


57



Биолого-почвенный факультет

На правах рукописи

ШЕРЕМЕТЬЕВА

Валентина Алексеевна

ПОПУЛЯЦИОННАЯ ГЕНЕТИКА НАРОДОВ СЕВЕРО-ВОСТОЧНОЙ
АЗИИ В СВЯЗИ С ПРОБЛЕМАМИ ЭТНИЧЕСКОЙ АНТРОПОЛОГИИ

(Антропология № 578)

Автореферат диссертации
на соискание ученой степени
кандидата биологических наук

ИЗДАТЕЛЬСТВО МОСКОВСКОГО УНИВЕРСИТЕТА • 1973

Работа выполнена на кафедре антропологии Биолого-почвенного факультета МГУ.

Научный руководитель:

Доктор биологических наук, профессор Юрий Григорьевич РЫЧКОВ.

Официальные оппоненты:

Доктор биологических наук, профессор Владимир Павлович ЭФРОИМСОН.

Кандидат биологических наук, старший научный сотрудник Наталия Николаевна МИКЛАШЕВСКАЯ.

Внешний отзыв Института медицинской генетики АМН СССР.

Защита состоится *18 мая* 1973 г. на заседании Ученого Совета антропологического отделения Биолого-почвенного факультета МГУ (Москва, проспект К.Маркса, 18, НИИ антропологии МГУ).

Автореферат разослан *22 марта* 1973 г.

С диссертацией можно ознакомиться в библиотеке Института антропологии.

Ученый секретарь Л.К. КАРМАНОВА.

1151
В течение последних десятилетий популяционно-генетическими исследованиями охвачено практически все население разных районов мира. В ряде монографий обобщены сведения о концентрациях генов, контролирующих различные иммунологические и биохимические свойства человека, что позволило получить представление о мировом распределении их и для некоторых генов создать первые карты распространения их в мировом масштабе (Mourant, 1954, 1958; Schwidetzky, 1962; Туманов, 1968; Туманов, Томилин, 1969; Эфроимсон, 1968, 1971). Обнаружилось огромное пространственное разнообразие в концентрации наследственных особенностей сочетающееся с закономерным распределением их по континентам земного шара. Такое закономерное пространственное распределение генетической информации связано, прежде всего, с историей заселения человеком континентов и островов, но одновременно в нем отражены итоги длительного воздействия условий среды на генетическую структуру популяций.

Особый интерес в связи с этим представляет изучение генетической структуры заведомо древних популяций, изолированных в окраинных районах мира и испытывавших в течение сотен поколений воздействие экстремальных условий среды обитания.

Таким окраинным регионом представляется Северная Азия в целом и, в частности, ее Северо-Восточная часть — область древней Берингии, служившей мостом для проникновения человека в Западное полушарие.

Давно и прочно установленное совокупностью данных археологии, этнографии, лингвистики и антропологии положение о древних связях и исходном генетическом родстве народов Северной Азии и Америки, очевидно, нуждается и в собственно гене-

тическом освещении. Такое рассмотрение проблемы требует данных по генетике коренного населения Северной Азии.

До самого последнего времени эти данные отсутствовали и территория Северной Азии, за исключением сведений о распределении групп крови АВО, представляла белое пятно в мировой геногеографии человека. Группы крови АВО были изучены, начиная с 1927 года в 50 популяциях, с общим объемом выборки 9852 человека ¹⁾.

Другие признаки, служащие генетическими маркерами, были изучены крайне отрывочно как по общему объему наблюдений, так и, главное, по охваченным районам Северной Азии и числу популяций (от 29 до 3 популяций).

Начиная с 1963 года по 1971 год автор принимал участие в Сибирской антропологической экспедиции МГУ (руководитель профессор Ю.Г.Рычков), в качестве практиканта, а в последующем сотрудника и начальника отрядов. Задачей экспедиции поставлено систематическое популяционно-генетическое изучение коренного населения Северной Азии. Непосредственно автором,

1) Приведены данные следующих авторов: Хинкин, 1927; Мелких, 1929; Furuhata, 1930; Вишневецкий, 1936; Дебец, 1939; Шлугер, 1940; Белкина, Ярхо, 1947; Левин, 1958, 1959; Гохман, 1963; Бунак, 1964; Золотарева, 1964; Гальперин, Житомирский, 1967; Золотарева, Башлай, 1968; Алексеев, Беневоленская, Гохман, Давыдова, Жомова, 1968; Алексеева, Волков-Дубровин, Павловский, Смирнова, Спицин, Шекочихина, 1971; Горохов, 1971; Алексеева, Волков-Дубровин, Голубчикова, Павловский, Смирнова, Спицин, 1972; Спицин, 1972.

наряду с другими разделами программы, выполнялся популяционно-генетический раздел работы.

Исследование основано на сравнительных данных о концентрации генов одиннадцати локусов групп крови (АВО, MN_S, Rh₊, P, Lewis, Kell, Duffy, Diego), сывороточных белков (Hr, Tf) и чувствительности к РТС.

Благодаря этому исследованию, проведенному от Зауралья до Тихоокеанского побережья и Командорских островов, в настоящей работе для характеристики генетической структуры коренного населения Северной Азии используются оригинальные данные, полученные для 131 популяции с общим объемом наблюдений 5894 человека. Следует указать, что в силу разной степени дефицитности, применявшихся реагентов и разной степени сложности методов определения генетических маркеров в полевых условиях, перечисленные выше генетические маркеры изучены неравномерно. В суммарной характеристике генетической структуры населения Северной Азии (табл. I) объединены собственные и указанные выше литературные данные. Характеристика народов Америки приводится по совокупности литературных источников ²⁾.

Для разработки проблем биологии и истории народов Северной Азии и Америки особый интерес представляют популяции, локализованные в северной части Тихоокеанского бассейна - в области Берингии. В самой географической локализации своей, как и

2) Heinbecker, 1927; Fabricus-Hansen, 1940; Matson, Helen, 1949; Laughlin, 1949, 1966; Eldon, 1952; Mourant, 1954, 1958; Chown, Lewis, 1956; Schwidetzky, 1962; Person, Tungs-gaard, 1968; Kirk, 1968; Post, Neel, Schull, 1968 и др.

в истории освоения этих мест они воспроизводят звенья той древней цепи популяций, которая возникла в эпоху верхнего палеолита с проникновением человека в Западное полушарие. В плане истории — это проблема происхождения, родства, расселения и контактов народов северных побережий и островов Тихого океана. В плане биологии — это проблема адаптации популяций в природных условиях Берингии, в которых сложился хозяйственно-культурный тип арктических морских охотников и рыболовов.

Этногенетические аспекты этой проблемы разрабатывались такими исследователями, как F. Воав, В. Г. Богораз, A. Hrdlicka, Г. Ф. Дебец, А. М. Золотарев, В. И. Иохельсон, М. Г. Левин, W. Laughlin.

Существенную роль в работах указанных авторов играли антропологические методы и антропологические данные, в которых трудно оценить проявление генетической и средовой компонент изменчивости в картине соотношений антропологических типов населения. Популяционно-генетические методы привлекли нас возможностями анализа именно генетической компоненты в оценке биологических расстояний между популяциями.

На фоне тщательного антропологического изучения генетические данные о населении Берингии были в литературе, вплоть до последнего времени, крайне ограничены (Laughlin, 1950; Левин, 1958, 1959).

В 1965–1970 годах нами были получены популяционно-генетические данные об алеутах Командорских островов, азиатских эскимосах и береговых чукчах п-ова Чукотка и коряках Камчатки, рассмотрение которых в свете более общих проблем, связанных с Берингией, составляет основную часть данной работы.

Диссертация состоит из введения, пяти глав и выводов. Разделы автореферата соответствуют содержанию глав диссертации.

ПРОБЛЕМА ЗАСЕЛЕНИЯ АМЕРИКИ И ГЕНЕТИЧЕСКОГО РОДСТВА НАРОДОВ АМЕРИКИ С КОРЕННЫМ НАСЕЛЕНИЕМ СЕВЕРНОЙ АЗИИ В СВЕТЕ ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДАННЫХ

Первоначальное заселение Америки ряд исследователей относит на основании радио-углеродных датировок ко времени 37000–38000 лет назад (Hopkins, 1959; Lothrop, 1961; Wormington, 1962; Kriger, 1964; Мочанов, 1969).

Данные о том, что помимо Тихоокеанского направления основных этнических связей (Чебоксаров, 1949; Дебец, 1951) имеются и собственно сибирские (новые археологические памятники, открытые на территории Якутии, Ю. А. Мочанов, 1969, 1972), позволяют нам для рассмотрения этой проблемы привлечь популяционно-генетические материалы по народам Северной Азии.

Если американские индейцы могут рассматриваться как представители древней формы азиатского расового ствола (Рогинский, 1937; Hrdlicka, 1942; Дебец, 1947, 1958), то приводимая нами характеристика средних концентраций генов \bar{q} по народам Северной Азии в целом может трактоваться как характеристика некоторой исходной (ныне отсутствующей) популяции. Обоснования такой трактовки содержатся в ряде работ (Рычков, 1965, 1969; Алтухов и Рычков, 1970; Cavalli-Sforza, Bodmer, 1971). Поэтому, хотя нас и интересуют именно средние концентрации генов \bar{q} , как возможность ретроспективной характеристики древней

исходной популяции, эта характеристика возможна, если концентрации генов в системе популяций установлены статистически надежно ³⁾ (табл. I). Понятно, что при таком усреднении мы отвлекаемся от той изменчивости во всех конкретных популяциях (см. значения минимум и максимум в табл. I), которая по некоторым локусам - например, ABO - столь велика, что достигает почти мирового размаха. Район Северной Азии слишком велик, поэтому в диссертации дополнительно рассматриваются данные для Сибири, Приморья и Северо-Востока. Концентрации генов, будучи перенесены на мировые карты Mourant (1954, 1958) показывают, что иногда один и тот же район Северной Азии, иногда разные, сопоставимы с Американским континентом. Это и служит указанием на не случайность сходства, т.е. на общность происхождения этих народов, сохраняющуюся в общности генетической структуры.

В работе применена количественная оценка степени общности через меру обобщенного генетического расстояния. В качестве меры генетического расстояния мы использовали среднее по числу независимых аллелей из квадратов угловых расстояний, получаемых arcsos - преобразованием Фишера частот аллельных генов по каждому из локусов в сравниваемой паре популяции (Cavalli-Sforza, Edwards, 1967; Малутов, Пасеков, 1971; Maluytov, Paszekov, Rychkov, 1972).

Генетическое расстояние для пары Северная Азия - Америка оказывается равным $\theta^2 = 0,0390$. Мы не можем прямо оценить эту величину как большую или малую, а потому воспользуем-

3) Эффективно - репродуктивный размер N_e в популяциях Северной Азии достаточно устойчив, о чем будет сказано ниже.

Таблица I

Генетическая структура коренного населения Северной Азии и сравнительные данные по коренному населению Америки (\bar{q} - средняя концентрация генов, $s_{\bar{q}}$ - стандартная ошибка, в %; k - число популяций)

Гены	Северная Азия в целом			Северо- Восток (Чукотка, Камчатка, Командоры)		Западное полушарие			
	k	min-max	$\bar{q} \pm s_{\bar{q}}$	k	\bar{q}	эскимосы		индейцы	
						k	\bar{q}	k	\bar{q}
A	164	2-56	$19 \pm 0,7$	22	22	18	28	190	10
B		0-58	$18 \pm 0,8$		12		7		2
O		85-90	$63 \pm 0,9$		66		65		88
MS	75	0-81	$26 \pm 1,7$	12	22	9	18	128	22
M _s		3-69	$33 \pm 1,5$		34		59		51
NS		0-53	$16 \pm 1,4$		16		0		5
N _s		0-56	$26 \pm 1,5$		27		27		22
CDE		1-34	$11 \pm 1,0$		15		1		2
CDe	72	1-70	$32 \pm 1,7$	12	35	8	57	125	50
cDE		5-56	$28 \pm 1,4$		30		39		39
cDe		1-72	$26 \pm 1,7$		20		3		3
d		0-41	$2 \pm 0,7$		0		0		6
Le ^a	64	0-58	$19 \pm 2,2$	14	12	5	0	12	8
F _I	93	3-78	$38 \pm 2,3$	13	23	5	24	86	40
K	41	0-16	$6 \pm 0,8$	10	4	4	0	18	1
Fy ^a	36	2-50	$28 \pm 2,6$	7	16	6	86	106	71
D1 ^a	23	0-17	$8 \pm 0,1$	7	10	6	1	106	7
Hp ^I	41	11-75	$33 \pm 2,1$	13	30	13	32	77	53
Tr ^{I-c}	27	0-7	$1 \pm 0,3$	10	2	4	1	72	3
t	40	0-76	$42 \pm 4,4$	10	43	3	57	18	23
T ₁	31	14-75	$41 \pm 3,4$	6	47				
T ₂		1-55	$17 \pm 2,6$		6				

ся сравнительными данными. Эти две, ныне разорванные, системы в прошлом (если концентрации генов в них трактовать, как концентрации в прапопуляциях), отстояли друг от друга примерно так же, как ныне различаются между собой заведомо близкие популяции одного народа. Так, для популяций эвенков на Нижней и Подкаменной Тунгусках по нашим данным, средний квадрат углового расстояния составил $\bar{\theta}^2 = 0,0246$, а для изученных нами популяций тофаларов в Восточных Саянах в двух поселках, отстоящих друг от друга на 100 км, величина $\bar{\theta}^2 = 0,0885$.

Таким образом, коренное население Северной Азии, трактуемое как целое, оказывается генетически действительно близко к трактуемым в свою очередь, как целое, народам Западного полушария.

Однако, следует иметь в виду, что при таком сопоставлении народов Северной Азии и Америки, как приведенное здесь, мы как бы отвлекаемся от среды их обитания, принимая ее как нейтральную, от времени прошедшего с момента их разделения, и от микрорезволюционных преобразований, совершившихся за это время в каждой из возникших систем популяций. Другими словами в генетической близости мы предполагаем лишь свидетельство родства, а в родстве — указание на историю заселения.

К ВОПРОСУ О ВЫДЕЛЕНИИ АРКТИЧЕСКОЙ ГРУППЫ ТИПОВ И ПОЛОЖЕНИИ ЭТОЙ ГРУППЫ ОТНОСИТЕЛЬНО АНТРОПОЛОГИЧЕСКИХ ТИПОВ СЕВЕРОАЗИАТСКИХ И ТИХООКЕАНСКИХ НАРОДОВ

Г.Ф.Дебец (1951) выделил арктическую группу типов, объединяющую эскимосов, чукчей, коряков и алеутов. Такая же, с некоторыми частными расхождениями касающимися алеутов, аркти-

ческая группа типов была ранее выделена Н.Н.Чебоксаровым (1947).

Для рассмотрения вопроса о выделении арктической группы типов и положении этой группы относительно тихоокеанского и североазиатского круга народов мы также привлекаем генетические материалы.

Рассматривая средние концентрации генов для арктической группы в целом (табл. I), в характеристику которой вошли данные о частотах генов в отдельных популяциях алеутов, эскимосов, чукчей, коряков (табл. B), мы удавливаем в целом промежуточность положения этой группы народов относительно коренного населения Сибири и Америки (табл. I).

Однако, по генам целого ряда локусов концентрации имеют не промежуточные, а крайние значения. Помимо известной особенности для представителей арктического типа в Северной Азии — высокой концентрации гена А групп крови АВО, наблюдаются крайние значения следующих генов: MS, N₂, CDE, d, P_I, Fy^a, Hp.

Таким образом, на фоне в целом промежуточного положения, и в генетических материалах видна специфика этого типа населения, что согласуется с выделением его в особый арктический антропологический тип.

В антропологической характеристике арктической группы большую роль играет такой признак, как очень интенсивная пигментация волос. Этот признак охарактеризован нами рефлекто-спектрометрически для эскимосов, чукчей, коряков и алеутов. Средний показатель коэффициента отражения, равный $0,0221 \pm 0,0009$ для эскимосов, чукчей, коряков и алеутов, достаточно выделяет, крайне однородную, арктическую группу популяций от

других народов Северной Азии, где среднее значение коэффициента отражения равно $0,0272 \pm 0,0056$.

Единственно, что не нашло отражения в генетических материалах — это наличие специфических кнотихоокеанских черт антропологического типа арктических популяций. В диссертации обсуждаются возможные причины этого. В частности, освещается распределение гена $D1^A$ групп крови Diego, как дифференцирующего североазиатских и американских монголоидов от народов Юго-Восточной Азии и Полинезии.

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ДАННЫЕ К ПРОБЛЕМЕ "ЭСКИМОССКОГО КЛИНА"

В результате работ Северо-Тихоокеанской экспедиции Дезюпа, проводившей обширные исследования в Северо-Восточной Азии в начале нашего столетия, появилось представление об "эскимосском клине", разъединившем древнюю Азиатско-Американскую цепь культур и популяций.

Как показали А.М.Золотарев (1938), основываясь на данных археологии и этнографии, Г.Ф.Дебец (1951) и М.Г.Левин (1958) на основании соматологических и краниологических исследований — представление об "эскимосском клине", будто бы разделяющем народы Северной Азии и Америки не находит подтверждения. Эскимосское население оказывается переходным звеном в цепи физических типов, а особенности типа их культуры могут рассматриваться как результат специфического приспособления к условиям жизни и хозяйства в Арктике.

При всей убедительности антропологических заключений об отсутствии "эскимосского клина", остается открытым вопрос о роли средовой компоненты в формировании физического типа народов Берингии, включая сюда и приобретение некоторых тихоокеанских черт.

Сопоставление генетических особенностей населения берингийского побережья Чукотского полуострова, без учета его этнической и популяционной структуры с населением Сибири и эскимосским населением западного полушария (табл. I и 3) показало, что чукчи и эскимосы — представители берингоморского типа, арктической группы на Чукотке — по классификации Г.Ф.Дебеца (1951), — действительно занимают промежуточное положение среди крайних названных групп. Это чисто качественное сопоставление дополним количественной оценкой.

Таблица 2

Обобщенное генетическое расстояние d_{ij} популяций Чукотки относительно западного полушария и населения Сибири (число независимых генов равно 16)

$i \backslash j$	Чукотка в целом 3	Азиатские эскимосы 4	Береговые чукчи 5
1. Эскимосы Америки и Гренландии	0,1277	0,1105	0,1673
2. Народы Сибири	0,0987	0,1095	0,1218

Результаты такой оценки приведены в табл. 2, из которой видно, что по совокупности генетических особенностей наседе-

ние Берингийского побережья п-ва Чукотка занимает промежуточное положение, при этом в соответствии с географией стоит несколько ближе к популяциям континентальной Сибири $d_{2-3} = 0,0987$, чем к эскимосам Америки и Гренландии $d_{1-3} = 0,1277$.

Однако, в связи с рассматриваемой проблемой эскимосского клина особый интерес представляет генетическое положение азиатских эскимосов.

Оказывается, что азиатские эскимосы равноудалены и от сибирских монголоидов $d_{2-4} = 0,1095$, и от эскимосов западного полушария $d_{1-4} = 0,1105$ (табл.2). Это строго среднее положение азиатских эскимосов вполне согласуется с антропологической характеристикой их физического типа (Дебец, 1951). По совокупности данных о распределении генетических маркеров, эскимосское население оказывается не клином, а звеном в цепи популяций Сибирь - Америка.

Таким образом, теория "эскимосского клина" не находит подтверждения и в собственно генетических данных.

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ДАННЫЕ К ПРОБЛЕМЕ ЭТНОГЕНЕЗА НЕКОТОРЫХ НАРОДОВ СЕВЕРА ТИХООКЕАНСКОГО БАССЕЙНА

В связи с этой проблемой рассматриваются данные популяционной генетики об алеутах, азиатских эскимосах и береговых чукчах.

Такой популяционно-генетический анализ начинается с той группы населения, которая будучи характерной для населения района в целом, в то же время четко очерчена этнически, пространственно и хронологически и тем самым представляет попу-

ляцию, доступную изучению с помощью моделей популяционной генетики.

Алеуты Командорских островов

В 1825-1828 годах Российско-Американская Компания переселила алеутов с разных островов алеутской гряды для колонизации необитаемых Командорских островов. Перейдя от традиционного быта морских охотников к русскому укладу хозяйства и культуры, но будучи лишена регулярной экономической помощи из метрополии, популяция алеутов оказалась плохо защищенной от окружающей природной среды. Между тем, природная среда не изменилась по сравнению с их прародниной на Алеутских островах.

Это сказалось прежде всего на популяционной структуре алеутов. Сократилась продолжительность жизни, почти исчезла возрастная группа, соответствующая послерепродуктивному периоду.

Однако, эти изменения не затронули существенно репродуктивную часть популяции, которой определяются возможности генетической реорганизации популяции в поколениях. Эффективно-репродуктивный размер $N_e = 75,5$ и его доля в общем объеме популяции $N_e:N_t = 0,80$ остались теми же, что характерны в среднем для алеутов Алеутского архипелага $N_e = 58$, $N_e:N_t = 0,88$, как удалось подсчитать по данным И.Вениаминова (1840).

По совокупности генетических маркеров (табл.8) алеуты оказываются генетически близки к населению как Западного полушария, так и в не меньшей степени, к народам Северной Азии.

Но наибольшее сходство они обнаруживают с алеутами Алеутских островов, особенно с алеутами о-ва Уналашка. Другими

Таблица 3

Генетическая характеристика народов Берингии (средняя концентрация генов \bar{q} , в %)

Гены	В целом население п-ова Чукотка (5 популяций)	Азиатские этносы (3 популяции)	Береговые чукчи (2 популяции)	Алеуты Командорских островов (в целом)	Алеуты о-ва Беринга	Алеуты о-ва Медного
	\bar{q}	\bar{q}	\bar{q}	\bar{q}	q	q
A _I	15,79	13,91	19,29	32,88	34,43	29,00
A ₂	1,50	2,30	0,76	0,00	0,00	0,00
B	13,30	14,78	12,63	2,53	0,00	8,00
O	69,40	69,00	67,83	64,59	65,57	63,00
MS	14,46	10,90	18,93	29,84	36,18	23,50
Ms	39,00	43,84	32,99	40,75	39,56	41,94
NS	12,12	8,57	16,31	7,42	8,02	6,82
Ns	34,41	36,69	31,76	21,99	16,22	27,76
CDE	9,83	12,55	3,79	5,40	9,14	6,06
C ^w DE	3,57	3,39	4,37	5,00	3,84	7,14
CDe	38,71	30,31	47,17	46,48	44,27	41,29
C ^w De	4,49	3,38	6,88	8,12	6,85	11,41
cDE	31,21	36,60	26,30	30,43	28,06	27,44
cDe	12,69	13,82	11,49	4,57	7,84	6,66
Le ^a	0,00	0,00	0,00	20,24	17,15	26,72
F _I	21,47	19,82	23,49	25,21	28,39	19,38
K	4,75	4,07	5,69	0,84	1,26	0,00
Fy ^a	23,63	19,43	26,97	6,97	9,86	2,53
Di ^a	10,37	9,83	9,55	11,20	13,40	7,80
Hp ^I	34,14	37,86	30,95	50,00	55,00	41,66
Tf ^{I-c}	1,60	1,49	1,35	3,13	5,00	0,00
t	40,80	50,96	28,95	69,66	75,90	59,44
T _I	52,40	42,12	63,93	27,50	21,67	37,14
T ₂	6,79	6,90	7,11	2,83	2,43	3,43

словами, алеуты Командорских островов генетически действительно остаются алеутами, несмотря на необычность истории возникновения популяции на Командорских островах.

Но за короткий отрезок времени субпопуляции на двух Командорских островах генетически разошлись до общего уровня различий популяции Берингии. История Командорских алеутов позволяет оценить это расстояние, не прибегая к сравнительным данным, благодаря точно известному времени существования Командорских алеутов, равному на 1970 год - год исследования - 145-142 годам, или в среднем 5,76 поколений (принимая 25 лет на поколение).

Приведем результаты анализа, проделанного исходя из гипотезы дивергенции двух островных Командорских субпопуляций на основе случайного дрейфа генов в заранее известном отрезке времени. В этом случае мера генетической дивергенции θ^2 будет функцией только эффективного объема N_e и времени t изоляции. Они будут связаны следующим равенством (Малютин, Пасеков, 1971):

$$t = \left[(N_{e\text{Беринг}})^{-1} + (N_{e\text{Медный}})^{-1} \right]^{-1},$$

где N_e - эффективно-репродуктивный объем популяций.

Все необходимые значения для нахождения t получены независимыми путями: $\theta^2 = 0,0191$, $N_{e\text{Беринг}} = 81$, $N_{e\text{Медный}} = 70$. Время t оказывается равным $5,72 \pm 1,32$ поколений, что означает, что начало изоляции островных субпопуляций относится к 1827 году и достоверно совпадает с известной исторической датой.

Но две островных популяции не были полностью изолированы. На основании генеалогического анализа удалось оценить

коэффициент миграции генов между островами $m = 0,0172$. В предположении изоляции командорских субпопуляций, ограниченной миграциями, время t оказывается равным 5,55, т.е. эффект генетического обмена между о. Беринга и о. Медный незначителен. Им можно пренебречь и считать существующие генетические различия результатом случайного дрейфа генов в изолированных популяциях островов Беринга и Медного.

Азиатские эскимосы и береговые чукчи полуострова Чукотка

На основании данных антропологии известно, что береговые чукчи объединяются с эскимосами в единый берингоморский тип (Дебец, 1951). Проблема же состоит в том, что эта группа чукчей этнически и лингвистически резко отграничена от эскимосов. Морфологическое же единство береговых чукчей с эскимосами имеет место на фоне единого хозяйственно-культурного уклада охотников на морского зверя, что и ставит нас перед вопросом о генетической и средовой компоненте в формировании единого антропологического типа.

Вновь, используя одну из мер генетического расстояния (табл.2), видим, что береговые чукчи в отличие от живущих бок о бок с ними эскимосов не занимают среднего положения, и по совокупности шестнадцати независимых генетических параметров оказываются сдвинуты, относительно американских и гренландских эскимосов в сторону Сибирских популяций: $d_{1-5} = 0,1678$, $d_{2-5} = 0,1218$. Если отсчитывать это расстояние от эскимосов западного полушария, генетическая структура чукчей неотличима от структуры сибирских популяций $d_{1-2} = 0,1658$.

Но не только генетические особенности чукотских популяций, а и такие характеристики самой чукотской популяции как меньший, по сравнению с эскимосами, репродуктивно-эффективный размер, общий размер, размер семьи оказываются также ближе к аналогичным параметрам популяций континентальной Сибири. И хотя в этих признаках самой популяции должна была бы в наибольшей мере сказаться объединяющая береговых чукчей с эскимосами роль хозяйственно-культурного уклада. можно в согласии с полученными генетическими данными, присоединиться к мнению тех, кто считает, что чукчи скорее восприняли эскимосский культурно-экономический уклад (Вдовин, 1950; Дебец, 1951). Важно, что популяционно-генетический анализ оказался здесь достаточно чутким для различения чукчей и эскимосов в пределах единого антропологического типа.

К сожалению, не всюду подходы популяционной генетики к проблемам этнической антропологии дают сопоставимые результаты. В работе выполнена реконструкция времени дивергенции 5 популяций азиатских эскимосов и береговых чукчей.

Время преимущественного существования одних лишь эскимосов на этой территории должно оцениваться не менее, чем в 80 поколений. Выполненная же нами реконструкция числа поколений, необходимого для достижения современного уровня генетической дифференциации, дает величину всего лишь 12 поколений для пяти, изученных нами, популяций чукчей и эскимосов.

Именно этот противоречивый результат, полученный нами в случае заведомо древней дивергенции эскимосов и чукчей, и послужил поводом для рассмотрения последующей проблемы, так как мы должны учитывать и возможность стабилизирующего эффекта

давления среды на генетические признаки, которыми оперируем при изучении популяций.

К ПРОБЛЕМЕ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ АДАПТАЦИИ НАСЕЛЕНИЯ СЕВЕРНОЙ ЧАСТИ ТИХООКЕАНСКОГО БАССЕЙНА

В течение тысячелетий население Берингии успешно осваивало ее экстремальные природные условия. Явления хозяйственно-культурной адаптации здесь могут быть тесно переплетены с биологическими. Хозяйственно-культурный уклад арктических морских охотников и рыболовов может рассматриваться как комплекс адаптаций небιологического плана. В биологическом плане, мерой успешности адаптации в поколениях может служить степень генетической стабильности популяции в экстремальных условиях среды. Хозяйственно-культурная адаптация, в свою очередь, способствует случайному дрейфу генов благодаря ограниченности и разобщенности оседлых популяций привязанных, с точки зрения удобств морского промысла, к ограниченным участкам побережья. Такая дифференциация, по крайней мере, оказалась отраженной в этнолингвистической структуре населения, как это следует из глубоких лингвистических различий в пределах трех эскимосских популяций Чукотки (Меновщиков, 1966).

При таком подходе данные о генетической дифференциации коренного населения северной части Тихоокеанского бассейна могут быть рассмотрены и оценены в плане интенсивности давления окружающей среды и эффективности адаптации популяций к этому давлению.

Степень генетической дифференциации народов севера Тихого океана характеризуют значения θ^2 - как меры генетическо-

го расстояния между популяциями. Оценка уровня генетической дифференциации может быть проведена, исходя из учета случайного дрейфа генов, как единственного фактора ее вызывающего. По отношению к интересующему нас фактору адаптации гипотеза случайного дрейфа генов будет "нулевой гипотезой". В этом случае, при известных малых эффективных объемах популяций, угловое расстояние θ^2 между популяциями рассматривается как функция эффективного объема N_e и времени t изоляции. Эффективно-репродуктивный размер популяции, величина которого прямо связана с устойчивостью передачи генетической информации, обнаруживает в свою очередь большую устойчивость в разных популяциях Берингии - у алеутов, эскимосов, чукчей, коряков, или связанных с Берингией в своем происхождении популяциях американских и гренландских эскимосов (табл.4). Как видим, значения N_e абсолютно очень малы, что должно благоприятствовать случайному дрейфу генов.

Таблица 4

Эффективно-репродуктивный объем N_e и доля его в общем объеме N_t в популяциях Чукотки, Камчатки, Командорских островов и в эскимосских популяциях Западного полушария (N - гармоническая средняя)

	N_e	N_t	$N_e:N_t$
1 Азиатские эскимосы, N	70	272	0,26
2 Береговые чукчи, N	65	226	0,29
3 Коряки Камчатки	83	268	0,31
4 Алеуты о. Беринга	81	272	0,30
5 Алеуты о. Медного	70	223	0,31
6 Эскимосы Западного полушария, N	67	232	0,29
I-6 N	72	247	0,29

Весь размах изменчивости средних квадратов смещений в северной части Тихоокеанского бассейна лежит между значениями $0,0030 < \overline{\theta^2} < 0,0978$. Среднее значение и квадратическая ошибка в целом составляют $\overline{\theta^2} = 0,0437 \pm 0,00286$. Таким образом, обобщенные генетические расстояния в районе от Камчатки, Чукотки до Аляски и Алеутских островов при известном эффективном объеме (табл.4), оказываются эквивалентны I-30 поколениям и в среднем - I3 поколениям, т.е. на один - два порядка меньше, чем можно было ожидать по совокупности историко-археологических данных, указывающих на двух-восемь-тринадцатитысячелетний период преемственного развития населения на этой территории.

Между тем, в другом районе Северной Азии, с помощью этой же модели удачно реконструировано время генетической дифференциации тюркоязычных популяций в Восточных Саянах (Maljutov, Rasnikov, Rychkov, 1972).

Очевидно, что на севере Тихоокеанского бассейна степень генетической дифференциации популяций контролируется другими факторами, противодействующими случайному дрейфу генов.

Из таких факторов систематического воздействия на генетическую структуру следовало бы прежде всего учесть возможность и интенсивность миграций генов между популяциями. Интенсивность генных миграций для всего района Берингии оказывается по нашим данным равной $m = 0,00236 \pm 0,004317$, что достоверно не отличается от нуля. Следовательно, в этом огромном районе включающем Камчатку, Чукотку, Аляску и Алеутские острова давлением миграций можно пренебречь с большими основаниями, чем были для этого в Восточных Саянах или на Коман-

дорских островах.

Другой возможный фактор ограничения генетической дивергенции в данном регионе - это такое давление окружающей среды, генетическая адаптация популяций к которому должна стабилизировать процесс дальнейшей дифференциации и противостоять случайному дрейфу генов.

Именно с такой генетической стабильностью мы встретились в районе Берингии. При самой благоприятной для случайного дрейфа генов популяционной структуре народов Берингии - малые размеры, изолированность популяций - дальнейшие генетические смещения недопустимы, так как они ведут, по-видимому, к снижению генетической приспособленности популяций. Таким образом, те особенности народов данного региона, которые в плане сравнительной популяционной генетики рисуются как отражение их генеалогических связей с народами Северной Азии и Америки, следует в первую очередь считать адаптивным комплексом концентраций генов в области древней Берингии.

ВЫВОДЫ

I. Положение о древних связях и родстве народов Северной Азии и Америки, установленное совокупностью данных археологии, этнографии, лингвистики и антропологии, подтверждается данными по генетике коренного населения Северной Азии и Америки. При изучении концентраций многих независимых генов показано, что исходная генетическая общность коренного населения Северной Азии с индейским и эскимосским населением Америки действительно велика.

2. Выделение арктической группы антропологических ти-

пов находит подтверждение в генетических материалах. Единственно, что не нашло отражения в генетических данных — наличие специфических вжнотихоокеанских черт.

3. По совокупности генетических свойств азиатские эскимосы, в сопоставлении с народами Сибири и эскимосским населением Западного полушария, занимают строго среднее положение, что вполне согласуется с антропологической характеристикой их физических особенностей и противоречит представлению об "эскимосском клине".

4. Реконструируемое популяционно-генетическими методами время появления алеутов на Командорских островах и их микроэволюции — практически полностью совпадают с исторической датой. По совокупности генетических маркёров командорские алеуты сохраняют все генетические особенности этого народа на Алеутских Островах, несмотря на исключительные обстоятельства истории возникновения Командорской популяции.

5. Популяционно-генетическими методами удалось показать, что в рамках одного хозяйственно-культурного типа арктических морских охотников, популяции береговых чукчей и азиатских эскимосов сохраняют различия, отражающие, по-видимому, разные пути их этногенеза.

6. Анализ популяционно-генетических данных позволяет заключить, что в северной части Тихого океана существующий малый современный уровень генетической дифференциации народов мог быть достигнут за кратчайший начальный отрезок их многотысячелетней истории. Дальнейшая дивергенция сдерживается какими-то иными факторами, в совокупности определяющими оптимум генетической адаптации популяций человека в Берингии.

- 1) К популяционной генетике коренного населения Сибири. Восточные Саяны (в соавторстве с Ю.Г.Рычковым, И.В.Перевозчиковым, Т.В.Волковой, А.Г.Башлаи). Ж. "Вопросы антропологии", 1969, вып.31.
- 2) К популяционной генетике коренного населения Сибири. Западная Сибирь. Ж. "Вестник Московского университета", сер. биол., 1971, № 2.
- 3) Популяционная генетика алеутов Командорских островов (в связи с проблемами истории народов и адаптации населения древней Берингии). Сообщение I (в соавторстве с Ю.Г.Рычковым). Ж. "Вопросы антропологии", 1972, вып.40.
- 4) Популяционная генетика алеутов Командорских островов (в связи с проблемами истории народов и адаптации населения древней Берингии). Сообщение II. Командорский масштаб для изучения генетической дифференциации на севере Тихоокеанского бассейна (в соавторстве с Ю.Г.Рычковым). Ж. "Вопросы антропологии", 1972, вып.41.
- 5) Популяционная генетика народов севера Тихоокеанского бассейна в связи с проблемами истории и адаптации населения. Сообщение III. Популяции азиатских эскимосов и чукчей побережья Берингова моря (в соавторстве с Ю.Г.Рычковым). Ж. "Вопросы антропологии", 1972, вып.42.
- 6) Факторы генетической дифференциации популяционной системы коренного населения Северной Азии. Сообщение I. Определенные интегрирующие значения адаптивной ценности генотипов групп крови ABO в коренном населении Сибири (в соавторстве с

Ю.Г.Рычковым, О.Л.Русаковой, М.П.Раппопорт). Ж. "Генетика",
1978, т. IX, № 2.

Материалы диссертации доложены на:

- 1) Конференции молодых ученых Биолого-почвенного ф-та МГУ,
20 марта 1970 г.
- 2) На Ломоносовских Чтениях МГУ, 1970 г. (совместно с Ю.Г.
Рычковым, В.А.Спициным и С.Р.Бородиной) с присуждением
Грамоты Московского государственного университета.

ПОДП. К ПЕЧАТИ 7/Ш-79 Г. ФОРМАТ 80x90/16
ФИЗ.П.Л. 1,5. УЧ.-ИЗД.Л. 1,0. ЗАКАЗ 1251. ТИР. 200

ОТПЕЧАТАНО НА РОТАПРИНТАХ В ТИП. ИЗД. МГУ
МОСКВА, ЛЕНГОРЫ