

Полногеномное исследование казахов Синьцзяня

Исследование полных геномов казахов, проживающих в китайском Синьцзяне, выявило их происхождение из четырех генетических источников: Восточная Азия, Западная Евразия, Сибирь (включая Центральную Азию) и Южная Азия. По-видимому, смешение восточных и западных генетических компонентов в генофонде казахов относится к XV веку. Это смешение происходило тремя волнами, в целом в нем преобладал вклад мужчин западноевразийского происхождения и женщин восточноевразийского происхождения. Казахи Синьцзяна оказались генетически близки к казахам Казахстана, но отличались большей гомогенностью.

Казахи, как и многие другие популяции Центральной Азии, демонстрируют смесь антропологических черт Восточной и Западной Евразии. Возникновение отдельной казахской этничности относится к XV — XVI векам. Есть несколько сценариев смешения популяций, которые могли привести к сочетанию у казахов восточноевразийских и западноевразийских черт, но полная картина их происхождения, популяционная геномика и взаимодействие с окружающими народами еще не выяснены.

Важный шаг в этом направлении сделан в работе китайских генетиков, которые провели полногеномное исследование казахов из китайского автономного округа Синьцзян, где проживают 1,25 млн этнических казахов. Результаты исследования [опубликованы в журнале Molecular Biology and Evolution](#).

Авторы получили данные по полногеномным панелям (Affymetrix whole- genome SNP microarray, version 6.0; Affymetrix genome-wide microarray; Illumina genome-wide microarray), от 213 человек и по секвенированию геномов (Illumina HiSeq X10) от 28 человек, относящихся к синьцзянским казахам. Результаты проведенного анализа главных компонент показали, что кластер синьцзянских казахов занимает промежуточное положение между популяциями Западной Евразии, Сибири-Центральной Азии, Восточной Азии и Южной Азии, несколько ближе к сибирским и восточноазиатским народам, чем к западноевразийским и южноазиатским.

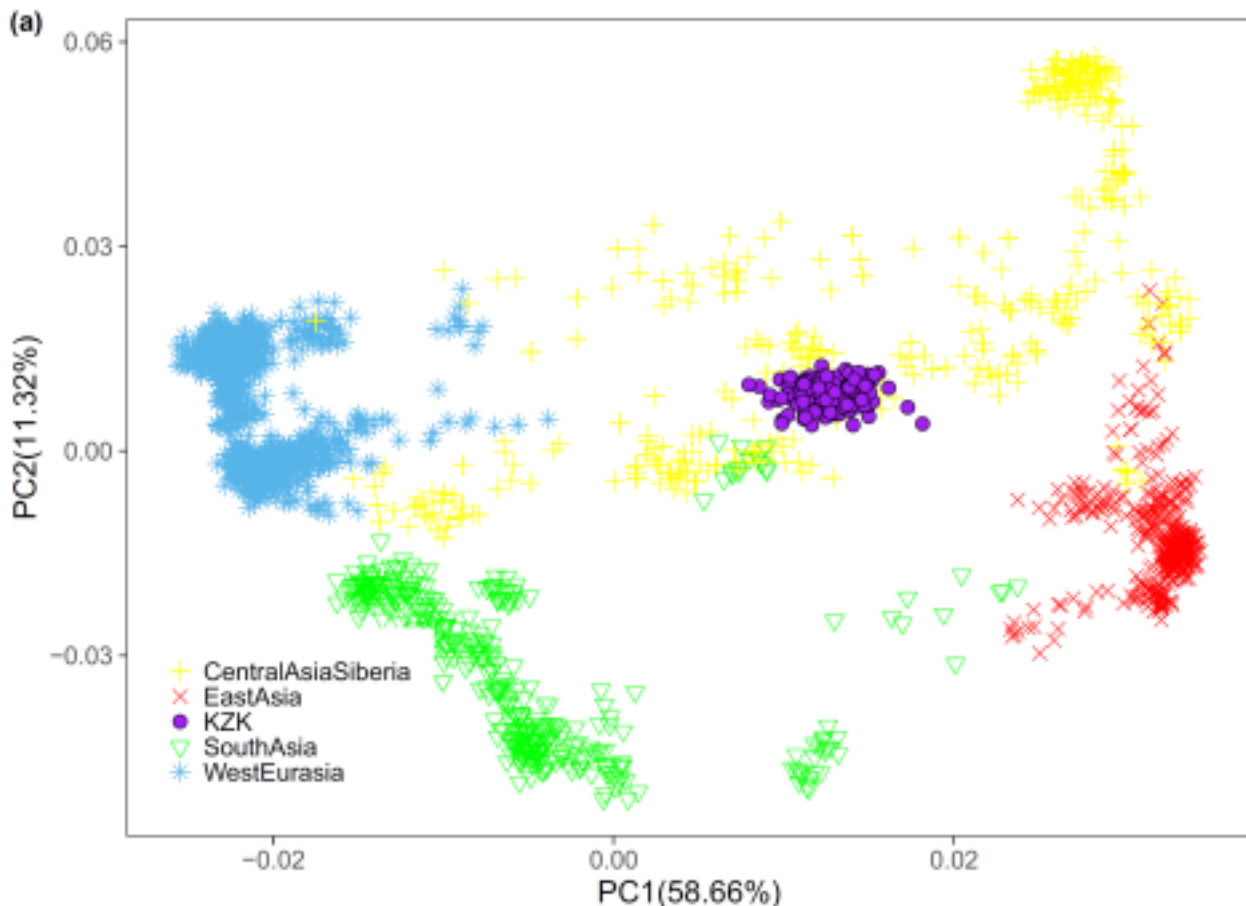
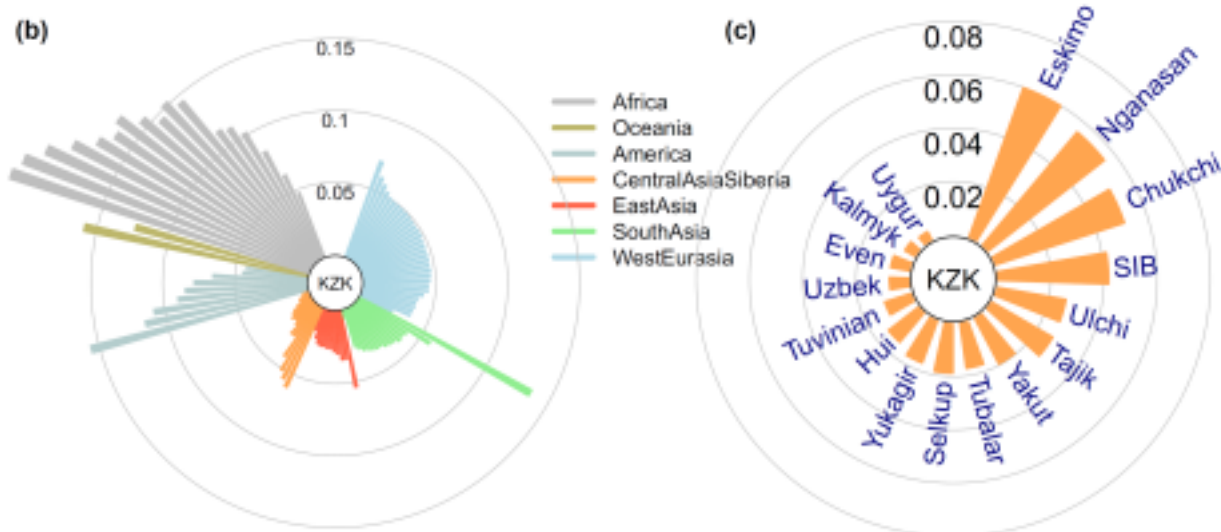


График анализа главных компонент. Популяция синьцзянских казахов обозначена фиолетовыми точками (Lei et al., 2024).

Оценка генетических расстояний (F_{ST}) также продемонстрировала генетическую близость казахов к популяциями Сибири (авторы определяют этот регион очень широко). Наиболее близкими к ним оказались уйгуры, калмыки, хазарейцы и эвены; довольно близки к казахам оказались чуваша, равно как и к другим популяциями Центральной Азии.



b. Диаграмма отражает генетические расстояния (F_{ST}) между казахами и популяциями регионов мира (210 популяций). c. Диаграмма отражает генетические расстояния (F_{ST}) между казахами и популяциями Сибири (включая Центральную Азию) (Lei et al., 2024).

Исходную гипотезу, что как восточноевразийские, так и западноевразийские популяции должны были внести свои генетические компоненты в геном казахов, ученые проверили с помощью анализа ADMIXTURE. При числе заданных предковых компонентов $k=4$ в геноме казахов компоненты распределяются так: 39,7% составляет Восточная Азия, 28,6% — Западная Евразия, 23,6% — Сибирь и 8,1% — Южная Азия. Небольшие индивидуальные различия (в пределах 5%) указывают на отсутствие недавних генетических потоков к казахам из восточноевразийских и западноевразийских популяций.

Авторы считают, что взаимодействие популяций происходило в таком порядке: сначала смешались между собой популяции восточноазиатского и сибирского происхождения, затем — популяции западноевразийского и южноазиатского происхождения. И уже при смешении этих получившихся сложных генетических компонентов образовался генофонд современных казахов.

Исследователи проследили временную динамику и обнаружили гендерные различия в характере генетического смешения при происхождении казахов. Восточноевразийские и западноевразийские компоненты смешивались тремя волнами. Первая волна смешения имела место примерно 121 поколение назад (3150 лет назад), и в ней участвовали преимущественно мужчины западного и женщины восточного происхождения. Не исключено, что она была связана с миграцией западноевразийских степных скотоводов, с продвижением ариев в Южную Азию и распространением индоевропейских языков.

Вторая волна смешения происходила примерно 38 поколений назад (около 891 года до н.э.). Она могла быть связана с миграцией тюркских народов на запад, и в ней преимущественно участвовали тюркские мужчины и женщины западного происхождения. Третья волна случилась примерно 23 поколения назад (696 лет назад), в период Великой монгольской империи, в ней участвовали ранние казахи и женщины восточного происхождения.

Оценка эффективного размера популяции указывает на падение численности казахов, начавшееся 30 поколений назад и достигшее минимума 17 поколений назад, вслед за которым начался рост численности. Оценка гаплотипического разнообразия показала, что у казахов оно выше, чем у популяций сравнения. У них также оказалась выше средняя частота редких генетических вариантов, что авторы рассматривают как результат смешения. Проанализировав генетические варианты, имеющие клиническое значение, они, в частности обнаружили у казахов варианты, связанные с повышенным артериальным давлением и некоторыми типами рака.

Наконец, генетическое сравнение казахов Синьцзяня и казахов Казахстана показала, что эти популяции очень близки друг другу. Вместе с тем, казахи Казахстана более генетически разнообразны, чем синьцзянские казахи, последние более гомогенны.

Источник:

Chang Lei , Jiaojiao Liu , Rui Zhang et al. Ancestral Origins and Admixture History of Kazakhs. *Molecular Biology and Evolution*. 2024. 41(7). <https://doi.org/10.1093/molbev/msae144>