

Генетический портрет сванов на фоне народов Южного Кавказа

Генетическое разнообразие населения Сванетии в этой работе изучили на небольшой выборке — по образцам мтДНК и Y-хромосомы 184 человек. Данные показали разнообразие митохондриального и сравнительную гомогенность Y-хромосомного генофонда сванов. Авторы делают вывод о влиянии на Y-хромосомный генофонд Южного Кавказа географии, но не языков. И о том, что современное население, в частности, сваны, являются потомками ранних обитателей этого региона, времен верхнего палеолита.

Генетическое разнообразие сванов — этот народ населяет горную Сванетию, на северо-западе Грузии — исследовалось американскими и грузинскими генетиками, статья [опубликована в журнале American Journal of Physical Anthropology](#). Особенность сванов в том, что они проживают в относительно труднодоступном месте, но при этом не в изоляции от соседних народов, несмотря на окружающее языковое разнообразие. Язык сванов относится к картвельской группе кавказских языков. На севере Сванетия граничит с Карачаево-Черкесией и Кабардино-Балкарией (Россия), чьи языки относятся к алтайской семье и абхазо-адыгской группе кавказских языков. На западе — с Абхазией (языки абхазо-адыгской группы). На востоке и юго-востоке к Сванетии примыкают области Грузии с языком картвельской группы. Наконец, неподалеку находится Южная Осетия, говорящая на языке индоевропейской семьи.

До сих пор о популяционной истории сванов было известно очень мало. Авторов работы в особенности интересовало, как отражает их генофонд историю заселения Южного Кавказа и что в большей степени влияет на генетическое разнообразие населения этого региона — язык или география.

В ходе экспедиционного обследования были собраны образцы ДНК (буккальный эпителий) у 184 сванов из разных деревень Сванетии (не родственников), к этой выборке добавили 16 образцов ДНК грузин из Тбилиси; среди них в общей сложности насчитывалось 103 мужчины (96 сванов и 7 грузин). Во всех образцах исследователи секвенировали контрольный участок митохондриальной ДНК, а в мужских — генотипировали Y-хромосому по SNP и STR маркерам. Результаты они проанализировали в контексте популяций Кавказа и Ближнего Востока (Абхазия, Армения, Карачаево-Черкесия, Грузия, Кабардино-Балкария, Северная и Южная Осетия), Анатолия (Турция) и Иран.

Митохондриальная ДНК сванов отличалась разнообразием, с наибольшей частотой встречались гаплогруппы U1-U7, H, K и W6. Сходство разных народов по мтДНК отражено на графике многомерного шкалирования, построенном по генетическим расстояниям. На приведенном в статье рисунке из всех популяций Южного Кавказа ближе всего друг к другу оказались грузины, северные осетины и кабардинцы, а наибольшее генетическое расстояние разделяет сванов и южных осетин.

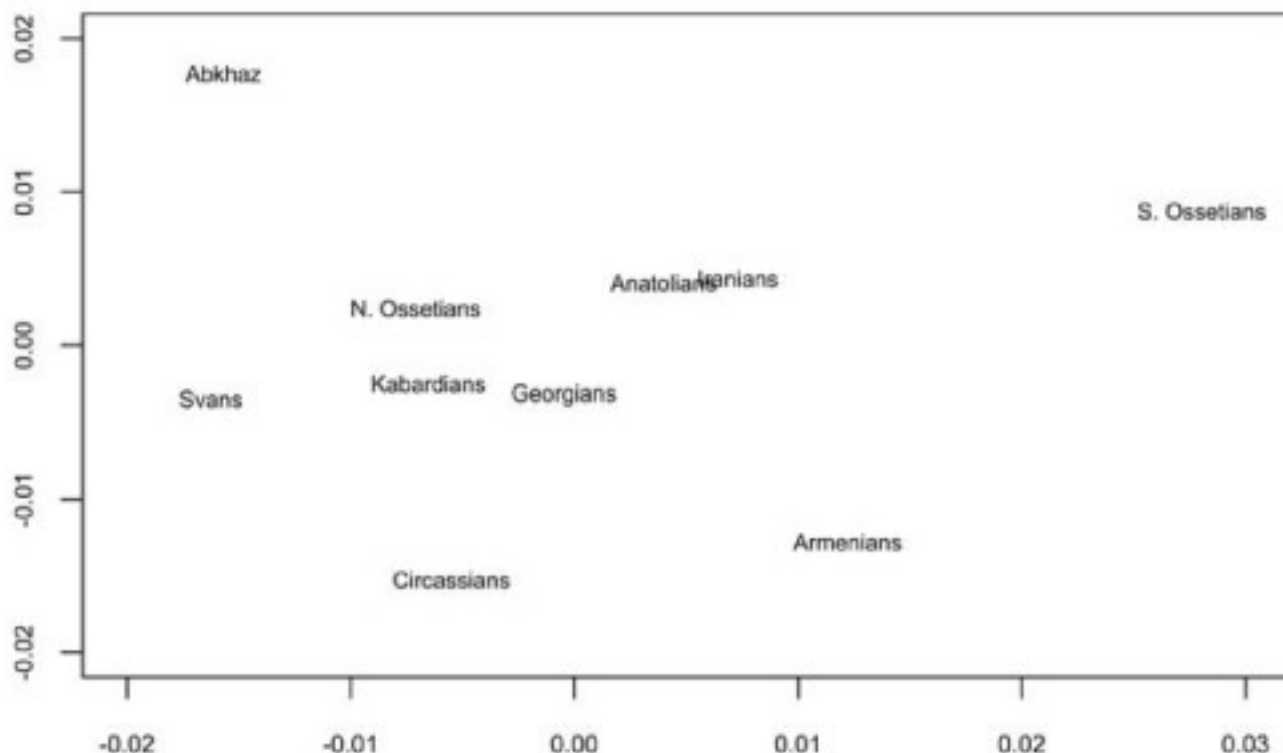


График многомерного шкалирования по мтДНК популяций Южного Кавказа и Ближнего Востока.

Y-хромосомная картина популяции сванов, напротив, оказалась довольно гомогенной – около 79% изученных мужчин обладали гаплогруппой G2a, оставшаяся доля приходилась на J2a1, I2, N и R1a. На графике многомерного шкалирования, отражающем сходство по Y-хромосоме, абхазы, грузины и черкесы образовали компактную группу, а сваны и северные осетины, а также армяне и турки расположились на расстоянии от нее.

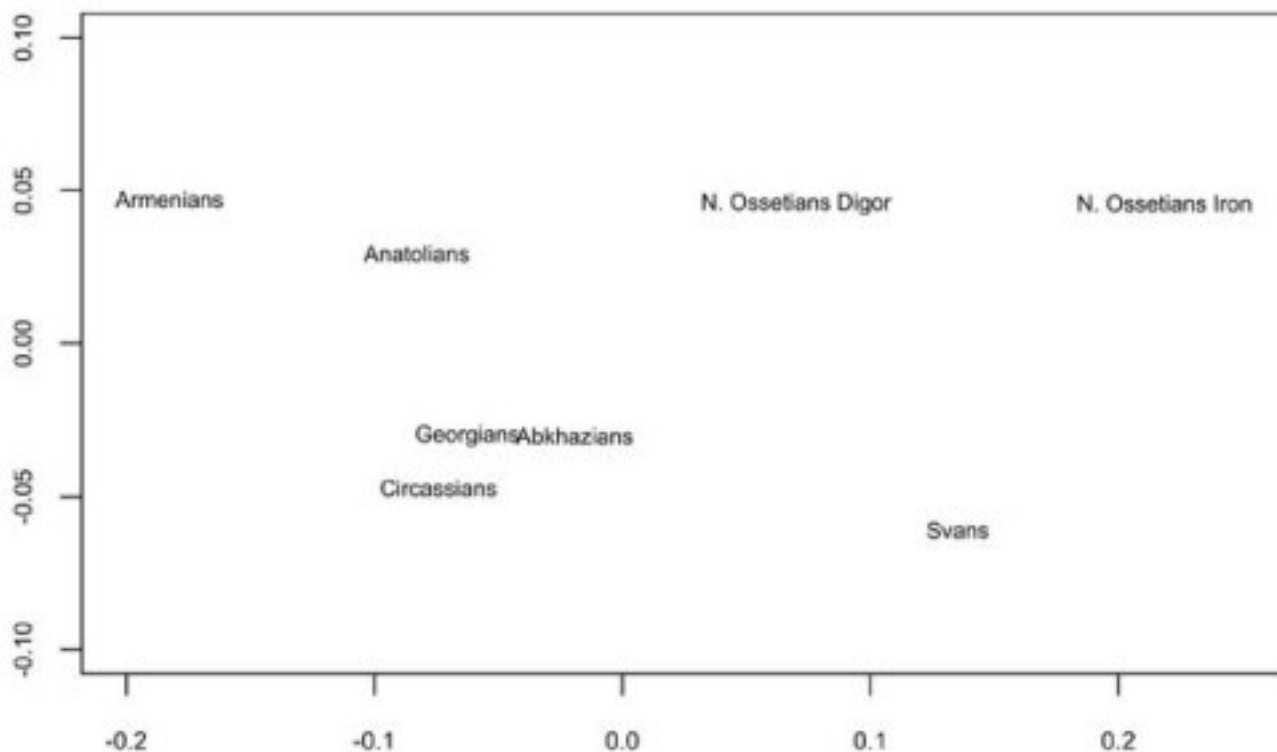


График многомерного шкалирования по Y-хромосоме популяций Южного Кавказа и Ближнего Востока.

Авторы работы отмечают, что как Y-хромосомный, так и митохондриальный генофонды сванов в основном состоят из линий западноевразийского происхождения. Как показал анализ, основные мтДНК гаплогруппы сванов восходят к верхнему палеолиту; довольно высокая частота и разнообразие гаплогруппы W6 может указывать на ее происхождение в этом регионе. Это согласуется с гипотезой, что сваны и другие популяции Южного Кавказа – потомки верхнепалеолитических обитателей этих мест. Митохондриальный генофонд популяций Южного Кавказа не показал зависимости ни от географии, ни от языка, вероятно, разнообразие по материнским линиям возникло до формирования этноязыковых групп, заключают авторы. Высокое разнообразие мтДНК у сванов, по мнению авторов, может отражать социокультурные особенности Южного Кавказа, например, практику обмена невестами между регионами, для которых характерна патрилокальность.

В то же время Y-хромосомный генофонд Южного Кавказа продемонстрировал влияние географии, но не языкового разнообразия. Авторы отмечают, что эти результаты расходятся с данными Balanovsky et al. (2011) по Северному Кавказу, где наблюдались географические зоны «языково-генетической коэволюции». Датировка доминирующей гаплогруппы G2a восходит к эппалеолиту. Ее распределение в популяциях может отражать распространение ранних неолитических поселений от побережья Черного моря вслед за отступлением ледников Кавказа. Учитывая высокое разнообразие G2a у сванов, можно считать, что она возникла в популяции их предков, живших на Южном Кавказе в позднем эппалеолите – раннем неолите, пишут авторы. В ее разнообразии, вероятно, внесли свой вклад и поздние генетические потоки из Грузии и других регионов Южного Кавказа.

Анализ указывает на наличие общих предков и/или интенсивный генетический обмен между сванами, южными осетинами и абхазами, несмотря на то, что эти популяции принадлежат к трем разным языковым семьям.

Источник:

Genetic diversity in Svaneti and its implications for the human settlement of the Highland Caucasus

Aram Yardumian et al.

Am J Phys Anthropol.2017;1–16. DOI: 10.1002/ajpa.23324

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29076141>

текст статьи можно скачать здесь [Yardumian ea '17 — Genetic diversity in Svaneti](#)