

Последниковоое заселение Юго-Западной Азии – генетический анализ

Путем анализа Y-хромосомных и аутосомных данных современного населения Юго-Западной Азии генетики проследили пути, по которым шло заселение этой территории после окончания Последней ледниковой эпохи. Они выделили три климатических убежища (рефугиума), которые стали источником миграций в регионе, и определили время расхождения ветвей Y-хромосомы в популяциях. Полученные результаты авторы обсуждают в связи с археологическими данными и работами по древней ДНК.

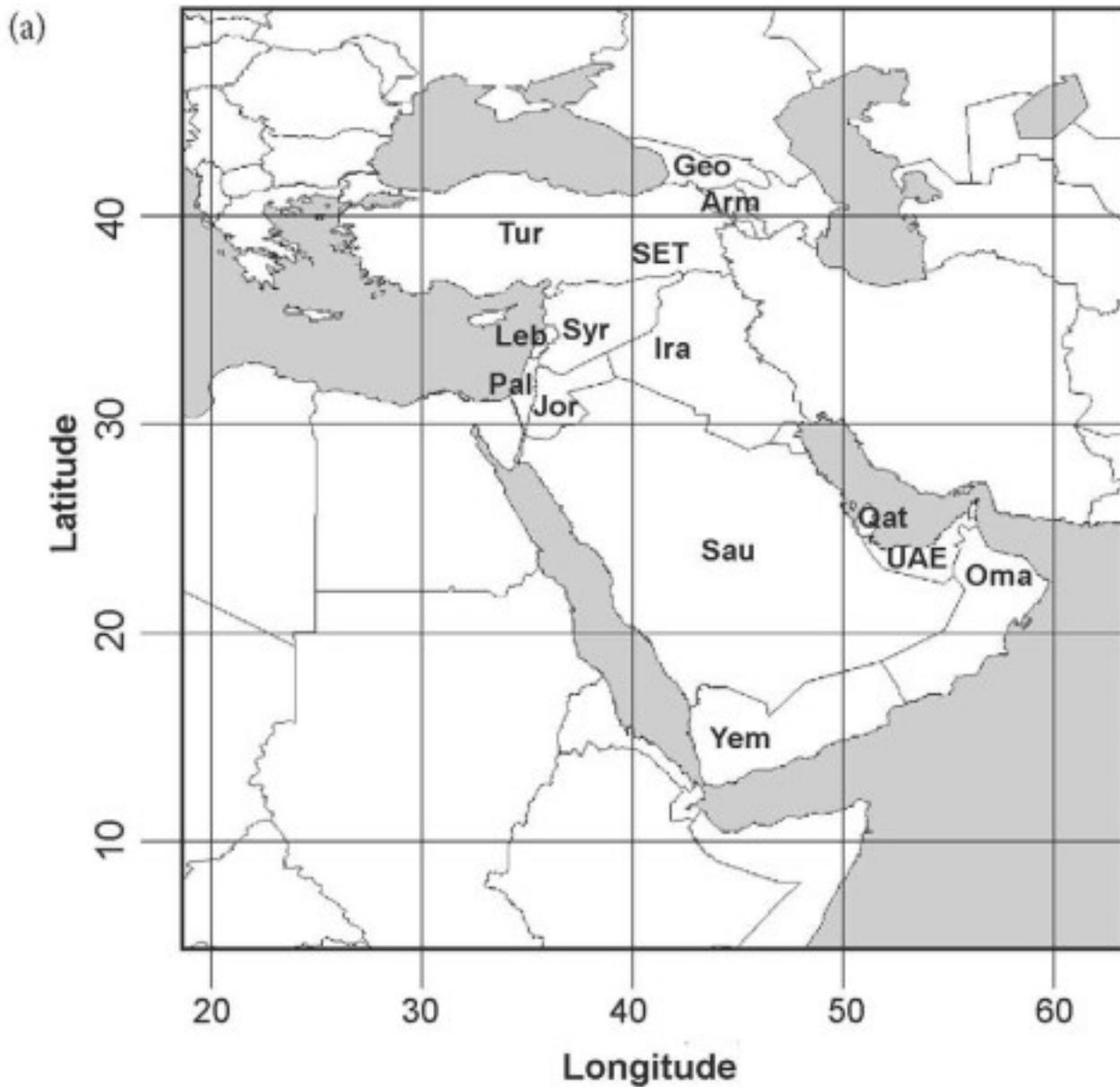
Читайте также ниже, в разделе «Мнения экспертов» комментарий М.Чухряевой «Результаты двух статей согласуются, но интерпретации различны»

Заселение Юго-Западной Азии анатомически современными людьми началось с их первого появления в этом регионе около 80 тыс. лет назад, непосредственно после выхода из Африки; следы следующей волны присутствия человека в Леванте отмечаются около 45-50 тыс. лет назад. На процесс освоения территории в большой степени влияли климатические изменения. Так, спасаясь от сухого холодного климата Последней ледниковой эпохи, люди сосредоточились в наиболее пригодных для жизни местах, называемых климатическими рефугиумами, и долгое время находились там в изоляции. После окончания Последней ледниковой эпохи, около 12 тыс. лет назад, люди стали расселяться из этих убежищ по всему региону. Расселение сопровождалось радикальными культурными изменениями – переходом к производящему хозяйству, развитием постоянных поселений, торговых и иных связей между народами.

Авторы [статьи в журнале Scientific Reports](#) поставили перед собой задачу путем генетического анализа выявить места климатических рефугиумов, проследить пути миграций из них по остальной территории и датировать процесс расселения.

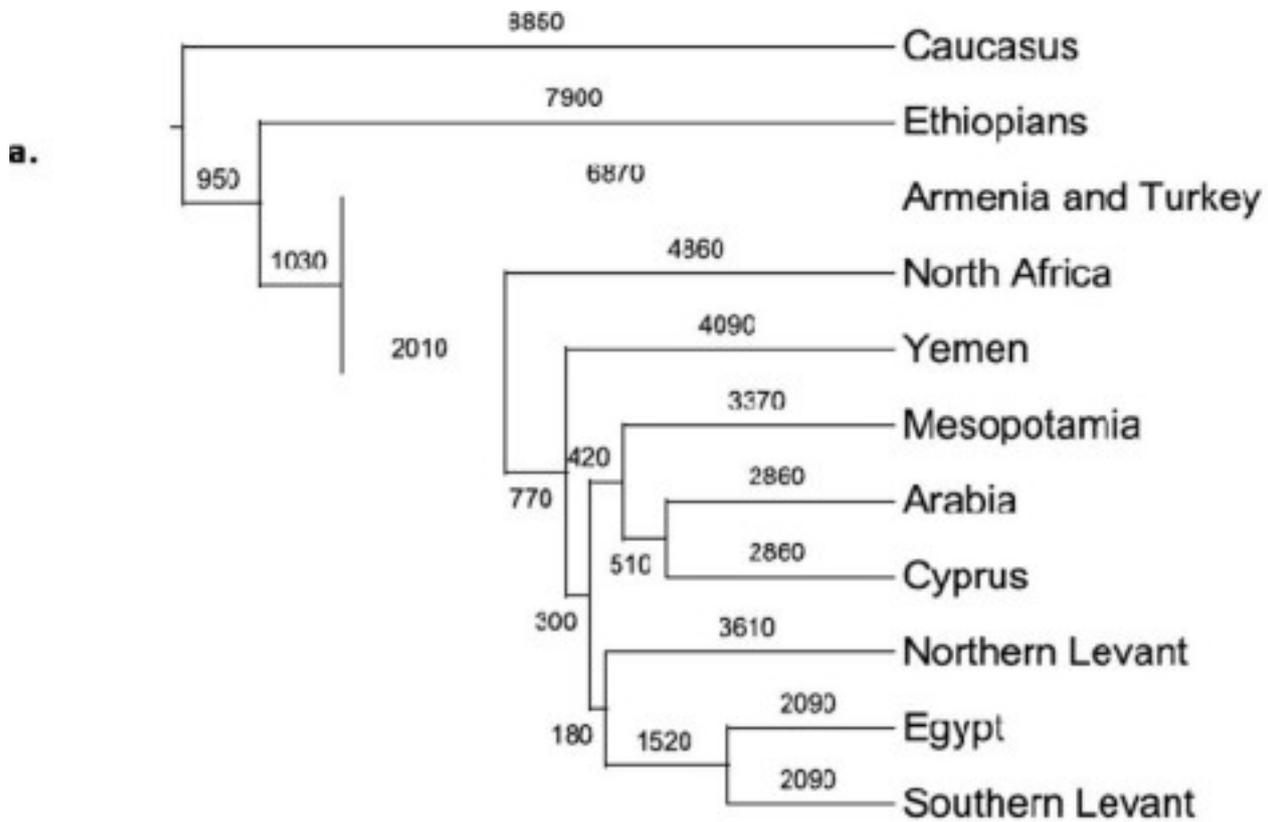
По Y-хромосоме они проанализировали 8515 образцов ДНК из современных популяций Юго-Западной Азии и окружающих регионов (Южная Европа и часть Восточной Европы, Северная Африка). Из этого числа 727 образцов они генотипировали впервые, 2047 взяли из своих предыдущих работ, остальные – из данных, опубликованных другими исследователями. Авторы используют следующую группировку по регионам: Аравия (Саудовская Аравия, Эмираты, Катар, Бахрейн), Йемен (отдельно), Армения и Турция (один регион), Кавказ (Грузия), Месопотамия (Иран, Ирак, Кувейт), Кипр, Южный Левант (Иордания, Палестина), Северный Левант (Ливан, Сирия), Египет, Северная Африка (Ливия, Марокко, Тунис, Алжир), Эфиопия.

Аутосомные данные были взяты из базы, содержащей 994 образца из 48 популяций, в том числе 174 образца из 9 популяций Юго-Западной Азии.

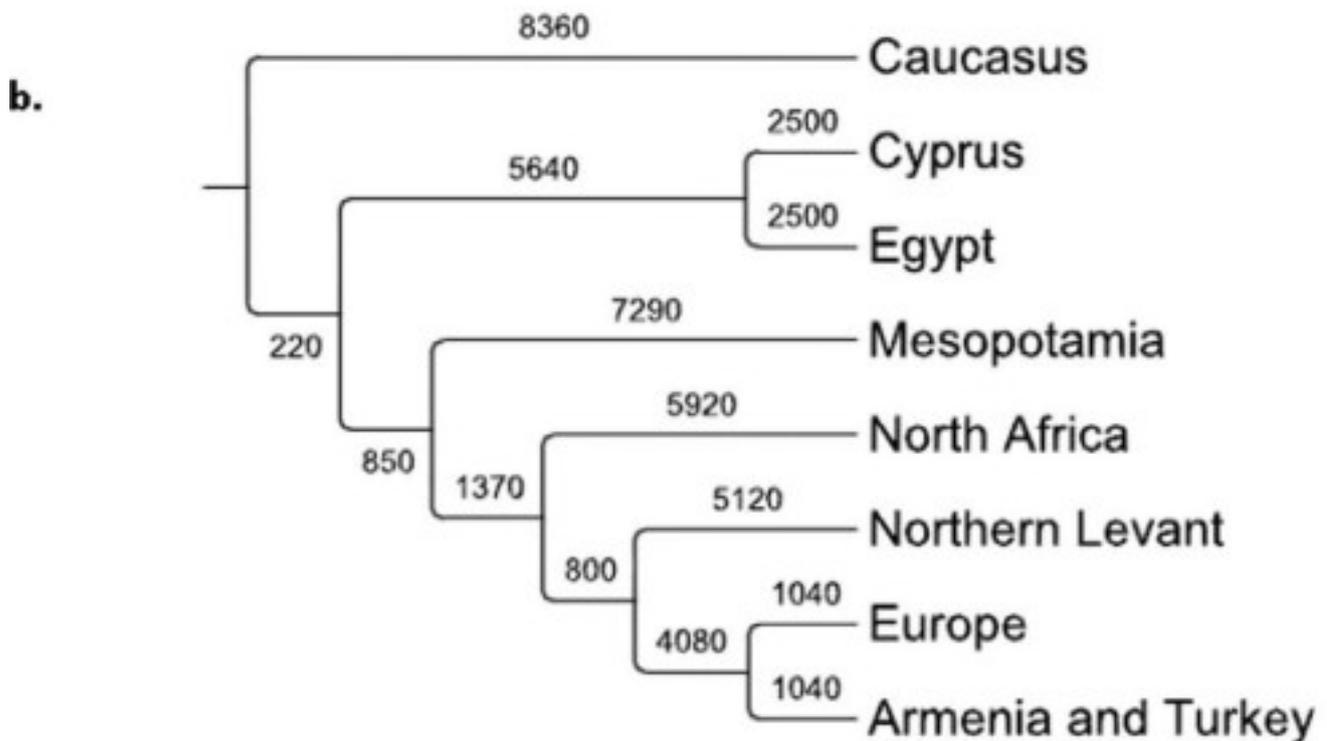


Карта популяций Юго-Западной Азии, изученных в данной работе.

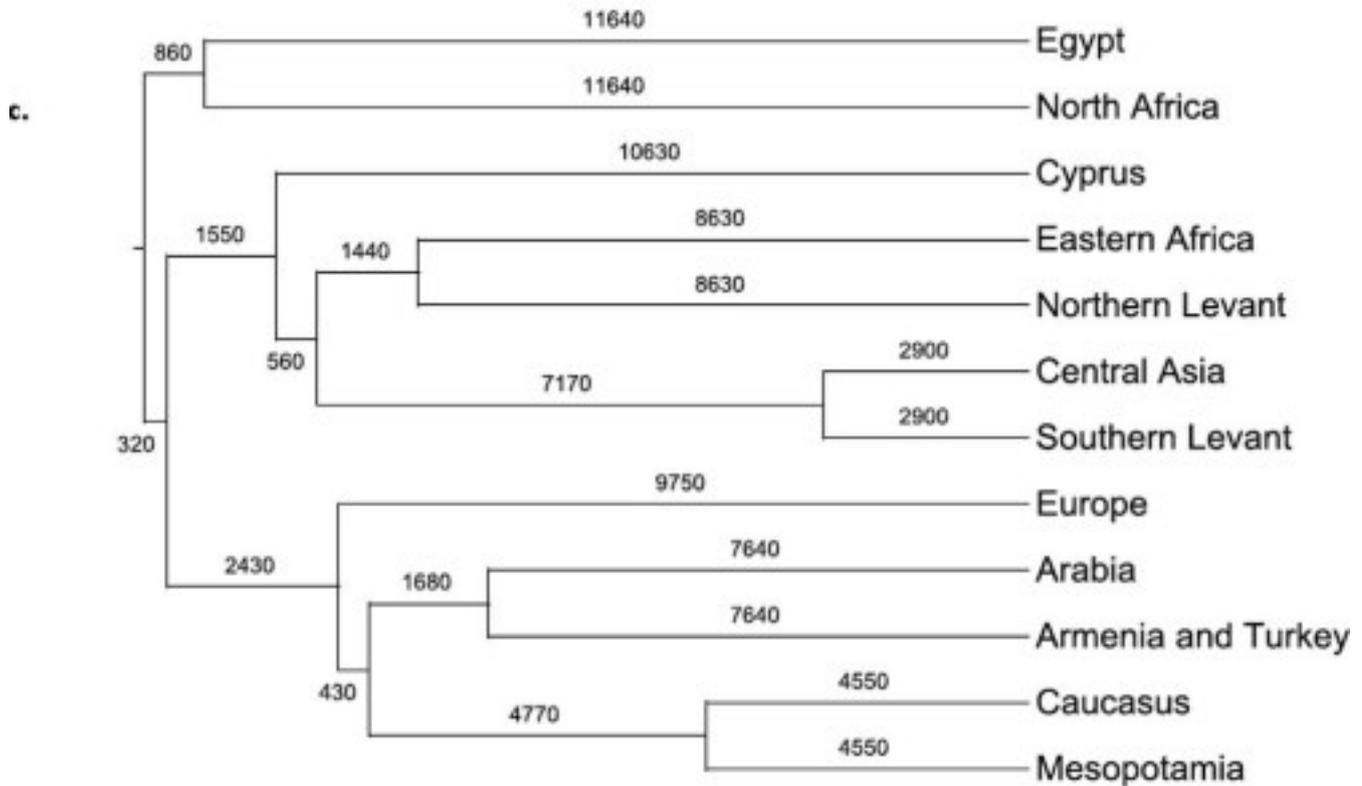
Доминирующие Y-хромосомные гаплогруппы в обследованных популяциях Юго-Западной Азии – это J1, J2 и E1b1b, в сумме они составляют 50,9% во всем спектре гаплогрупп. Авторы использовали метод моделирования BATWING, чтобы по каждой из этих трех гаплогрупп построить филогенетические деревья и вычислить время расхождения популяций.



Филогенетическое дерево по Y-хромосомной гаплогруппе J1 и время расхождения популяций Юго-Западной Азии.



Филогенетическое дерево по Y-хромосомной гаплогруппе J2 и время расхождения популяций Юго-Западной Азии.



Филогенетическое дерево по Y-хромосомной гаплогруппе E1b1b1 и время расхождения популяций Юго-Западной Азии.

По гаплогруппе J1 (рис. а) раньше всего отделился Кавказ (здесь он был представлен образцами из Грузии) – 8,9 тыс. лет назад, затем Эфиопия – 7,9 тыс. лет назад, следом Армения и Турция – 6,9 тыс. лет назад. Гаплогруппа J2 (рис. б) также указывает на самое раннее отделение Кавказа – 8,4 тыс. лет назад. По гаплогруппе E1b1b1 (рис. с) первыми отделились популяции Египта и остальной Северной Африки — 11,6 тыс. лет назад, расхождение остальных популяций происходило в узком временном окне, почти одновременно.

По STR (короткие tandemные повторы) на Y-хромосоме авторы провели анализ многомерного шкалирования генетических расстояний и сделали вывод о слабой географической зависимости в изменчивости по этим маркерам.

По 188,974 аутосомным SNP они провели анализ ADMIXTURE, позволяющий сравнить популяции по предковым компонентам. Как видно на рисунке, наиболее четкий результат получился при заданном числе предковых популяций K=3. В этом случае в популяциях Юго-Западной Азии выделяются три предковых компонента (синий, голубой и красный цвета), Синий можно связать Грузией (Кавказом), красный — с Аравией.

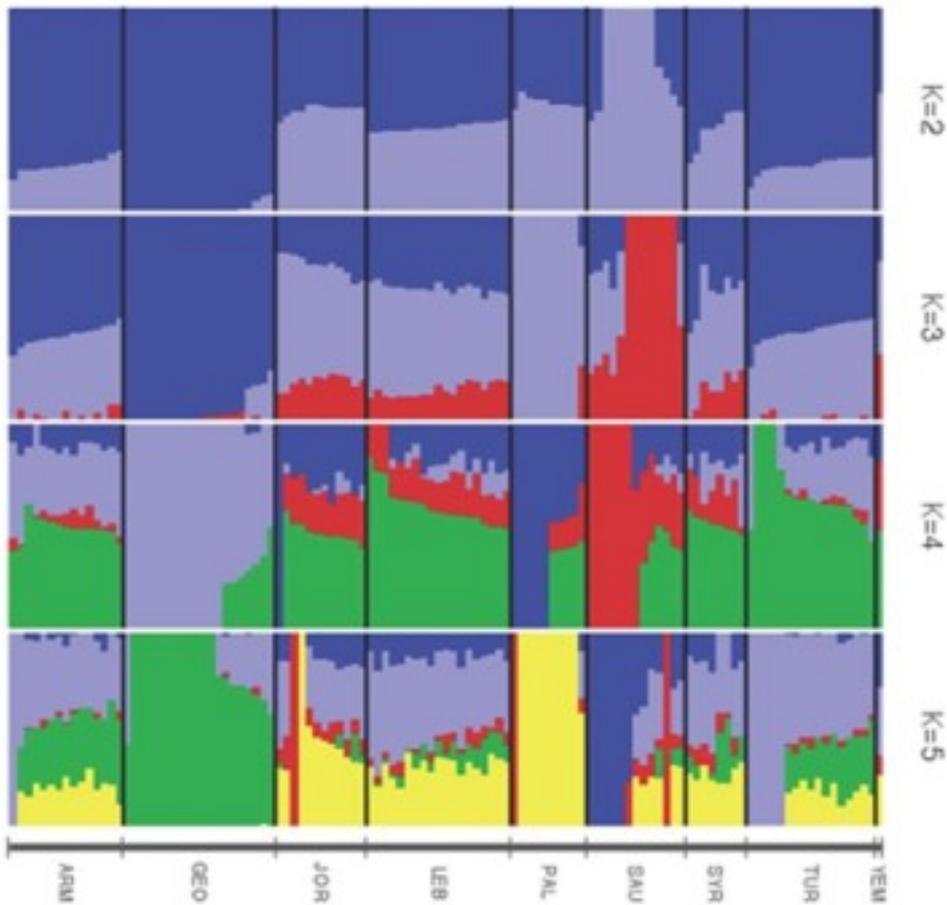


График анализа ADMIXTURE по 188,974 аутосомным SNP. Справа — заданное число предковых гаплогрупп (K=1, K=2, K=3, K=4). Внизу — анализируемые популяции: Армения, Грузия, Иордания, Ливан, Палестина, Саудовская Аравия, Сирия, Турция, Йемен.

По этим же 188,974 аутосомным SNP маркерам авторы провели анализ главных компонент (PCA). На графике, демонстрирующем степень генетического сходства между популяциями, последние сгруппированы в три кластера. Первый составляют Грузия (вверху), к которой примыкают Армения и Турция; второй (в центре) – Левант (Ливан, Иордания, Палестина, Сирия); третий (внизу) – Аравия (Саудовская Аравия и единичный образец по Йемену).

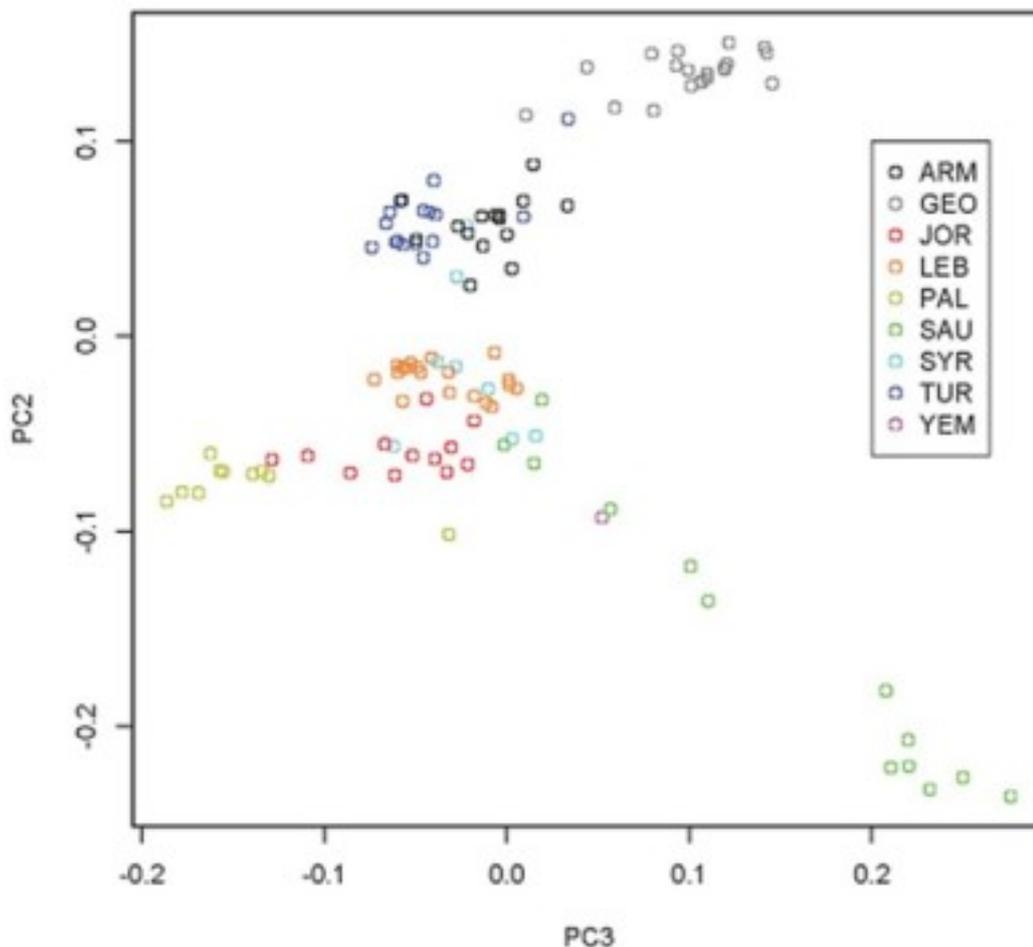


График анализа главных компонент на основе 188,974 аутосомных SNP. Популяции: ARM — Армения, GEO — Грузия, JOR-Иордания, LEB- Ливан, PAL- Палестина , SAU- Саудовская Аравия, SYR — Сирия, TUR- Турция, YEM – Йемен.

Суммируя результаты по всем видам анализа, авторы приходят к выводу о трех центрах, из которых произошло расселение людей по Юго-Западной Азии. Эти центры соответствуют трем климатическим рефугиумам Юго-Западной Азии, известным по археологическим данным. Первый центр находится в Восточном Причерноморье – в Грузии и восточной Турции (археологи связывают его с добычей минерала обсидиана); второй расположен в северном Леванте (по археологическим данным, он отличался интенсивным производством и торговыми связями); третий – на юге Аравийского полуострова. В этих рефугиумах популяции находились долгое время в изоляции, и в процессе этой изоляции накапливалась генетическая изменчивость. Так что когда с улучшением климатических условий люди стали расселяться из этих убежищ по остальной территории, значительная часть изменчивости (по подсчетам авторов 2/3) в мигрирующих популяциях сохранилась от изоляционного периода; по их мнению, в этом причина слабой зависимости генетической структуры от географии.

Как можно понять из статьи, самые древние миграции (около 9 тыс. лет назад) авторы выводят из северного рефугиума (Грузия, Турция); они пишут о двух основных южных ветвях миграций: западная пошла через Левант, восточная – через Месопотамию, так была заселена зона Плодородного полумесяца – регион, благоприятный для развития земледелия, где возникли первые земледельческие поселения. Процесс расселения из рефугиумов по Юго-Западной Азии, пишут авторы статьи, соответствует климатическому оптимуму (9 – 5 тыс. лет назад), а по археологической периодизации — периоду докерамического неолита. Помимо зарождения сельского хозяйства этот период характеризуется усилением роли торговли и обмена; в данном регионе предметами торговли были в том числе обсидиан, и морепродукты. Таким образом, по мнению авторов, направления и датировки миграционных потоков хорошо коррелируют с археологическими и с климатическими данными.

В статье они приводят рисунок, на котором сопоставляют температурные кривые, археологическую периодизацию и развитие поселений человека на территории Юго-Западной Азии. На наш взгляд, этот рисунок не показывает наглядно тот самый процесс расселения из рефугиумов, который исследуется в работе, поэтому мы не стали приводить его здесь, но с ним можно познакомиться в тексте статьи.

Авторы обсуждают полученные результаты в контексте последних работ по древней ДНК. В этих работах выявлены три древних источника происхождения современных европейцев и предположена роль миграции степных кочевников-ямников в

формировании генофонда Европы (работы Haak et al, 2015; Allentoft et al., 2015; о них можно прочитать на сайте http://генофонд.рф/?page_id=984 , http://генофонд.рф/?page_id=3877). В другой работе Bradley et al., http://генофонд.рф/?page_id=6029 обозначен вклад кавказских охотников-собирателей в генофонд ямной культуры. Наконец, в работе Mathieson, I. et al., 2015 предполагается некий “armenian-like” компонент в генофонде ближневосточных земледельцев. То есть, везде прослеживается роль кавказского региона в формировании генофонда ближневосточных, а потом и европейских земледельцев. В данной статье результаты указывают на роль Кавказа как источника наиболее древних постледниковых миграций. При этом кавказский регион определен как вероятный источник гаплогрупп J1 и J2, которые сейчас доминируют в Юго-Западной Азии, а ранее считались маркирующими распространение неолитической революции в Европе. С другой стороны гаплогрупп J1 и J2 не найдено в образцах ямной культуры (у ямников R1b). Возникает противоречие, которое авторы статьи констатируют, но объяснить пока не берутся.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Mapping Post-Glacial expansions: The Peopling of Southwest Asia

Daniel E. Platt et al.

Scientific Reports

http://www.nature.com/articles/srep40338?WT.feed_name=subjects_genetics

(статья в свободном доступе)