Ягнобцы сохранили отражение древнего генофонда

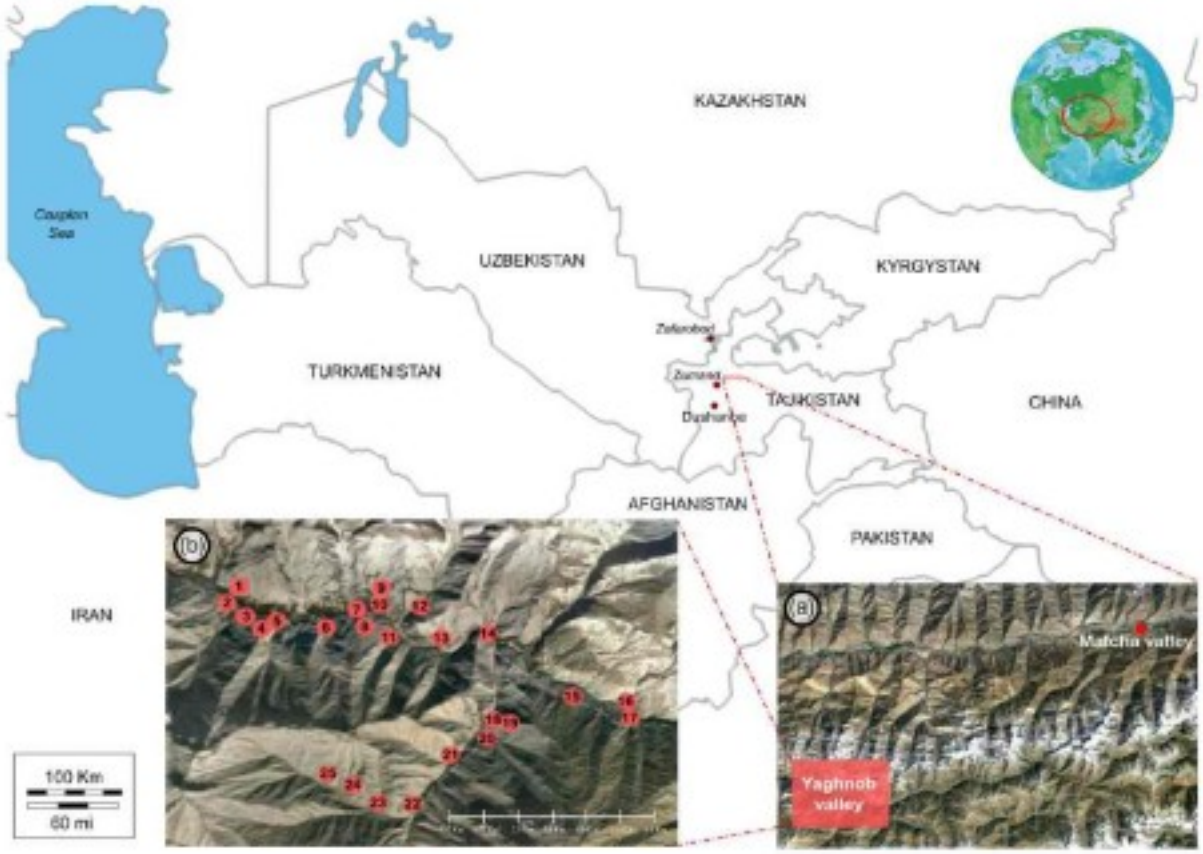
Впервые проведено подробное генетическое исследование популяции ягнобцев — изолированной малочисленной популяции, проживающей в горах в Таджикистане. Показано, что по материнским линиям их генофонд близок к Ближнему Востоку, а по отцовским линиям испытал влияние миграций из Центральной Азии. По некоторым предковым генетическим компонентам ягнобцы сходны с современными иранцами, но еще больше – с соседними таджиками. Однако при этом они сохранили свой собственный генетический портрет, который уходит корнями в эпоху Евразии до тюркизации.

Ягнобцы – этно-лингвистическая популяция, живущая вдоль реки Ягноб в верхней части Заравшанской долины в Таджикистане. Их язык – ягнобский — это продолжение древнего согдийского языка (иранской группы), единственный дошедший до нас от языка, на котором говорили народы вдоль Великого шелкового пути во времена поздней античности. Происхождение ягнобцев связывают с согдийцами, населяющими древнюю историческую область Согдиану и играющими ведущую роль в торговле между Востоком и Западом по Великому шелковому пути.

Сегодня популяция ягнобцев проживает в труднодоступных горах, в относительной географической изоляции. Их численность в Ягнобской долине составляет менее 500 человек (в 21 поселке). Кроме того, ягнобцы живут близ Душанбе и Зафаробода, где они оказались из-за депортации.

Первое подробное генетическое исследование ягнобцев проведено итальянскими специалистами в рамках этно-лингвистического проекта Болонского университета, статья с результатами этой работы опубликована в журнале American Journal of Physical Anthropology.

Авторы собрали 88 образцов ДНК неродственных между собой ягнобцев, проживающих в Ягнобской долине (это почти 20% общей численности популяции). Для сравнения были собраны 12 образцов ДНК у таджиков, живущих в соседней Матчинской долине. ДНК, выделенная из буккального эпителия, была изучена по Y-хромосоме (23 STR маркеров), митохондриальной ДНК (гипервариабельный сегмент HVS-I) и аутосомным SNP маркерам.



Карта Центральной Азии с обозначением географического положения Ягнобской и Матчинской долин и расположением поселков ягнобцев в Ягнобской долине.

По мтДНК ягнобцы значительно отличались от других популяций Центральной Азии, что по материнским линиям наследования подтверждает их изоляцию. Отличались они и от таджиков из соседней Матчинской долины. По гаплогруппам в митохондриальном генофонде ягнобцев преобладали западноевразийские гаплогруппы H (19%) и HV (38%) и отсутствовала типичная для Азии гаплогруппа M.

Наиболее близки по мтДНК ягнобцы оказались к популяциям Ближнего Востока. На графике анализа главных компонент можно видеть, что они входят в кластер Ближнего Востока, в то время как таджики из соседней Матчинской долины входят в кластер Центральной Азии.

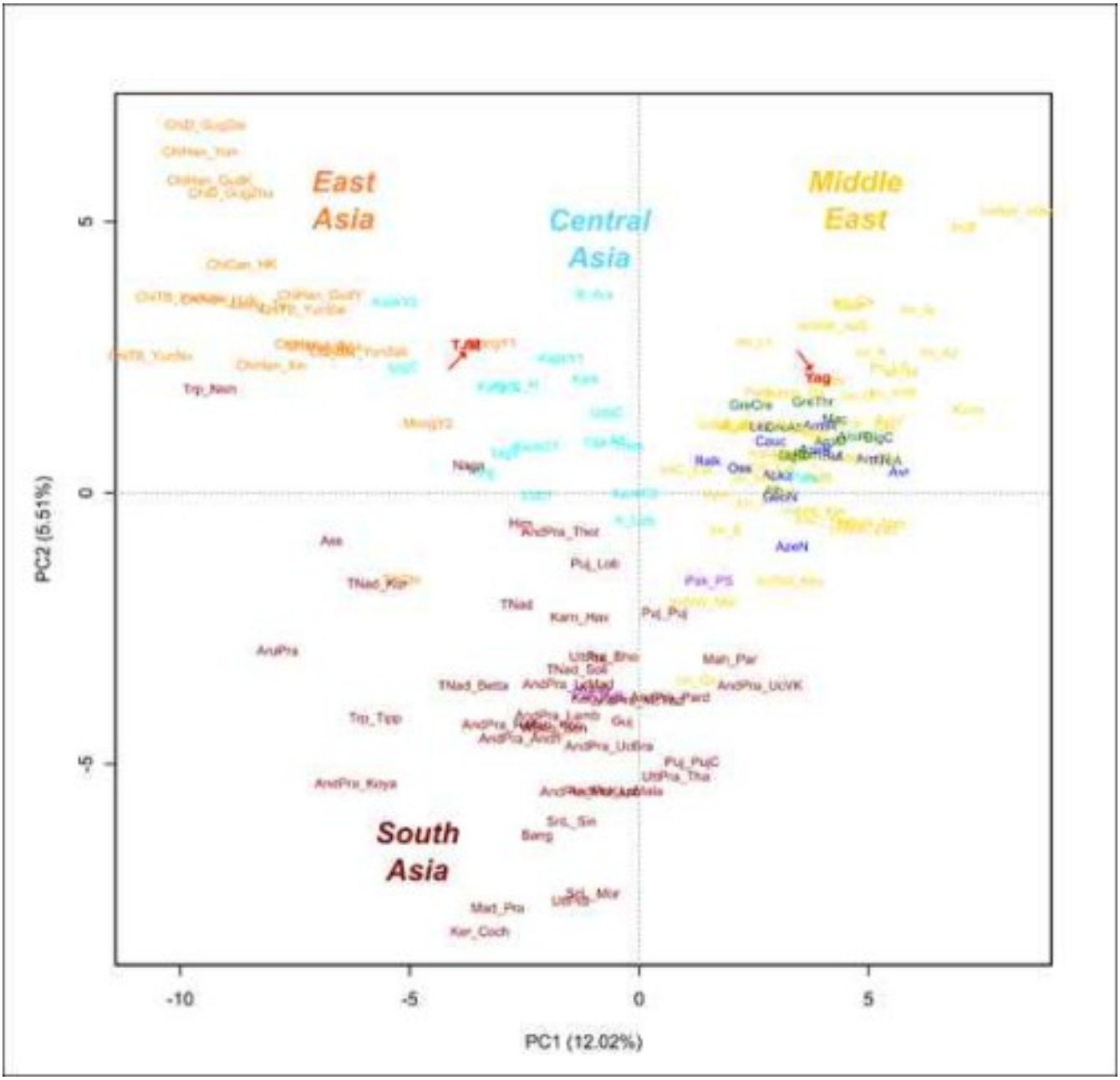


График анализа главных компонент по мтДНК популяций ягнобцев (YAG) и таджиков из Матчинской долины (TJM) в контексте 7600 индивидов из 166 популяций Евразии. Популяции обозначены разными цветами по регионам: Ближний Восток (желтый), Южная Европа (зеленый), Кавказ (синий), Центральная Азия (голубой), Восточная Азия (оранжевый), Пакистан и Бангладеш (фиолетовый), Индия (темно-красный).

Что касается Y-хромосомы, то на соответствующем графике главных компонент таджики из Матчинской долины тяготеют к популяциям Центральной Азии, а ягнобцы расположились вдоль клина от Центральной Азии к Ближнему Востоку.

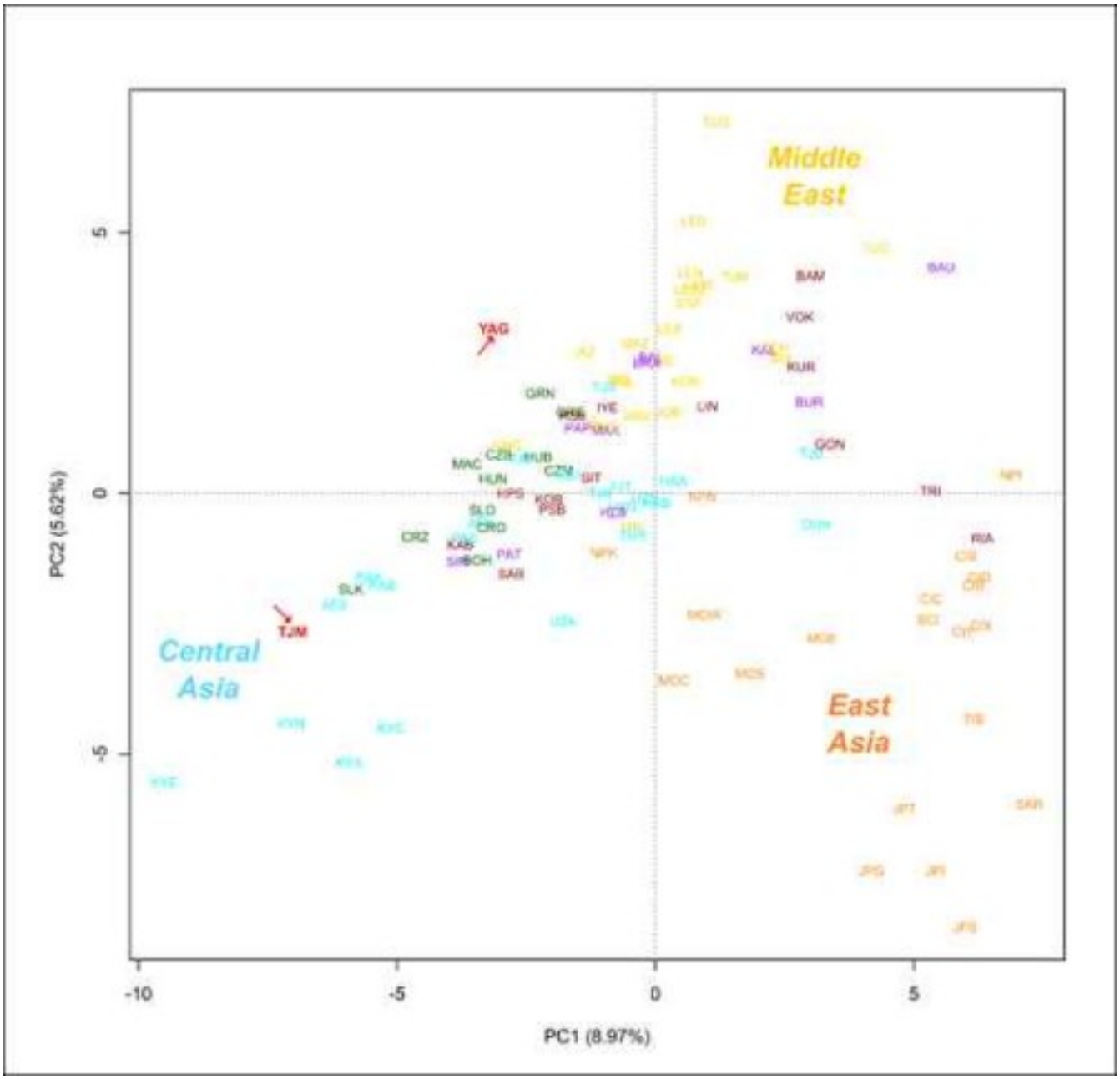


График анализа главных компонент по Y-хромосоме популяций ягнобцев (YAG) и таджиков из Матчинской долины (TJM) в контексте 7600 индивидов из 166 популяций Евразии. Цвета разных регионов такие же, как на предыдущем рисунке.

Промежуточное положение ягнобцев между Центральной Азией и Ближним Востоком отражается и в наборе Y-хромосомных гаплогрупп. С частотой около 30% в их генофонде представлены как ближневосточная гаплогруппа J2-M172, так и R1a-M17, типичная для Восточной Европы и Центральной Азии; гаплогруппы R1b-M269* и K-M9 составляют 21% и 12% соответственно, другие линии встречены в единичных случаях.

По аутосомным SNP маркерам, как отмечают исследователи, ягнобцы демонстрируют высокий уровень гомозиготности. Вместе со сниженным разнообразием по мтДНК и Y-хромосоме, это указывает на то, что в немногочисленной изолированной популяции происходил сильный генетический дрейф.

На графике главных компонент, построенном по аутосомным SNP маркерам, ягнобцы (фиолетовые и оранжевые треугольники) группируются вместе и занимают промежуточное положение между популяциями Ирана (светло-зеленые точки), таджиками (зеленые квадратики) и туркменами (синие треугольники).

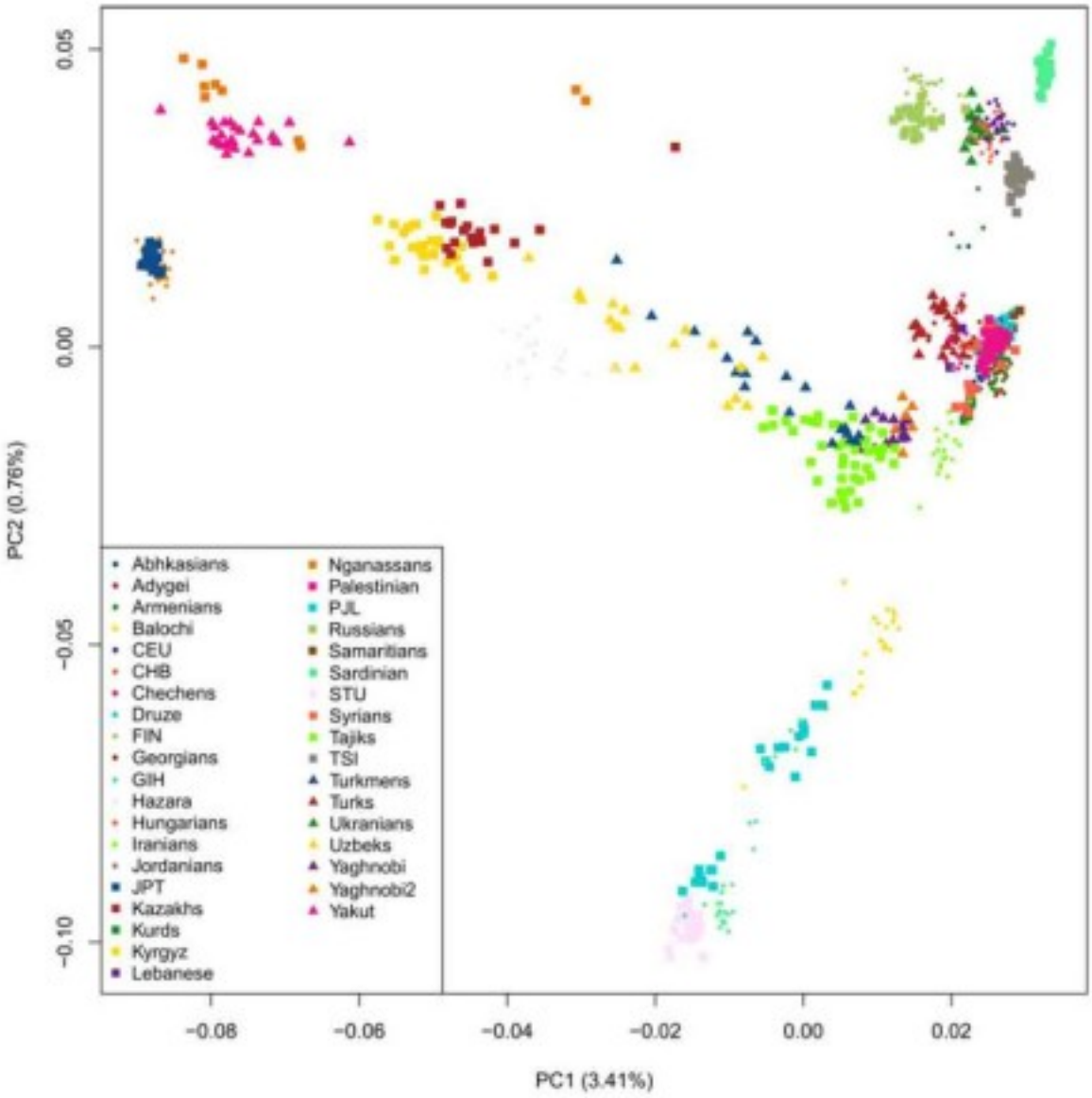


График анализа главных компонент по 37 популяциям Евразии. Ягнобцы обозначены фиолетовыми и оранжевыми треугольниками.

Анализ ADMIXTURE, который выявляет предковые компоненты популяций, показал, что для ягнобцев примерно 44% приходится на генетический компонент иранского неолита (для современных иранцев – 46%). Но при этом у ягнобцев и таджиков доля степного компонента бронзового века составляет 32%, больше, чем у иранцев (11%). Кроме того, у ягнобцев меньше доля компонента анатолийского неолита, чему у иранцев (8% против 25%).

Для лучшего понимания генетических отношений между ягнобцами, иранцами и таджиками авторы применили метод f3 статистики. Он показал большую генетическую близость ягнобцев к таджикам, чем к современным иранцам. А метод D-статистики указал на существование недавнего генетического потока между ягнобцами и таджиками.

В дискуссии авторы рассуждают, что митохондриальный генофонд ягнобцев, близкий к популяциям Ближнего Востока, очевидно, сохранился благодаря их изоляции. В то же время их Y-хромосомный генофонд получал приток из популяций Центральной Азии – эти миграции были преимущественно мужскими, вероятно, миграции тюркских и монгольских кочевых племен.

Исследователи пишут, что их работа подтвердила представление о ягнобцах как об относительно изолированной популяции, сохранившей древний генофонд Ближнего Востока, в который влились более недавние генетические потоки из Центральной Азии. Сегодняшней генетический портрет ягнобцев можно рассматривать как отражение генофонда, широко распространенного на большой территории Евразии до того, как на него повлияли исторические события. К таким событиям относятся, в первую очередь, миграции тюркских и монгольских кочевых племен из Центральной Азии. На генофонд ягнобцев повлиял и недавний поток генов из соседней популяции таджиков. Для более точной реконструкции генетической

истории ягнобцев необходимы данные по древней ДНК, в особенности с территории древней Согдианы.

Источник:

Cilli E, Sarno S, Gnecchi Ruscone GA, Serventi P, De Fanti S, Delaini P, Ognibene P, Basello GP, Ravegnini G, Angelini S, Ferri G, Gentilini D, Di Blasio AM, Pelotti S, Pettener D, Sazzini M, Panaino A, Luiselli D, Gruppioni G. The genetic legacy of the Yaghnobis: A witness of an ancient Eurasian ancestry in the historically reshuffled central Asian gene pool // Am J Phys Anthropol. 2019 Apr;168(4):717-728. doi: 10.1002/ajpa.23789. Epub 2019 Jan 29.

https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/ajpa.23789

Текст статьи можно скачать в Библиотеке сайта