б) удэгейский, ороцкий. Традиционно сибирскую и амурскую группы объединяют под названием «тунгусоязычных» народов – мы следуем этой традиции.

История формирования самого крупного из коренных этносов Дальнего Востока – нанайского – может служить летописью многочисленных межэтнических контактов на обширной территории бассейна Амура. Как показали наши исследования [Богунов с соавт., 2015, 2018; Балановская с соавт., 2018; Агджоян с соавт., 2019а, 2019б] генофонды народов Дальнего Востока хранят генетическую память и о древних генетических субстратах, и о последующих взаимодействиях. Возможность изучения генофонда методами популяционной генетики с опорой на родовую структурированность этноса позволяет точнее и строже реконструировать генетическую историю. В предыдущих исследованиях мы привлекли для этого генофонды двух родов нанайцев (*Бельды* и *Самар* [Богунов с соавт., 2015, 2018]). В конце XIX века четыре крупнейших рода – *Бельды* (929 чел.), *Киле* (581 чел.), *Ходжер* (456 чел.), *Самар* (425 чел.) – охватывали более половины нанайцев. [Патканов, 2009]. Сейчас род *Киле* переместился со второго на третье место по численности (Федеральная служба государственной статистики, Электронный ресурс. URL: <https://www.gks.ru/>, дата обращения – 06.06.2020).

Совокупность разнообразных сведений о роде *Киле* позволили всем исследователям считать их кочевыми эвенкийскими родами, осевшими среди нанайцев, негидальцев, нивхов, ульчей и благодаря

взаимодействию с ними перешедшему от кочевого оленеводства к охоте, рыболовству, оседлому образу жизни [Штернберг, 1933; Сем, 1959; Долгих, 1960]. Неизвестно число волн миграции эвенков на Дальний Восток, но предполагается, что в итоге мигранты сформировали четыре группы дочерних популяций: негидальцы, нанайский род *Киле*, нанайский род *Самар*, охотские эвенки (Татарского пролива и Сахалина).

Исследователь родовой структуры нанайцев [Сем, 1959] связывает формирование рода *Киле* с двумя волнами расселения эвенков. Первая волна обнаруживается на Амуре, Сунгари и Уссури уже в VIII–X вв., участвуя также в формировании населения Кореи и Северного Китая. Вторая волна – недавние переселенцы с Амгуни и Бурей [Сем, 1959]. Землепроходец Перфильев в XVII веке встретил *Киле* у реки Охоты и в устье Амура [Смоляк, 1975].

В XIX веке *Киле* среди нанайцев были столь своеобразной группой, что их выделяли [Шренк, 2011] даже как особый народ, поскольку их язык существенно отличался и, оставаясь особым диалектом нанайского языка, по фонетике, морфологии и лексике, сближался с эвенкийским. В хозяйственно-культурном облике *Киле* преобладание охоты над рыболовством также сближает их с эвенками. Предания нанайцев рассказывают о роде *Киле* как о совокупности нескольких родов, являющихся потомками эвенков (биджанских, кур-урмийских и амгуньских). Не только нанайцы, но и окружающие их народы (орочи, ороки, ульчи, амурские нивхи) называли нижнеамурских эвенков «Кили».

Исторический ареал нанайцев был значительно шире современного, охватывая обширные области Амура и его притоков – Уссури и Сунгари. По Пекинскому договору (1860 г.) государственная граница прошла по Амуру и Сунгари, разделив нанайцев по двум государствам: в 2010 г. в России нанайцев было примерно в два раза больше (11,7 тыс.), чем в Китае (5,4 тыс.). Даже в начале XX века ареал расселения нанайцев в России намного превосходил наблюдаемый сейчас – существовавшие тогда многие нижнеамурские и уссурийские диалекты остались лингвистами неисследованными. По особенностям родового состава, материальной и духовной культуры, диалектов и брачных связей этнографы в России выделяют четыре субэтноса нанайцев: верховых, низовых, горинских и озерных [Смоляк, 1975; Патканов, 2009; Шренк, 2011; Мальцева, 2016]. В историческом ареале *Киле* (рис. 1) места его наибольшей концентрации приходились на реки Кур и Горин, озеро Болонь и правобережье Амура от озера Гасян до реки Хунгари, входя в субэтносы низовых и озерных нанайцев. Исходя из наших

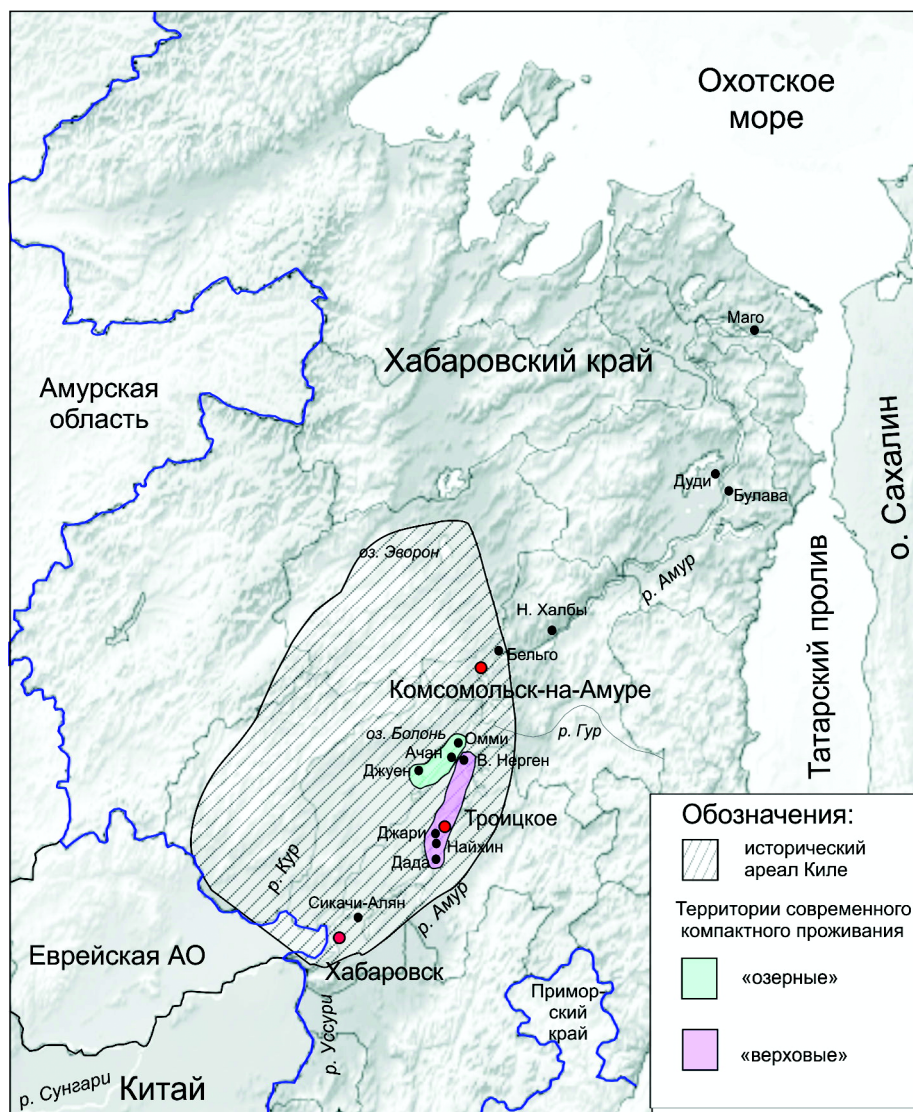


Рисунок 1. Исторический и современный ареалы нанайского рода *Киле*
 Figure 1. Historical and modern areas of residence of Nanai's tribe *Kile*

полевых исследований, ареал *Киле* значительно сузился, но остается в рамках исторического: выявлены две зоны компактного проживания *Киле* – в области реки Кур и озера Болонь (рис. 1). Если «низовая» группа *Киле* (р. Кур) связывается с южной миграцией, то более многочисленная «озерная» группа *Киле* (о. Болонь) – с сибирской миграцией. Расположение озера Болонь на периферии восточносибирской тайги и долины Амура привело к взаимодействию двух миграционных потоков – из Сибири и Амура. Часть археологических памятников, открытых здесь, связана с амурскими чжурчжэнями и датируется IX–XI веками. Предполагается, что крупные поселения коренного населения были уничтожены войсками Чингисхана [Медведев, 1995], ставка которого располагалась на восточном берегу Болони и на реке

Гур (Первая археологическая спутниковая карта озера Болонь, острова Ядасян и Амурского района. Дебри ДВ, Электронный ресурс). Река Серебряная, соединяющая озеро Болонь с Амуром и входящая в нерестовый маршрут кеты, служила воротами для потоков миграции приамурского населения. Причем (по семейным преданиям старожилов) до начала XX века (до коллективизации) между потомками разных миграционных потоков сохранялась социокультурная дистанция, различия в языке и в промысловой деятельности. Жизнеобеспечение родов с «большой реки» строилось на вылове озерной рыбы и лосося. У *Киле*, селившихся ближе к тайге, в начале XX века сохранялось отгонное оленеводство и контакты с сибирскими народами: на зиму они перегоняли оленей через горную тайгу в сторону Якутии, а весной возвращались на Болонь,

занимаясь ловлей озерной и проходной рыбы, и сбором растений (Приводится по: материалы авторов – со слов Л.А. и В.М. Киле, с. Ачан, Амурский район Хабаровского края, 24.06.2016). С началом коллективизации, промышленного освоения района и укрупнения селений, сократились и ареал, и численность коренного населения [Киле, 1977]. Постепенно происходила межкультурная интеграция родовых групп различного происхождения, завершившаяся их вхождением в состав нанайского этноса и потерей относительной самостоятельности.

Поскольку нанайцы обследованы нами субтотально на всем их ареале, то можно утверждать остальные территориальные группы *Киле* – горинские, охотские, кур-урмийские и амгунские – уже практически исчезли. *Киле*, встреченные нами в других популяциях, были мигрантами из двух оставшихся популяций Кур и Болонь. В род *Киле* входят сейчас подрода *Юкэминкэ*, *Удинка*, *Донкан* [Липский, 1925].

Как показали наши исследования [Богунов с соавт., 2015, 2018], генофонды крупных нанайских родов все еще сохраняют своеобразие родительских популяций, проявляющееся в накоплении «мажорной» гаплогруппы Y-хромосомы. Можно надеяться, что и род *Киле* сохранил генетическую память о своем происхождении. Поскольку обширный этнографический материал свидетельствует в пользу эвенкийского происхождения *Киле*, цель данной работы – изучение на модели генофонда *Киле* переплетений истории коренного населения Приамурья и волн эвенкийского расселения на Дальнем Востоке по данным об изменчивости Y-хромосомы.

Материалы и методы

Основная анализируемая выборка образцов ДНК (N=45) включает 45 нанайцев рода *Киле* (включая 4 нанайцев из подрода *Донкан*), собранная в ходе пятилетних экспедиционных исследований (2012–2016 гг.). Охваченный выборкой ареал *Киле* велик: 14 населенных пунктов семи районов Хабаровского края (перечисленных в порядке убывания N – числа изученных представителей *Киле*): Нанайский N=20 (села В. Нерген, Дада, Джари, Найхин); Амурский N=17 (села Ачан, Джуен, Омми); Комсомольский N=3 (села Бельго, Н. Халбы; Комсомольск-на-Амуре); Ульчский N=2 (села Булава, Дуди); Николаевский N=1 (село Маго); Охотский N=1 (село Юдман); Хабаровский N=1 (село Сикачи-Алян). Все образцы собраны в соответствии с правилами формирования популяционных выборок

[Балановская с соавт., 2016]. В выборку включены мужчины, предки которых на протяжении не менее чем трех поколений относили себя к данному роду и данному этносу. Общая выборка генетически изученных нанайцев составляет N=281 человек со следующим делением выборки по субэтносам и количеством представителей рода *Киле* в каждом субэтнотипе: верховые нанайцы (верхнее и среднее течение Амура) N=139, N_{киле}=21; низовые (нижнее течение Амура) N=62, N_{киле}=5; озерные N=47, N_{киле}=19; горинские N=33, N_{киле}=0.

Выделение ДНК из венозной крови проведено методом фенол-хлороформной экстракции с использованием протеиназы К. Генотипирование 60 SNP-маркеров Y-хромосомы для образцов ДНК проведено на приборах 7900HT Real-Time PCR System (Applied Biosystems) и Quant Studio 12k Flex with OpenArray block с использованием TaqMan зондов. В наименованиях гаплогрупп их определяющий ДНК-маркер указан согласно актуальной версии ISOGG (Available at: <https://isogg.org/tree/>. Accessed: 20.06.2019). Популяции для сравнения получены из базы данных «Y-base», разработанной под руководством О.П. Балановского (БД «Y-base», Электронный ресурс).

Генетические расстояния Нея [Nei, 1975] рассчитаны, как и в наших предыдущих работах по дальневосточным популяциям [Агджоян с соавт., 2019а, 2019б] в программе DGenetic [Balanovsky et al., 2008] и визуализированы методом многомерного шкалирования в программе Statistica 7 по панели 30 гаплогрупп Y-хромосомы: **C2-M217 (xM407,F3918,F3791,M48), C2-M407, C2-F3918, C2-F3791(xF5481), C2-F5481, C2-M48(xSK1066), C2-SK1066, E-M35.1, G-M285, G-P15, I-M253, I-P37.2, J-M267, J-M172, L-M11, N-P43, N-B211, N-M2118, N-VL29, N-Z1936, N-F4205, N-B202, N-B479, O3-M122, Q-M242, R1a-M198, R1b-M73, R1b-M269, R2-M124, T-L206.**

Картографический анализ проведен в программе GeneGeo [Balanovsky et al., 2011; Кошель, 2012] по тем же 30 гаплогруппам Y-хромосомы. Картографические модели построены методом средневзвешенной интерполяции с радиусом влияния 1700 км и значением степени весовой функции 3 [Балановская, Балановский, 2007, с. 343–345; Кошель, 2012] по данным о частотах гаплогрупп Y-хромосомы из базы данных «Y-base» [БД «Y-base», Электронный ресурс (дата обращения – 10.06.2019)].

На первом этапе для каждой из 30 гаплогрупп созданы карты генетических расстояний от средней частоты этой гаплогруппы в популяции нанайцев рода *Киле* до интерполированных значений частоты этой гаплогруппы в каждой точке карты.

На втором этапе было найдено среднее значение генетических расстояний по всем гаплогруппам для каждой точки карты, и таким образом создана обобщенная карта генетических расстояний от нанайцев рода *Киле*. Во всех видах анализа, где приведены четыре субэтнуса нанайцев, образцы рода *Киле* из них не удалялись, чтобы не внести искажения в общую картину генетических соотношений между субэтнусами.

Результаты

Генетический портрет нанайского рода Киле

Генетический портрет *Киле*, нарисованный крупными штрихами – крупными гаплогруппами – выглядит гомогенным: 84% принадлежат к гаплогруппе **C**, 9% – к гаплогруппе **N** (варианты **N3a6-B479** и **N2-P43**), 7% – к гаплогруппе **O3** (вариант **O3-M134**). Гаплогруппа **C** представлена четырьмя ветвями: 71% **C-M48(xSK1066)**; 9% **C-F3918**; 2% **C-F3791(xF5481)**; 2% **C-M217(xM48, F3918, F3791, M407)**. То есть почти три четверти представителей рода *Киле* относятся к гаплогруппе **C-M48**, широко распространенной в Северной и Центральной Азии. Но столь высокой частоты – более половины генофонда – гаплогруппа **C-M48** достигает только у эвенов (78%), у некоторых групп казахов (64-76%) и у эвенков (53-60%) [БД «Y-base», Электронный ресурс. дата обращения – 10.06.2019]. У самих нанайцев в целом частота гаплогруппы **C-M48** в четыре раза ниже (18%, варьируя по 4 субэтнусам от 3% до 27%), чем у *Киле*. У нанайцев в целом преобладает другая гаплогруппа – **N3a6-B479** (44%, варьируя по 4 субэтнусам от 24% до 73%), однако у *Киле* эта гаплогруппа редка (6%).

Итак, даже простое описание генетического портрета *Киле* указывает на его резкое отличие от общего портрета нанайцев за счет преобладания у *Киле* гаплогруппы **C-M48**. Поэтому, чтобы извлечь информацию о генетической истории *Киле*, мы провели детальный анализ субветвей гаплогруппы **C-M48** у народов Дальнего Востока. Оказалось, что основная часть представителей *Киле* относится к субветви **C-Z40445** (67%), и лишь единичные – к субветвям **C-B470** и **C-B80**. Субветвь **C-Z40445**, доминирующая у *Киле*, оказалась у нанайцев в целом в шесть раз реже (12%, варьируя по субэтнусам от 3% до 23%).

Представители *Донкан*, считающегося подродом *Киле*, оказались генетически своеобразными. Один из них является носителем редкой у *Киле* гаплогруппы **N3a6-B479**, а трое остальных – носителями таких линий гаплогруппы **C**, которые не встречаются у остальных подродов *Киле*: **C-CTS4021(xM407)**

и **B93(xGG_16645386)**. Такое своеобразие может указывать на особую генетическую историю *Донкан*, отличную от основной группы *Киле*.

Нанайцы Китая, к сожалению, изучены по узкой панели маркеров [Xue et al., 2006], не позволяющей их включить в дальнейший статистический анализ. Но даже эта панель указывает, что они в значительной мере утратили исходный генофонд и приблизились к генофонду Китая: гаплогруппа **C-M48** составляет у них 11% (у *Киле* 71%, у нанайцев России 18%, у маньчжуров Китая 3-8%, у китайцев хань 0%) в то время как частота гаплогруппы **O3** у нанайцев Китая повысилась до 44% (у *Киле* – 3%, у нанайцев России 6%, у маньчжуров Китая 37-63%, у китайцев хань 32-69%). Неожиданно высокая частота гаплогруппы **N2-P43** у нанайцев Китая (18%) может указывать на эффект основателя и дрейф генов, поскольку она редка на Дальнем Востоке (у *Киле* – 6%, у нанайцев России 1%, у маньчжуров Китая 0-3%, у китайцев хань 0%) [Karafet et al., 2001; Katoh et al., 2005; Xue et al., 2006; Zhong et al., 2011]. Для сравнения укажем, что орохоны Китая – в отличие от нанайцев – сохранили и в Китае особенности своего генофонда: соотношение гаплогрупп **C-M48** и **O3** у них обратное нанайцам Китая (**C-M48** 42% и **O3** 20%) [Xue et al., 2006].

Положение рода Киле в генетическом пространстве народов Дальнего Востока

При расчете сходства представителей рода *Киле* с другими популяциями панель Y-гаплогрупп пришлось свернуть до более крупных и соответственно сократить в два раза (с 60 до 30 маркеров), поскольку лишь небольшое число популяций генотипировано по той же широкой панели маркеров, как нанайцы. В таблице (рис. 2) приведены генетические расстояния от рода *Киле* до 20 народов Сибири и Дальнего Востока, но на графике многомерного шкалирования (рис. 2) мы приводим только ту часть генетического пространства, в котором находятся самые генетически близкие к *Киле* популяции. Здесь четко выделяются три кластера, условно названные «нанайский», «эвенкийский» и «охотский».

Все четыре субэтнуса нанайцев вошли в единый «нанайский» кластер. Однако при выделении из всех нанайцев рода *Киле* его генофонд оказывается совсем в другом кластере – «эвенкийском», объединяясь с эвенами и эвенками Приамурья и Забайкалья. Приведенные на рисунке 2 генетические расстояния (*d*) от *Киле* до эвенов и эвенков крайне малы ($0,02 < d < 0,08$), а расстояния от *Киле* до нанайских субэтнусов на один-два порядка

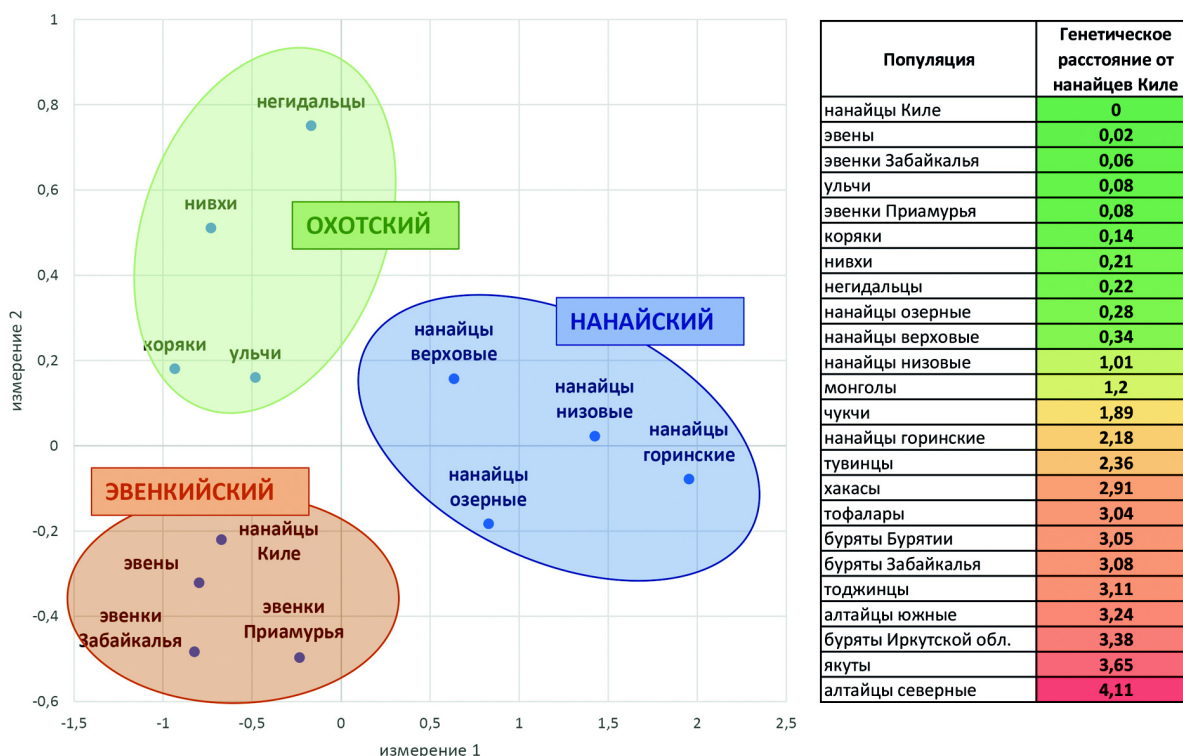


Рисунок 2. График многомерного шкалирования и матрица генетических расстояний от *Киле* до популяций коренного населения Дальнего Востока
Figure 2. The multidimensional scaling graph and the matrix of genetic distances from *Kile* to indigenous populations of the Far East

выше ($0,28 < d < 2,18$). Причем наблюдается четкая отрицательная корреляция (коэффициент Спирмена = -1): чем больше доля *Киле* в субэтнотипе, тем меньше генетическое расстояние (d) от *Киле* до субэтнотипа: среди генетически изученных озерных нанайцев *Киле* составляют 40%, $d=0,28$; среди верховых нанайцев доля *Киле* 15%, $d=0,34$; среди низовых нанайцев 8% *Киле*, $d=1,01$; среди горинских нанайцев *Киле* нет, $d=2,18$ и горинские нанайцы оказались генетически от *Киле* дальше, чем монголы ($d=1,20$) и чукчи ($d=1,89$). Понятно, что если исключить представителей *Киле* из субэтнотипов, то они окажутся еще более удалены от *Киле* (и «эвенкийского» кластера в целом).

Третий «охотский» кластер, включивший ульчей, коряков, нивхов и негидальцев с интервалом расстояний от *Киле* $0,08 < d < 0,22$, оказался в среднем в шесть раз ближе к *Киле* ($D_{\text{MEAN}} = 0,16$), чем «нанайский» кластер ($D_{\text{MEAN}} = 0,95$). Иными словами, мы наблюдаем четкую картину не просто генетического своеобразия рода *Киле*, но и явную близость их генофонда в первую очередь к эвенкам и эвенкам, а также к другим этносам Охотского побережья, но не к нанайцам.

Картографический анализ генетических расстояний от *Киле* (рис. 3, положение *Киле* отмечено

звездочкой) делает эту картину зримой. Все популяции восточных эвенков от Забайкалья до низовий Амура, изученные по полной панели (30 SNP маркеров) генетически близки к *Киле* (зеленовато-желтые тона карты). Генетически близки к *Киле* и обе популяции эвенков – и материковая (по литературным данным [Karafet et al., 1997; Karafet et al., 2002; Tambets et al., 2004]), и на побережье Охотского моря (данные нашего коллектива, в генофонд которой мы объединили 2 популяции охотских и 2 популяции камчатских эвенков, которые генетически почти тождественны [Агджоян с соавт., 2019a] и поэтому помещены в ареале охотских эвенков, откуда они относительно недавно мигрировали на Камчатку). Обратим внимание, сколько резко отличается генофонд якутов Приамурья (оранжево-коричневые тона), географически являющихся соседями как эвенков Приамурья, так и разных групп нанайцев. Почти так же, как и эвены, на карте генетически близки к нанайцам *Киле* три географически близких популяции коренного населения низовий Амура – ульчи, амурские нивхи и негидальцы. Удивляет, конечно, близость к *Киле* генофонда коряков Камчатки (этот вопрос будет рассмотрен ниже). Таким образом, на карте генетических расстояний от *Киле* отображаются

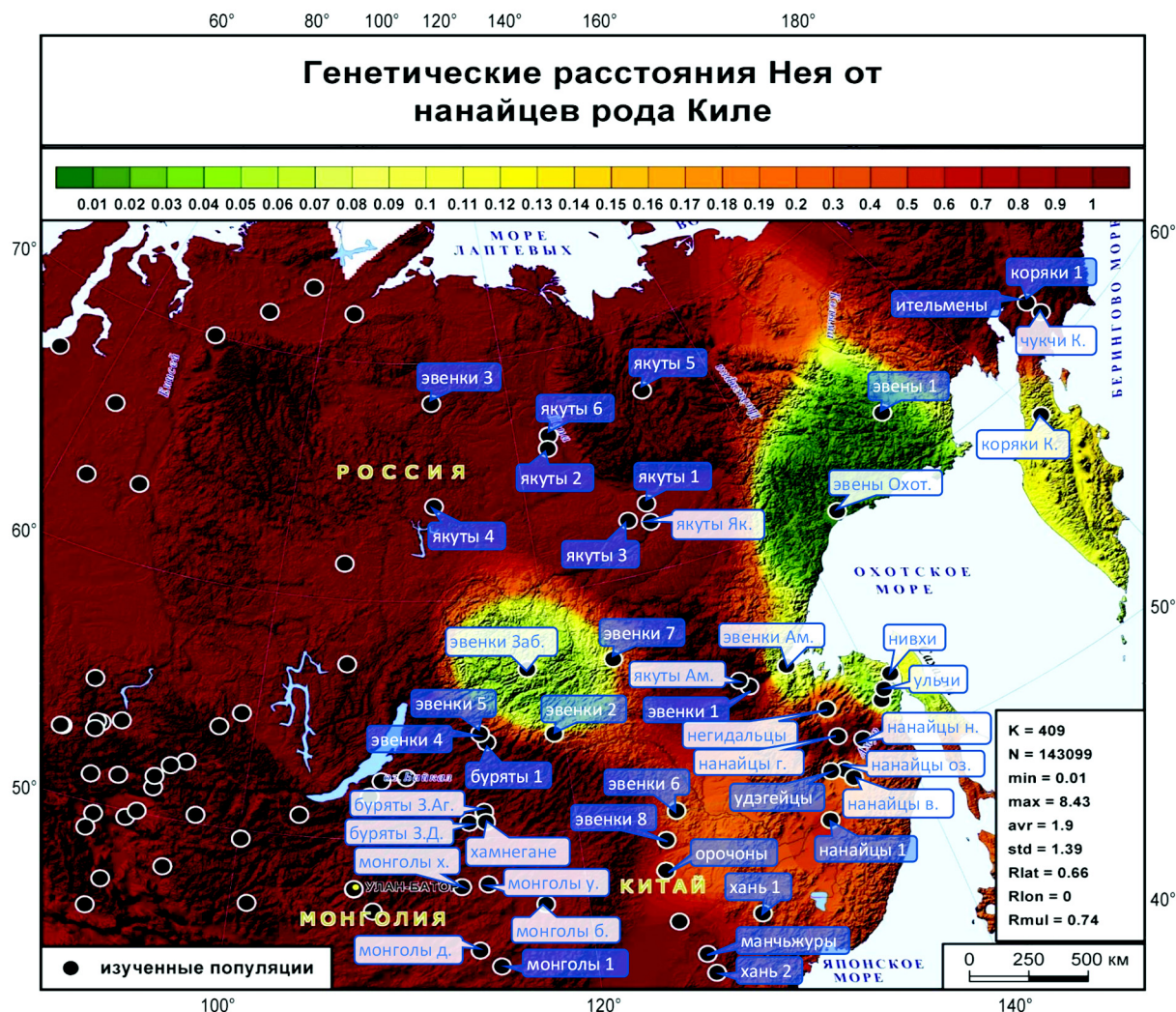


Рисунок 3. Карта генетических расстояний от *Киле* до популяций коренного населения Дальнего Востока и Центральной Азии

Figure 3. Map of genetic distances from Kile to indigenous populations of the Far East and Central Asia

Примечания. На рисунке подписями с белым фоном обозначены популяции, изученные нашим научным коллективом, а именно: эвены Охот. (эвены Охотского побережья и Камчатки), эвенки Ам. (эвенки Приамурья), монголы у. (монголы узумчины), монголы х. (монголы халха), монголы б. (монголы барга), монголы д. (монголы дариганга), буряты З.Аг. (буряты Забайкальского края, Агинский район), буряты З.Д. (буряты Забайкальского края, Дульдургинский район), коряки К. (коряки Камчатки), нанайцы в. (нанайцы верховые), нанайцы г. (нанайцы горинские), нанайцы н. (нанайцы низовые), нанайцы оз. (нанайцы озёрные), негидальцы, нивхи, ульчи, хамнигане, чукчи К. (чукчи Камчатки), эвенки Ам. (эвенки Приамурья), якуты Ам. (якуты Приамурья), якуты Як. (якуты республики Саха (Якутия)). Подписями с фиолетовым фоном на карте обозначены популяции, изученные иными научными коллективами и опубликованные в научной литературе.

Notes. In the figure, signatures with a white background indicate the populations studied by our research team, namely the Evens of Okhotsk sea coast, Evenks of Amur river, Uzemchin Mongols, Khalkha Mongols, Barga Mongols, Dariganga Mongols, Buryats of Zabaykalsky Krai, Aginsky district, Buryats of Zabaykalsky Krai, Duldurginsky district, Koryaks of Kamchatka, Nanais of upper middle Amur, Gorinsky Nanais, Nanais of lower Amur, Lake Nanais, Negidals, Nivkhs, Ulch, Hamnigans, Chukchi of Kamchatka, Evenks of Okhotsk sea cost, Evenki of Zabaykalsky Krai, Evens of Okhotsk sea cost, Yakuts of Far East (Amur river), Yakuts of Republic of Sakha (Yakutia). Signatures with a purple background indicate the populations studied by other research teams and published in the scientific literature.

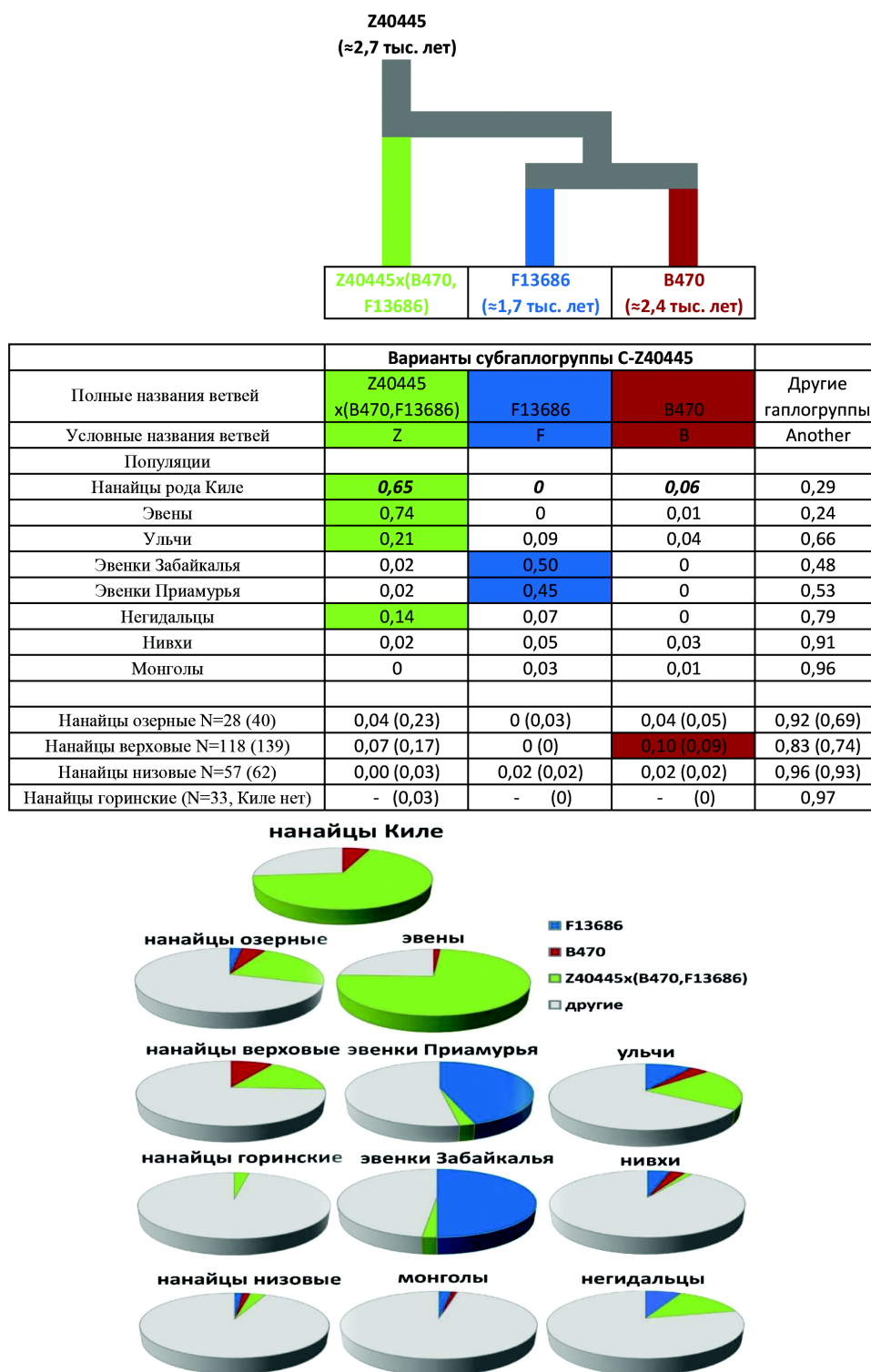


Рисунок 4. Популяционные частоты трех ветвей субгруппы **C-Z40445**, мажорной в генофонде *Киле*
Figure 4. Population frequencies of three branches of the **C-Z40445** sub-haplogroup, the major one in the *Kile* gene pool

Примечания. На схеме сверху приведена схема филогении трех ветвей и их датировки, цветовые обозначения ветвей одинаковы на схеме, в таблице (где цветом обозначены частоты $q > 0,10$) и на круговых диаграммах. В таблице для субэтносов нанайцев приведены частоты ветвей при исключении представителей *Киле*, а в скобках даны частоты с учетом *Киле*. Из выборки озерных нанайцев по маркерам **Z40445**, **B470** и **F13686** генотипированы только 40 образцов, из которых 12 относятся к нанайцам *Киле*. (Продолжение примечания на следующей странице)

два генетических компонента: «эвенкийский», связывающий Киле с генофондом восточных эвенков и эвенов, и «охотский», выраженный в генофондах тунгусо-маньчжурских (ульчи) и палеоазиатских (нивхи, коряков) народов Приамурья и Камчатки. При этом ареал субэтнотипов самих нанайцев окрашен в оранжевые тона больших генетических расстояний от их собственного рода Киле.

Детальный анализ мажорной гаплогруппы рода Киле

Для уточнения переплетений генетической истории нанайцев и других этносов проведен дополнительный анализ линий внутри субгаплогруппы **C-Z40445** – одной из наиболее частых линий у *Киле*. В пределах субгаплогруппы **C-Z40445** нами изучены три ее ветви (рис. 4), которым для краткости дадим условные обозначения: **В** для **B470**; **Ф** для **F13686**; **З** для **Z40445(xB470,F13686)**. При этом только ветви **В** и **Ф** являются ветвями в полном смысле – они охарактеризованы своими маркерами. Но вариант **З** является «сборным» – он включает все прочие ветви внутри гаплогруппы **C-Z40445**, в том числе еще не описанные. Схема на рисунке 4 указывает, что филогенетически ветвь **Ф** самая молодая (примерно 1,7 тыс. лет). А ветви в пределах варианта **З** могут быть старше (примерно до 2,7 тыс. лет).

Коряки не присутствуют в этом анализе, так как они пока не генотипированы на мелкие ветви гаплогруппы **С**. Но исходя из их генетической истории и результатов анализа аутосомного генофонда можно уверенно предполагать, что их линии Y-хромосомы будут совсем иными.

В остальных популяциях, которые генетически близки к *Киле* (рис. 2 и 3), распространение ветвей **В**, **Ф** и **З** оказалось крайне неравномерным (рис. 4).

Ветвь **З** преобладает у рода *Киле*, составляя две трети его генофонда. Еще выше его частота у эвенов (74%). Со значимыми частотами он обнаружен у ульчей (21%) и негидальцев (14%). Но в обеих группах эвенков – и Забайкалья, и Приамурья – он практически отсутствует (2%).

Ветвь **Ф** демонстрирует почти обратную картину: с высокими частотами она обнаружена в обеих

группах эвенков, составляя половину их генофонда (в Забайкалье 50%, в Приамурье 45%). Но и у *Киле*, и у эвенов ветвь **Ф** полностью отсутствует, хотя встречается у других народов Приамурья (нанайцы, негидальцы, нивхи) и Центральной Азии (монголы, казахи).

Ветвь **В** вновь указывает на отличия *Киле* от эвенков: у эвенков она отсутствует, в то время как у *Киле* и в других изученных популяциях Приамурья присутствует, хотя и с низкими частотами 1-10% (исключение составляют негидальцы, но для них выборка мала, хотя и является субтотальной).

Обсуждение

Спектр гаплогрупп Y-хромосомы нанайцев *Киле* резко отличается от такового как для обобщенной выборки нанайцев, так и для каждого из субэтнотипов нанайцев (верховых, низовых, горинских и озёрных). Главной причиной таких различий является доля гаплогруппы **C-M48**, преобладающей у *Киле* (а также – у эвенов и эвенков Приамурья и Забайкалья), но более редкой в субэтнотипах нанайцев. Именно различия в частотах гаплогрупп приводят к той картине, которая отражается на графике многомерного шкалирования (рис. 2), а именно – положение *Киле* внутри «эвенкийского» кластера среди эвенов и восточных эвенков и отдаление от субэтнотипов нанайцев. Похожая закономерность прослеживается и по карте генетических расстояний (рис. 3): наибольшее сходство *Киле* прослеживается главным образом с генофондом восточных эвенков и эвенов, но с популяциями субэтнотипов нанайцев – «оранжево-красные» тона генетической отдаленности. Такая картина говорит в пользу гипотезы значительного эвено-эвенкийского пласта в генофонде рода *Киле*. Для проверки этой гипотезы проведена уточненная характеристика Y-линий в пределах субгаплогруппы **C-Z40445**, составляющей две трети генофонда нанайцев *Киле*. Такой анализ выявляет наличие высокой доли ветви **З** (рис. 4) у нанайцев *Киле* и эвенов, но практически отсутствие этой ветви у эвенков и Приамурья, и Забайкалья. Таким образом, не подтверждается гипотеза происхождения нанайцев *Киле* от эвенков, но обнаруживается очень большая близость к генофонду эвенов.

(Продолжение примечания к рис. 4)

Notes to Figure 4. The diagram at the top shows the phylogeny of the three branches and their Dating. The color symbols of the branches are the same in the diagram, in the table (where the color indicates the frequency $q > 0.10$) and in the pie charts. The table for Nanai sub-ethnic groups shows the branch frequencies with the exception of *Kile* representatives, and the frequencies with *Kile* are given in parentheses. From the sample of lake Nanai, only 40 samples were genotyped using markers **Z40445**, **B470** and **F13686**, of which 12 belong to the *Kile* Nanai.

Заключение

Генофонд нанайского рода *Киле* резко отличается от общего генетического портрета нанайцев, что полностью согласуется с данными лингвистики и этнографии. Однако положение этих наук о том, что нанайцы рода *Киле* являются прямыми потомками эвенков, находится в противоречии с результатами анализа генофондов. Итоги детального анализа мажорной гаплогруппы однозначно указывают на резкое отличие *Киле* от эвенков и огромное сходство с эвенами. По совокупности полученных данных можно выдвинуть гипотезу, что восточные эвенки, представленные в анализе популяциями от Забайкалья до побережья Охотского моря, не участвовали в формировании рода *Киле*. Представители нанайского рода *Киле* и эвены являются носителями иной ветви гаплогруппы **C-Z40445**, чем эвенки. Можно предположить, что *Киле* являются потомками не эвенков, а древней протопопуляции, существовавшей до разделения эвенов, *Киле* и эвенков. Эти впервые обнаруженные переплетения генетических нитей эвенов, нанайского рода *Киле* и эвенков выявили совершенно новый узор, дальнейшее исследование которого позволит проверить выдвинутую гипотезу.

Благодарности

Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России при частичной поддержке РФФИ (проект № 17-06-00472_а), гранта №AP 05134955 МОН РК и администрации Камчатского края.

Библиография

- Агджоян А.Т., Богунов Ю.В., Богунова А.А., Каменщикова Е.Н., Кагазежева Ж.А. с соавт. Генетический портрет охотских и камчатских эвенов // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2019а. № 2. С. 116-125.
- Агджоян А.Т., Богунов Ю.В., Богунова А.А., Каменщикова Е.Н., Запороженко В.В., с соавт. Мозаика генофонда эвенков: забайкальский и амурский сегменты // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2019б. № 3. С. 67-76. DOI: 10.32521/2074-8132.2019.3.067-076.
- Балановская Е.В., Балановский О.П. Русский генофонд на Русской равнине. М.: Луч, 2007. ISBN 978-5-87140-267-2.
- 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.
- Балановская Е.В., Богунов Ю.В., Каменщикова Е.Н., Балаганская О.А., Агджоян А.Т. с соавт. Демографический и генети-

- ческий портреты ульчей // Генетика, 2018. Т. 54. № 10. С. 1218-1227. DOI: 10.1134/S0016675818100041.
- БД «Y-base», Электронный ресурс. URL: <http://www.genofond.ru/genofond.ru/default26d8e.html?s=0&p=346>. (дата обращения – 10.06.2019).
- Богунов Ю.В., Мальцева О.В., Богунова А.А., Балановский О.П. Нанайский род Самар: Структура генофонда по данным маркеров Y-хромосомы // Археология, этнография и антропология Евразии, 2015. Т. 43. № 2. С. 146-152. DOI: 10.17746/1563-0102.2015.43.2.146-152.
- Богунов Ю.В., Жабагин М.К., Богунова А.А., Каменщикова Е.Н., Мальцева О.В. с соавт. Генофонд коренных народов Дальнего Востока: генетическая реконструкция происхождения нанайских родов (Бельды и Самар) // Генетика, 2018. Т. 54. № 13. С. 99-102. DOI: 10.1134/S0016675818130052.
- Долгих Б.О. Родовой и племенной состав народов Сибири в XVII веке. М.: АН СССР, 1960.
- Жабагин М.К., Дамба Л.Д., Короткова Н.А., Чернышенко Д.Н., Утриван С.А. с соавт. Анализ родоплеменной структуры тувинцев по маркерам Y-хромосомы // Генетика, 2020. Т. 56, № 6, С. 732-738. DOI: 10.31857/S0016675820060132.
- Киле Н.Б. Образные слова в тунгусо-маньчжурских языках (отчет, 1977 г.) // Архив Института истории, археологии и этнографии народов Дальнего Востока. Ф. 6. Оп. 1. Д. 14.
- Кошель С.М. Геоинформационные технологии в геногеографии // Современная географическая картография. М.: Дата+, 2012. С. 158-166.
- Липский А.Н. Краткий обзор маньчжуро-тунгусских племён бассейна Амура // Первый туземный съезд ДВО. Хабаровск: УНКФ, 1925. С. V-LI.
- Мальцева О.В. «Озерные» нанайцы: изменения в землепользовании в первой половине XX века (на примере болонских нанайцев) // Проблемы археологии, этнографии, антропологии Сибири и сопредельных территорий, 2016. Т. 22. С. 524-527.
- Медведев В.Е. Уникальные находки на песчаном берегу вблизи озера Болонь // Традиционная культура Востока Азии. Благовещенск: Изд-во Благ. гос. пед. ин-та, 1995. С. 64-70.
- Патканов С.К. Статистические данные, показывающие племенной состав населения Сибири, язык и роды инородцев: Т. 1–3: в 2 кн. Кн. 1. СПб.: Альфарет, 2009.
- Левнов А.М. Лингвистические пути решения тунгусо-маньчжурской проблемы // Вопросы языкознания, 2008. Вып. 5. С. 63-83.
- Первая археологическая спутниковая карта озера Болонь, острова Ядасян и Амурского района. Дебри ДВ, Электронный ресурс. URL: http://debri-dv.com/m/article/18835/pervaya_arheologicheskaya_sputnikovaya_karta_ozera_bolon_ostrova_yadasyan_i_amurskogo_rayona (дата обращения – 22.06.2018).
- Реформатский А.А. Введение в языковедение. М.: Аспект-Пресс, 2001. ISBN: 5-7567-0202-4.
- Сем Ю.А. Родовая организация нанайцев и ее разложение. Владивосток: ДВФ СО АН СССР, 1959.
- Смоляк А.В. Этнические процессы у народов Нижнего Амура и Сахалина. М.: Наука, 1975.
- Харьков В. Н., Новикова Л.М., Штыгашева О.В., Лузина Ф.А., Хитринская И.Ю. с соавт. Генофонд хакасов и шорцев по маркерам Y-хромосомы: общие компоненты и генетическая структура родов // Генетика, 2020. Т. 56, № 7. С. 826-833.
- Федеральная служба государственной статистики, Электронный ресурс. URL: <https://www.gks.ru/> (дата обращения – 06.06.2020).
- Шренк Л.И. Об инородцах Амурского края, в 3 томах. Т. 1. СПб.: Альфарет, 2011.
- Штернберг Л.Я. Гиляки, орочи, гольды, негидальцы, айны. Хабаровск: Дальгиз. 1933.
- Юсупов Ю.М., Схалыхо Р.А., Агджоян А.Т., Асылгузин Р.Р., Олькова М.В. с соавт. Анализ генофонда юго-восточных башкир в контексте их родовой структуры (по данным о полиморфизме

Y-хромосомы) // Вестник Московского университета. Серия XXIII. Антропология, 2019. № 4. С. 54-66. DOI: 10.32521/2074-8132.2019.4.054-066.

Сведения об авторах

Балановская Елена Владимировна, д.б.н., профессор,
ORCID ID: 0000-0002-3882-8300; balanovska@mail.ru;
Агджоян Анастасия Торосовна, к.б.н.,
ORCID ID: 0000-0002-8776-2934; aagdzhojan@gmail.com;
Богунув Юрий Васильевич, к.б.н.,
ORCID ID: 0000-0001-7643-3660; forbogunov@inbox.ru;
Богунова Анна Александровна, к.б.н.,
ORCID ID: 0000-0001-9543-1492; ansyach@yandex.ru;
Каменищикова Евгения Николаевна, к.п.н.,

ORCID ID: 0000-0003-1484-0820; mangu_evgenia@mail.ru;
Кагазежева Жанета Аслановна,
ORCID ID: 0000-0003-1666-0380; janetka0001@bk.ru;
Чернышенко Дмитрий Николаевич,
ORCID ID: 0000-0001-7156-1049; rabotamech@mail.ru;
Пылёв Владимир Юрьевич, ORCID ID: 0000-0001-9541-8319;
freetrust@ya.ru;
Жабагин Максат Кизатович, к.б.н.,
ORCID ID: 0000-0003-3414-0610; mzhabin@gmail.com;
Балановский Олег Павлович, д.б.н., профессор РАН,
ORCID ID: 0000-0003-4218-6889; balanovsky@inbox.ru.

Поступила в редакцию 23.06.2020,
принята к публикации 30.06.2020.

Balanovska E.V.¹⁾, Agdzhojan A.T.^{2,1)}, Bogunov Y.V.¹⁾, Bogunova A.A.¹⁾, Kamenshchikova E.N.³⁾,
Kagazezheva Zh.A.^{2,1)}, Chernyshenko D.N.¹⁾, Pylev V.Yu.¹⁾, Zhabagin M.K.⁵⁾, Balanovsky O.P.^{2,1,4)}

¹⁾FSBI «Research Centre for Medical Genetics», Moskvorechie st., 1, Moscow, 115522, Russia;

²⁾Vavilov Institute of General Genetics RAS, Gubkina st., 3, Moscow, 119991, Russia;

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

⁴⁾Biobank of Northern Eurasia, Kotlyakovskaya st., 3, Moscow, 115201, Russia;

⁵⁾National Laboratory Astana, Nazarbayev University, Kabanbay Batyr Avenue, 53,
Nur-Sultan, 010000, Kazakhstan

GENETIC ENTANGLING OF THE TUNGUSIC-SPEAKING POPULATIONS OF THE FAR EAST: EVENS, EVENKS, NANAI

Materials and methods. We studied the gene pool of the large Nanai clan Kile which, according to social studies, had been formed by several waves of Evenki migrations. The Kile sample consisted of 45 males from 14 settlements located in 7 different parts of the Khabarovsk region. Most Kile members geographically belong to either upriver or lake Nanai groups and are rarely found among the downriver and Gorin Nanai. Our sample was compared to the gene pools of Far East and Central Asian populations, which were investigated using the same panel of 60 Y-chromosome SNP markers. Multivariate analysis and linkage maps allowed us to reduce the number of SNPs in the panel to 30 markers for subsequent comparison with less studied populations.

Results. According to the analysis of large haplogroups, the genetic portrait of the Kile looks homogenous: haplogroup **C** constitutes 85% of the sample, whereas haplogroups **N** and **O**, 12% and 3%, respectively. The analysis of haplogroup **C** branches revealed that three-quarters of the Kile represent the **C-M48** branch, demonstrating a sharp contrast between the Kile and the majority of the Nanai, who rarely belong to this haplogroup. The multidimensional scaling plot and the map of genetic distances support this conclusion: the Kile are very close genetically to the Evens and Evenki, relatively close to the Ulchi, Negidal, Nivkh and Koryaks, and distant to all 4 Nanai groups. Further analysis of **C-M48** subgroups uncovered a sharp difference between the Kile and Evenki and a striking similarity between the Kile and Evens.

Conclusion. The drastic differences between the Kile and the overall genetic portrait of the Nanai are consistent with the available linguistic and ethnographic data. However, the stunning differences between the Kile and Evenki and the striking similarity between the Kile and Evens contradict the data generated by social sciences. In light of this, we propose a hypothesis that the Kile are not descended from the Evens, but from an ancient protopopulation that existed before the divergence of Evens, Kile and Evenki, and that only the Kile and Evens preserve the **Z40445(xB470,F13686)** subbranch of haplogroup **C** in their gene pool.

Keywords: ethnogenesis; gene pool; clan structure; population; Y-chromosome; Amur River basin; Nanai; Evens; Evenki

References

- Agdzhoyan A.T., Bogunov Yu.V., Bogunova A.A., Kamenshchikova E.N., Kagazheva Zh.A. et al. Geneticheskii portret okhotskikh i kamchatskikh evenov [The genetic portrait of the Okhotsk and the Kamchatka Evens populations]. *Moscow University Anthropology Bulletin* [Vestnik Moskovskogo Universiteta. Series XXIII. Anthropologiya], 2019a, 2, pp. 116-125. DOI: 10.32521/2074-8132.2019.2.116-125. (In Russ.).
- Agdzhoyan A.T., Bogunov Yu.V., Bogunova A.A., Kamenshchikova E.N., Zaporozhchenko V.V. et al. Mozaika genofonda evenkov: zabaikalskii i amurskii segment [The mosaic of the Evenks gene pool: Transbaikalian and Amur segments]. *Moscow University Anthropology Bulletin* [Vestnik Moskovskogo Universiteta. Series XXIII. Anthropologiya], 2019b, 3, pp. 67-76. DOI: 10.32521/2074-8132.2019.3.067-076. (In Russ.).
- Balanovskaya E.V., Balanovskii O.P. *Russkij genofond na Russkoi ravnine* [The Russian gene pool on the Russian Plain]. Moscow, Luch Publ., 2007. 416 p. ISBN 978-5-87140-267-2. (In Russ.).
- Balanovskaya E.V., Zhabagin M.K., Agdzhoyan A.T., Chukhryaeva M.I., Markina N.V. et al. Populyatsionnye biobanki: principy organizatsii i perspektivy primeneniya v genogeografii i personalizirovannoi meditsine [Population biobanks: Organizational models and prospects of application in genegeography and personalized medicine]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2016, 52 (12), pp. 1227-1243. DOI: 10.1134/S1022795416120024. (In Russ.).
- Balanovskaya E.V., Bogunov Yu.V., Kamenshchikova E.N., Balaganskaya O.A., Agdzhoyan A.T. et al. Demograficheskii i geneticheskii portrety ul'chei [Demographic and genetic portraits of Ulchi]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2018, 54 (10), pp. 1218-1227. DOI: 10.1134/S0016675818100041. (In Russ.).
- BD «Y-base». Available at: <http://www.genofond.ru/genofond.ru/default26d8e.html?s=0&p=346>. Accessed 10.06.2019.
- Bogunov Yu.V., Mal'tseva O.V., Bogunova A.A., Balanovskii O.P. Nanaiskii rod Samar: Struktura genofonda po dannym markerov Y-khromosomy [The Nanai clan Samar: the structure of gene pool based on Y-chromosome markers]. *Arkheologiya, Etnografiya i Antropologiya Evrazii* [Archaeology, Ethnology & Anthropology of Eurasia], 2015, 43 (2), pp. 146-152. DOI: 10.17746/1563-0102.2015.43.2.146-152. (In Russ.).
- Bogunov Yu.V., Zhabagin M.K., Bogunova A.A., Kamenshchikova E.N., Mal'tseva O.V. et al. Genofond korennykh narodov Dal'nego Vostoka: geneticheskaya rekonstruktsiya proiskhozhdeniya nanaiskikh rodov (Bel'dy i Samar) [Gene pool of the indigenous peoples of the Far East: the genetic reconstruction of the origin for the two Nanai Clans (Beldy and Samar)]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2018, 54 (13), pp. 99-102. DOI: 10.1134/S0016675818130052. (In Russ.).
- Dolgikh B.O. *Rodovoi i plemennoi sostav narodov Sibiri v XVII veke* [Ancestral and tribal composition of the peoples of Siberia in the XVII century]. Moscow, AN SSSR Publ., 1960. 662 p. (In Russ.).
- Zhabagin M.K., Damba L.D., Korotkova N.A., Chernyshenko D.N., Utrivan S.A. et al. Analiz rodoplemenoi struktury tuvincev po markeram Y-khromosomy [Analysis of clan structure of Tuvans by Y-chromosome markers]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2020, 56 (6), pp. 732-738. DOI: 10.31857/S0016675820060132. (In Russ.).
- Kile N.B. *Obraznye slova v tunguso-manchjurskikh yazikakh (otchet, 1977 g.)* [Formed words in Manchu-Tungusic languages (report, 1977)]. Archive of the Institute of history, archeology and Ethnography of the peoples of the Far East, F.6, Op.1, D.14. Manuscript. (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.).
- Lipskij A.N. Kratkij obzor man'chzhuro-tunguskikh plemion bassejna Amura [A brief overview of the Manchu-Tungus tribes of the Amur basin]. In *Pervyi tuzemnyi s'ezd DVO* [The first native congress of the Far Eastern Federal District]. Khabarovsk, UNKF Publ., 1925, pp. V-LI. (In Russ.).
- Mal'tseva O.V. «Ozernye» nanaitsey: izmeneniya v zemlepol'zovanii v pervoi polovine XX veka (na primere bolon'skikh nanaitsev) [Lake Nanais: changes in land use in the first half of the XX century (on the example of the Bologna Nanais)]. *Problemy arkheologii, etnografii, antropologii Sibiri i sopredel'nykh territorii* [Problems of Archaeology, Ethnography and Anthropology of Siberia and Neighboring Territories], 2016, 22, pp. 524-527. (In Russ.).
- Medvedev V.E. Unikalnye nashodki na peschanom beregu vblizi ozera Bolon [Unique finds on the sandy shore near Lake Bolon]. In *Traditsionnaya kultura Vostoka Azii* [Traditional culture of East of Asia]. Blagoveshensk, BSPI Publ., 1995, pp. 64-70. (In Russ.).
- Patkanov S.K. *Statisticheskie dannye, pokazyvayushhie plemennoi sostav naseleniya Sibiri, jazyk i rody inorodtsev* [Statistical data showing the tribal composition of the population of Siberia, language and clans of foreigners: T. 1-3: in 2 books.]. St. Petersburg, Al'faret Publ., 2009. 636 p. (In Russ.).
- Pevnov A.M. Lingvisticheskie puti resheniya tunguso-man'chzhurskoi problem [Linguistic ways to solve the tunguso-Manchurian problem]. *Voprosy yazykoznaniya* [Topics in the study of language], 2008, 5, pp. 63-83. (In Russ.).
- Pervaya arheologicheskaya sputnikovaya karta ozera Bolon', ostrova YAdasyan i Amurskogo rajona. Debriv DV. Available at: http://debriv-dv.com/m/article/18835/pervaya_arheologicheskaya_sputnikovaya_karta_ozera_bolon_ostrova_yadasyan_i_amurskogo_rayona. Accessed 22.06.2018. (In Russ.).
- Reformatskii A.A. *Vvedenie v yazykovedenie* [Introduction to linguistics]. Moscow, Aspekt-Press Publ., 2001. 536 p. ISBN: 5-7567-0202-4. (In Russ.).
- Sem Ju.A. *Rodovaya organizatsiya nanajcev i ee razlozhenie* [Nanai's Clan Organization and Its Decomposition]. Vladivostok, DVF SO AN SSSR Publ., 1959. 31 p. (In Russ.).
- Smolyak A.V. *Etnicheskie protsessy u narodov Nizhnego Amura i Sakhalina* [Ethnic processes in the peoples of the Lower Amur and Sakhalin]. Moscow, Nauka Publ., 1975. 232 p. (In Russ.).
- Kharkov V.N., Novikova L.M., Shtygasheva O.V., Luzina F.A., Khitinskaya I.Yu. et al. Genofond hakasov i shorcev po markeram Y-khromosomy: obshchie komponenty i geneticheskaya struktura rodov [Gene Pool of Khakass and Shors from Y-Chromosome Markers: General Components and Tribal Genetic Structure]. *Genetika* [Russian Journal of Genetics], 2020, 56 (7), pp. 826-833. (In Russ.).
- Federal'naya sluzhba gosudarstvennoy statistiki. Available at: <https://www.gks.ru>. Accessed 06.06.2020. (In Russ.).
- Shrenk L.I. *Ob inorodtsakh Amurskogo kraja* [About the aliens of the Amur Region]. St. Petersburg, Al'faret Publ., 2011. T. 1. 340 p. (In Russ.).
- Shternberg L.Ya. *Gilyaki, orochoi, gol'dy, negidal'tsy, ainy* [Gilyaks, Orochs, Gols, Negidals, Ainu]. Khabarovsk, Dal'giz Publ., 1933. 730 p. (In Russ.).
- Yusupov Yu.M., Skhalyakho R.A., Agdzhoyan A.T., Asylguzhin R.R., Ol'kova M.V. et al. Analiz genofonda yugo-vostochnykh bashkir v kontekste ikh rodovoi struktury (po dannym o polimorfizme Y-khromosomy) [Analysis of the gene pool of South-Eastern Bashkirs in the context of their generic structure (according to data on Y-chromosome polymorphism)]. *Moscow University Anthropology Bulletin* [Vestnik Moskovskogo Universiteta. Series XXIII. Anthropologiya], 2019, 4, pp. 54-66. DOI: 10.32521/2074-8132.2019.4.054-066. (In Russ.).
- Balanovsky O., Rootsi S., Pshenichnov A., Kivisild T., Chumosov M. 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.
- Balanovsky O., Dibirova K., Dybo A., Mudrak O., Frolova S. et al. Parallel evolution of genes and languages in the Caucasus Region. *Mol. Biol. Evol.*, 2011, 28, pp. 2905-2920. DOI: 10.1093/molbev/msr126.
- Balinova N., Post H., Kushniarevich A., Flores R., Karmin M. et al. Y-chromosomal analysis of clan structure of Kalmyks, the only European Mongol people, and their relationship to Oirat-Mongols

- of Inner Asia. *Eur J Hum Genet.*, 2019, 27 (9), pp. 1466-1474. DOI: 10.1038/s41431-019-0399-0.
- Calafell F., Larmuseau M.H.D. The Y chromosome as the most popular marker in genetic genealogy benefits interdisciplinary research. *Hum. Genet.*, 2017, 136 (5), pp. 559-573. DOI: 10.1007/s00439-016-1740-0.
- ISOGG. Available at: <https://isogg.org/tree/>. Accessed: 20.06.2019.
- Karafet T., Zegura L., Vuturo-Brady J., Posukh O., Osipova L. et al. Y chromosome markers and Trans-Bering Strait dispersals. *Am. J. Phys. Anthropol.*, 1997, 102, pp. 301-314. DOI: 10.1002/(SICI)1096-8644(199703)102:3<301::AID-AJPA1>3.0.CO;2-Y.
- Karafet T., Xu L., Du R., Wang W., Feng S., et al. Paternal Population History of East Asia_ Sources, Patterns, and Microevolutionary Processes. *Am. J. Hum. Genet.*, 2001, 69 (3), pp. 615-628. DOI: 10.1086/323299.
- Karafet T., Osipova L., Gubina M., Posukh O., Zegura L., et al. High Levels of Y-Chromosome Differentiation among Native Siberian Populations. *Hum. Biol.*, 2002, 74 (6), pp.761-789.
- Katoh T., Munkhbat B., Tounai K., Mano S., Ando H., et al. Genetic features of Mongolian ethnic groups revealed by Y-chromosomal analysis. *Gene*, 2005, 346, pp. 63-70. DOI: 10.1016/j.gene.2004.10.023.
- Nei M. *Molecular Population Genetics and Evolution*. Amsterdam, North-Holland Publ. Co., 1975. 288 p.
- Tambets K., Rootsi S., Kivisild T., Help H., Serk P., et al. The western and eastern roots of the Saami the story of genetic "outliers" told by mitochondrial DNA and Y chromosomes. *Am. J. Hum. Genet.*, 2004, 74 (4), pp. 661-682. DOI: 10.1086/383203.
- Wen S.Q., Yao H.B., Du P.X., Wei L.H., Tong X.Z., et al. Molecular genealogy of Tusi Lu's family reveals their paternal relationship with Jochi, Genghis Khan's eldest son. *J. Hum. Genet.*, 2019, 64 (8), pp. 815-820. DOI: 10.1038/s10038-019-0618-0.
- Xue Y., Zerjal T., Bao W., Zhu S., Shu Q., et al. Male demography in East Asia: a north-south contrast in human population expansion times. *Genetics*, 2006, 172 (4), pp. 2431-2439. DOI: 10.1534/genetics.105.054270.
- Zhong H., Shi H., Qi X., Duan Z., Tan P., et al. Extended Y-chromosome investigation suggests post-Glacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. *Mol. Biol. Evol.*, 2011, 28 (1), pp. 717-727. DOI: 10.1093/molbev/msq247.

Information about the Authors

Balanovska Elena V., Doctor of Biology, Professor, ORCID ID: 0000-0002-3882-8300; balanovska@mail.ru;
Agdzhoyan Anastasiya T., PhD of Biology, ORCID ID: 0000-0002-8776-2934; aagdzhoyan@gmail.com;
Bogunov Yury V., PhD of Biology, ORCID ID: 0000-0001-7643-3660; forbogunov@inbox.ru;
Bogunova Anna A., PhD of Biology, ORCID ID: 0000-0001-9543-1492; ansyach@yandex.ru;
Kamenshchikova Evgeniya N., PhD of Pedagogy, ORCID 0000-0003-1484-0820; mangu_evgenia@mail.ru;
Kagazezheva Zhaneta A., ORCID: 0000-0003-1666-0380; janetka0001@bk.ru;
Chernyshenko Dmitry N., ORCID ID: 0000-0001-7156-1049; rabotamech@mail.ru;
Pylev Vladimir Yu., ORCID ID: 0000-0001-9541-8319; freetrust@ya.ru;
Zhabagin Maxat K., PhD of Biology, ORCID ID: 0000-0003-3414-0610 mzhabagin@gmail.com;
Balanovsky Oleg P., Doctor of Biology, Professor RAS, ORCID ID: 0000-0003-4218-6889 balanovsky@inbox.ru.