

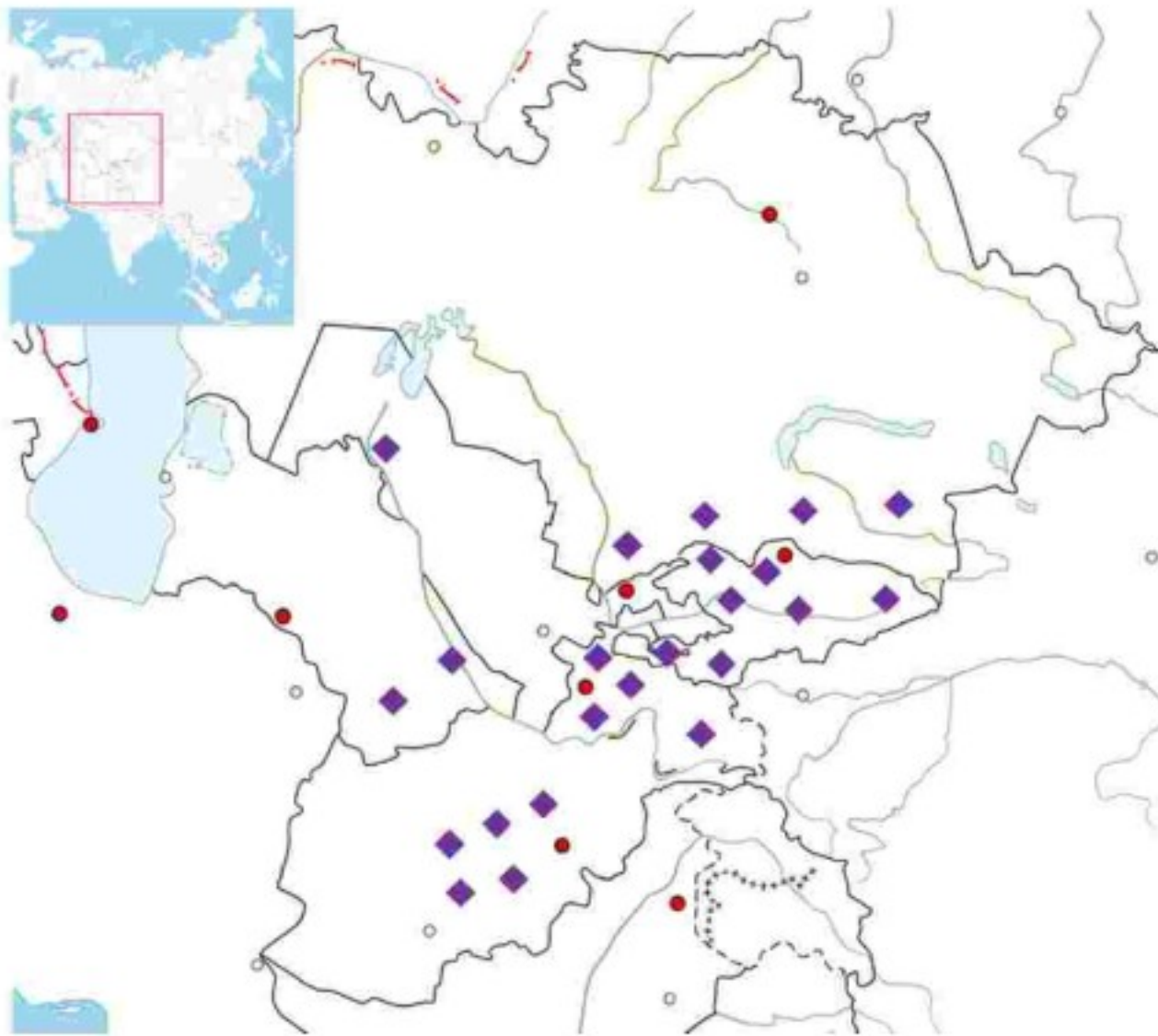
Y-хромосомный ландшафт Центральной Азии: древние компоненты и недавние экспансии

Генетики исследовали Y-хромосомное разнообразие Центральной Азии методом полного секвенирования Y-хромосомы у 187 представителей разных популяций и сравнили их с Y-хромосомами древних образцов и глобальным филогенетическим деревом гражданской науки; по полученным данным построили уточненное филогенетическое дерево с высоким разрешением. В Y-хромосомном генофонде Центральной Азии нашли признаки генетических потоков из разных регионов Евразии, которые отражают миграции в разные периоды неолитических земледельцев, индоевропейцев, тюркоязычных и монголоязычных племен. Описали минорные Y-хромосомные линии, распространившиеся в течение последней тысячи лет, которые можно соотнести с формированием современных популяций региона.

Популяционная история Центральной Азии восходит к палеолиту; по анализу геномов останков верхнепалеолитических людей со стоянок Усть-Ишим, Мальта и Яна можно предположить, что в Центральной Азии пролегли пути распространения *Homo sapiens* от Ближнего Востока до севера Евразии. Генетическая линия древних северных евразийцев прослеживается в генофонде популяции скотоводов энеолитической ботайской культуры, на севере Казахстана. В южной части Центральной Азии возникали неолитические культуры, образованные в результате миграции ближневосточных земледельцев. Около 5000 лет назад, когда в западной части Евразийской степи происходила массовая миграция кочевых скотоводов, которую, предположительно, связывают с распространением индоевропейских языков, она распространяется и на восток, и в Центральной Азии возникают культуры халколита и бронзового века, также связанные с индоевропейскими языками. Так, полагают, что популяция андроновского культурного комплекса была основана предками носителей индоиранских языков. Затем наступает эпоха скифской культуры, сопровождающаяся масштабными миграциями и смешениями в пределах всей Евразийской степи, включая Центральную Азию. В средние века и последующие исторические периоды миграционные потоки и эпизоды смешения стали еще более интенсивными.

Для народов Центральной Азии характерна родовая (клановая) структура общества, это приводит к различиям в доминирующих Y-хромосомных линиях разных кланов. По этой причине для этого региона исследования Y-хромосомного разнообразия особенно информативны для реконструкции популяционной истории. В совместной работе казахских, китайских и российских генетиков, [опубликованной в журнале *Genes*](#), первый автор работы Максат Жабагин, Национальный центр биотехнологии, Астана. Для этого использован современный подход полного секвенирования Y-хромосомы. Авторы поставили перед собой две задачи: выявление общих паттернов в Y-хромосомном генофонде Центральной Азии и поиск уникальных для каждой популяции Y-хромосомных линий.

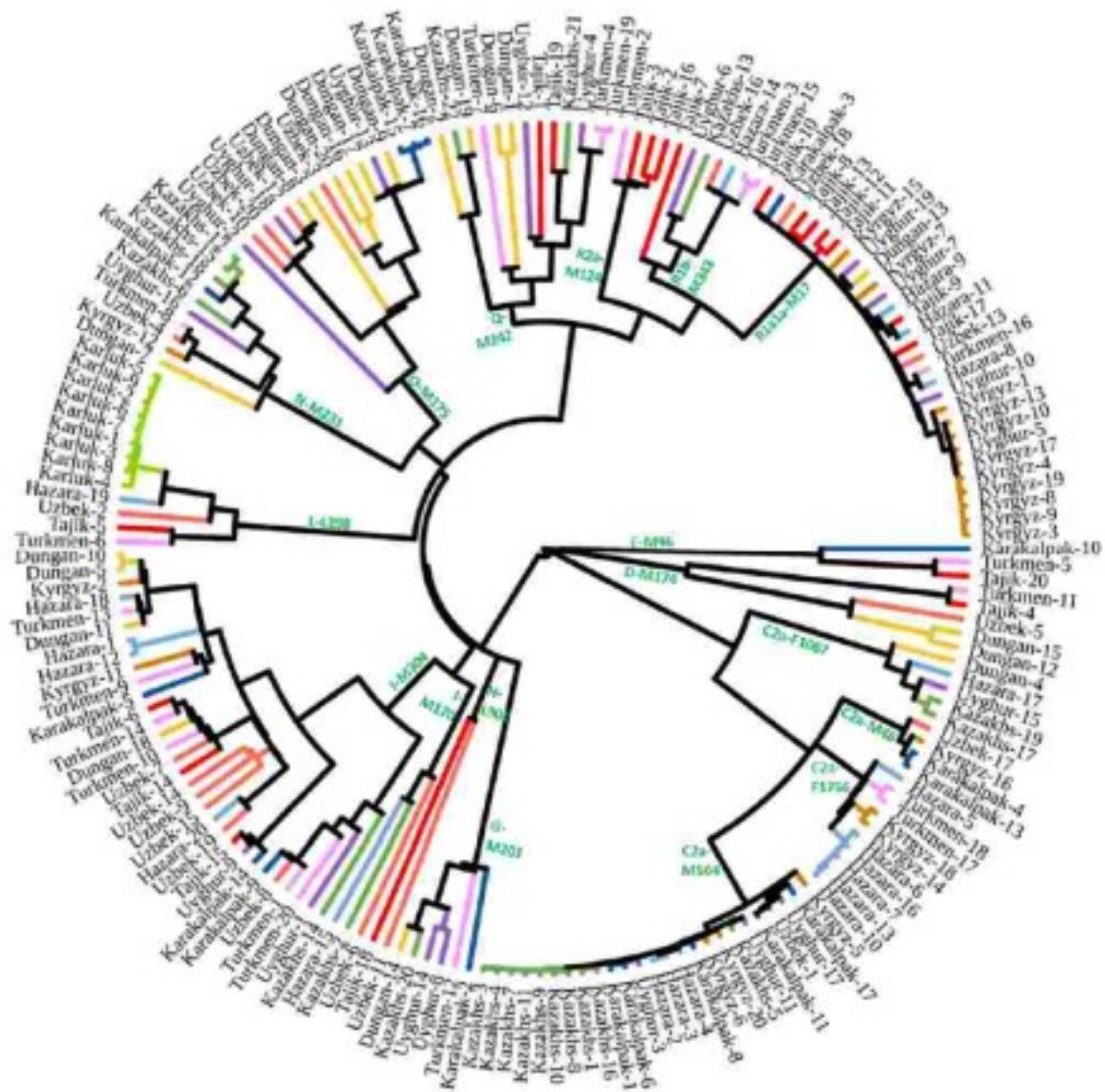
Для исследования были собраны образцы слюны у 187 неродственных между собой мужчин из популяций Центральной Азии. Для анализа Y-хромосомы применили секвенирование следующего поколения на платформе Illumina HiSeq2000, с покрытием не менее 10x. В выборку вошли 20 образцов киргизов, 20 узбеков, 17 каракалпаков, 20 хазарейцев, 9 карлуков, 20 таджиков, 19 уйгуров, 20 дунганов, 20 туркмен и 22 казахов из Казахстана. На рисунке показаны места происхождения их предков на территории Афганистана, Узбекистана, Киргизстана, Туркменистана и Таджикистана.



Географическое положение изученных образцов показано фиолетовыми ромбами; красные и прозрачные кружки обозначают столицы и главные города стран (Zhabagin et al., 2022).

По Y-хромосомным последовательностям 187 мужчин авторы построили филогенетическое дерево с высоким разрешением. При его описании они обращают внимание на линию C2a1a1b1-F1756, которая доминировала в древних племенах Восточной Евразии (Dong-Hu и Xian-Bei); ее присутствие у хазарейцев, киргизов и туркменов указывает на происхождение этих популяций из Восточной Евразии. Гаплогруппа C2a1a2a-M48-F6379 имеет высокую частоту в младшем жузе казахов и у ойратов, представляющих собой наиболее западную монголоязычную популяцию. По присутствию этой линии у каракалпаков можно предположить, что они близко родственны казахам и древним монголам. Экспансия гаплогруппы C2a1a3-M504 в Центральной Азии, вероятно, прямо связана с активностью монгольских племен на протяжении последнего тысячелетия. Обнаруженная высокая частота этой линии у хазарейцев, каракалпаков, казахов, киргизов и уйгуров согласуется с предполагаемым происхождением этих популяций. Прослеживание линии N-M231 у казахов можно связать с древними тюркскими племенами. Гаплогруппы D-M174 и O-M175, обнаруженные в популяциях Центральной Азии, как предполагается, появились при смешении с популяциями Восточной Азии в течение последних 2000 лет.

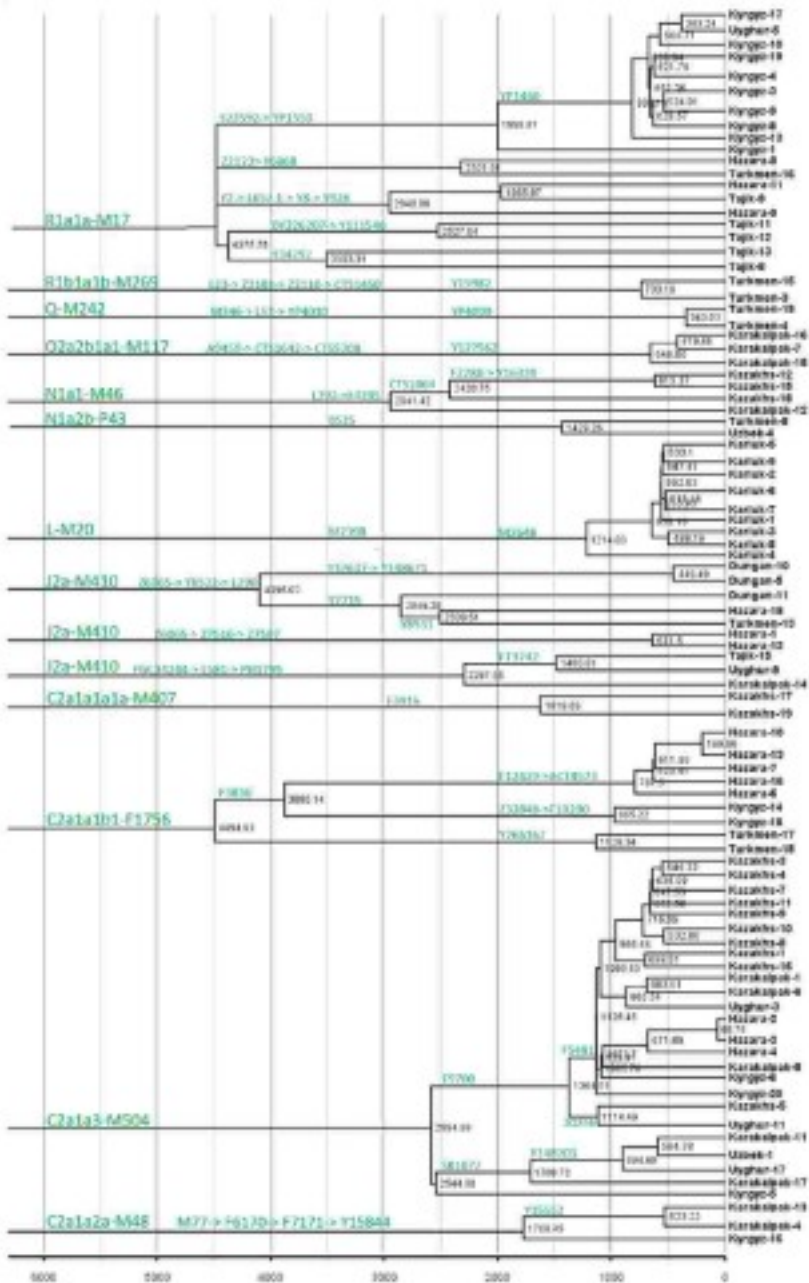
В подтверждение предыдущих исследований показано, что гаплогруппы E-M96, G-M201, H-L901, I-M170 и L-M20 широко распространены с низкой частотой в популяциях Центральной Азии; эти линии появились в результате смешения с популяциями Южной Азии, Ближнего Востока и Европы. Но в работе была найдена и специфическая линия L-M20, у карлуков. Секвенировали девять образцов карлуков с этой гаплогруппой и обнаружили уникальную субветвь M2398-Y236528; она отделилась от индийских линий L-M20 около 1500 лет назад. В популяциях Центральной Азии обнаружены также разные субветви гаплогруппы Q-M242, родиной которой считается Южная Сибирь; ранее ее субветви были найдены в монголоязычных и тюркоязычных популяциях. Наконец, из гаплогрупп R1a1a-M17 и R1b-M343 – линий, которые связывают с индоевропейцами — в большинстве современных популяций Центральной Азии высока частота R1a1a-M17.



Уточненное филогенетическое дерево, основанное на последовательностях Y-хромосом в популяциях Центральной Азии (Zhabagin et al., 2022).

Построенное с высоким разрешением филогенетическое дерево с оценкой возраста ветвей представляет картину генетических потоков в Центральной Азии. Высокое разнообразие макрогаплогрупп Y-хромосомы позволяет предположить, что в истории региона происходило смешение популяций из различных частей Евразии. К примеру, гаплогруппы C/D/N/O пришли из Восточной Евразии, E/J с Ближнего Востока, H/L из Южной Азии, I/R1 из Западной Евразии и Q из Южной Сибири.

Как считают авторы, наиболее важный результат исследования – это обнаружение уникальных минорных Y-хромосомных линий, которые отражают недавние миграционные процессы в Центральной Азии. Эти данные они сравнили с данными по древней ДНК и ранее опубликованным глобальным филогенетическим деревом (<https://www.yfull.com/tree/> и <https://www.23mofang.com/ancestry/ytreetree/root>).



Дерево уникальных минорных Y-хромосомных линий в популяциях Центральной Азии (Zhabagin et al., 2022).

Итак, генетические данные показывают, что источники популяций в Центральной Азии включают Южную Азию, Ближний Восток, Европу, Северную Азию и Восточную Азию. Этот генетический сценарий согласуется с представлением о Центральной Азии как географическом сердце Евразии. Обнаруживается множество временных слоев в динамике генетических потоков. Неолитическая революция на Ближнем Востоке привела к глобальной экспансии гаплогруппы J-M172 и родственных ей. По анализу древней ДНК можно предположить, что распространение гаплогруппы J-M172 с Ближнего Востока привело к появлению первых неолитических поселений на юге Центральной Азии. В дальнейшем продолжающиеся миграции с Ближнего Востока сопровождались возникновением новых субветвей J-M172.

Экспансию гаплогрупп R1a1a-M17 и R1b-M269 многие исследования древней ДНК связывают с распространением индоевропейцев, продолжением этого процесса могло стать появление различных субветвей R1a1a-M17 в Центральной Азии. Гаплогруппа GM201, вероятно, также появилась из индоевропейских популяций. На основании ранее проведенных исследований древней и современной ДНК авторы предполагают, что некоторые линии Q-M242, N1a1-M46, R1a1a-M17 и C2a1b1-F1756 в Центральной Азии могли быть связаны с миграциями тюркоязычных племен. Наконец, линии C2a1a3-M504, C2a1b1-F1756 и субветви C2a1a2a-M48, вероятно, появились с монгольскими племенами. А в ходе миграционных потоков с востока на запад многие Y-хромосомные гаплогруппы Восточной Азии распространились в Центральную Азию, включая D-M174, C2a-F1096 и O-M175.

Что касается описанных минорных линий, то авторы предположили, что их недавние экспансии непосредственно участвовали в формировании современных популяций в Центральной Азии. Это, например, линии C2a1a3-M504-F5481, L-M20-M2648 и R1a1a-M17-YP1460, характерные для таджиков; при этом гаплогруппу R1a1a-M17 у таджиков связывают с их индоевропейскими предками. Многие минорные линии, испытывавшие экспансию в последнюю тысячу лет, встречались у казахов, киргизов, каракалпаков, хазарейцев. Авторы приходят к выводу, что экспансия этих специфических линий напрямую связана с формированием современных этнических групп в Центральной Азии.

Подводя итог, авторы подчеркивают, что построенная с высоким разрешением филогения Y-хромосомных линий в популяциях Центральной Азии позволила выявить как древние компоненты, связанные с многими масштабными историческими событиями, так и след недавних экспансий Y-хромосомных линий, которые внесли вклад в формирование современных популяций региона.

Источник:

Maxat Zhabagin, Lan-HaiWei, Zhaxylyk Sabitov, Peng-Cheng Ma , Jin Sun, Zhanargul Dyussenova, Elena Balanovska, Hui Li and Yerlan Ramankulov. Ancient Components and Recent Expansion in the Eurasian Heartland: Insights into the Revised Phylogeny of Y-Chromosome from Central Asia // *Genes*. 2022, 13, 1776. <https://doi.org/10.3390/genes13101776>

<https://www.mdpi.com/2073-4425/13/10/1776>