

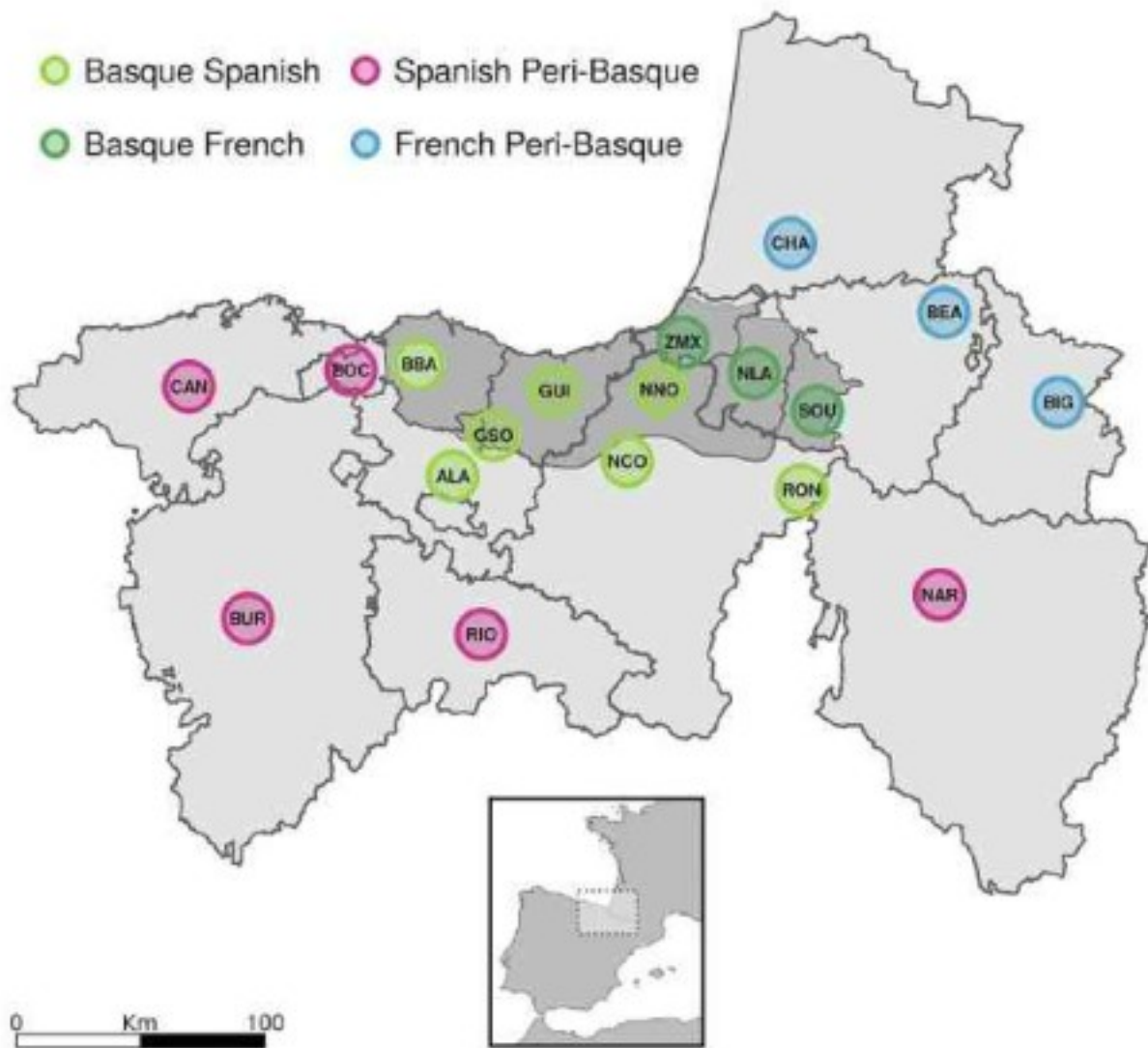
## **Баски оказались в генетической изоляции после железного века**

**Результаты геномного исследования басков подтверждают их генетические отличия от соседних европейских народов. Проживающие в том же франко- кантабрийском регионе, но не говорящие на языке басков перибаски – занимают промежуточное генетическое положение между басками и внешними популяциями. Показано, что в пределах франко- кантабрийского региона генетический профиль популяций коррелирует с географией. Наконец, оказалось, что генетическое своеобразие басков определяется не их иным, чем прочие народы Иберии, происхождением, а ограничением генетических потоков после железного века. Язык басков способствовал изоляции, играя роль культурного барьера между ними и другими народами.**

Опубликованы результаты детального генетического исследования басков – народа, населяющего франко- кантабрийский регион на западе Пиреней, разделяющих север Испании и юго-запад Франции, статья [вышла в журнале Current Biology](#). Баски выделяются среди других европейских народов лингвистически, антропологически и генетически. Крайне своеобразный язык басков – эускара, с пятью разными диалектами, не принадлежит к индоевропейской семье и не находится в родстве с каким-либо другим языком. Генетическое своеобразие басков проявляется, например, в том, что у них исключительно высока частота отрицательного резус-фактора групп крови. Все указывает на то, что баски происходят от древней популяции и длительное время находились в изоляции. Вместе с тем, точная история происхождения этого народа до сих пор неясна. Наряду с отличием от других популяций, сами баски неоднородны, так французские баски значительно отличаются от испанских.

Авторы работы изучили 1970 современных и древних геномов из франко- кантабрийского региона. В их числе собраны образцы ДНК 190 индивидов, проживающих в 18 провинциях Испании и Франции, жители которых говорят как на эускара, так и на романских языках (испанском, французском, арагонском и гасконском). Последних объединили под названием перибаски (французские и испанские).

ДНК генотипировали с использованием панели Axiom Genome-Wide Human Origins Array, включающей 600 тысяч SNP.



Франко- кантабрийский регион и провинции Испании и Франции, где были собраны образцы для исследования. Разными цветами обозначены испанские баски, французские баски, испанские перибаски и французские перибаски.

Анализ главных компонент в контексте геномных данных Западной Евразии и Северной Африки показал, что геномы басков расположились в отдалении от североафриканских и на периферии европейских и в этом отношении оказались подобны геномам из Сардинии. Перибаски заняли промежуточные позиции между басками и другими популяциями.

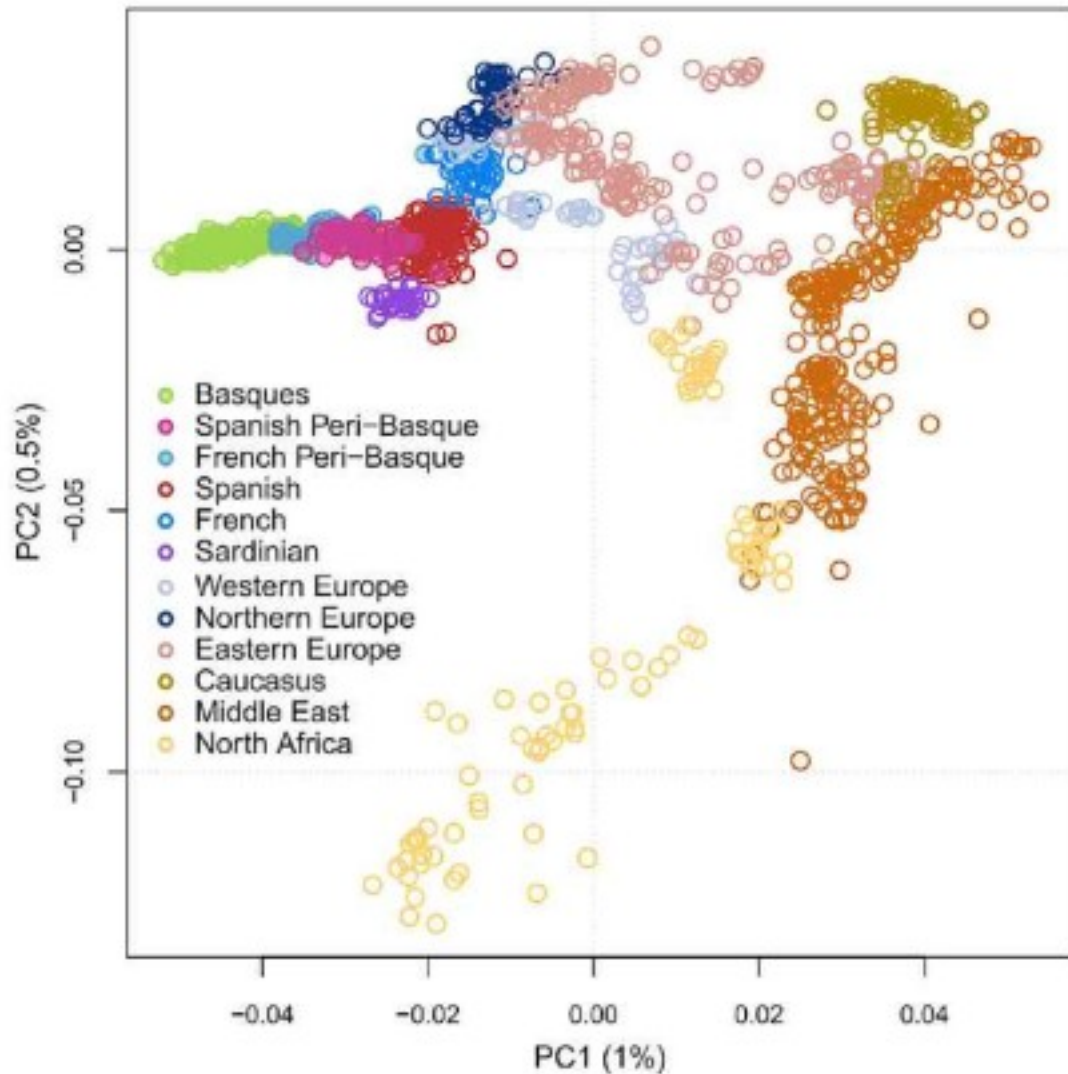
**A**

График анализа главных компонент изученных геномов в контексте геномов других популяций Западной Евразии и Северной Африки.

Анализ ADMIXTURE (при  $k=6$ ) выявил у басков два основных генетических компонента. Основной (зеленый цвет) присутствует в Европе и в небольшом количестве на Ближнем Востоке и на Кавказе, а второй, минорный компонент (розовый цвет) с высокой частотой встречается в Центральной и Восточной Европе. Другие генетические компоненты, входящие в европейские образцы, у басков отсутствуют. Перибаски отличались от басков именно наличием этих дополнительных, отсутствующих у басков компонентов. Но с увеличением числа предковых компонентов до 7 ( $k=7$ ) появляется новый специфический компонент, максимальный у басков и составляющий более 50% у перибасков. Он имеется также у французов и испанцев, но не в других европейских популяциях.

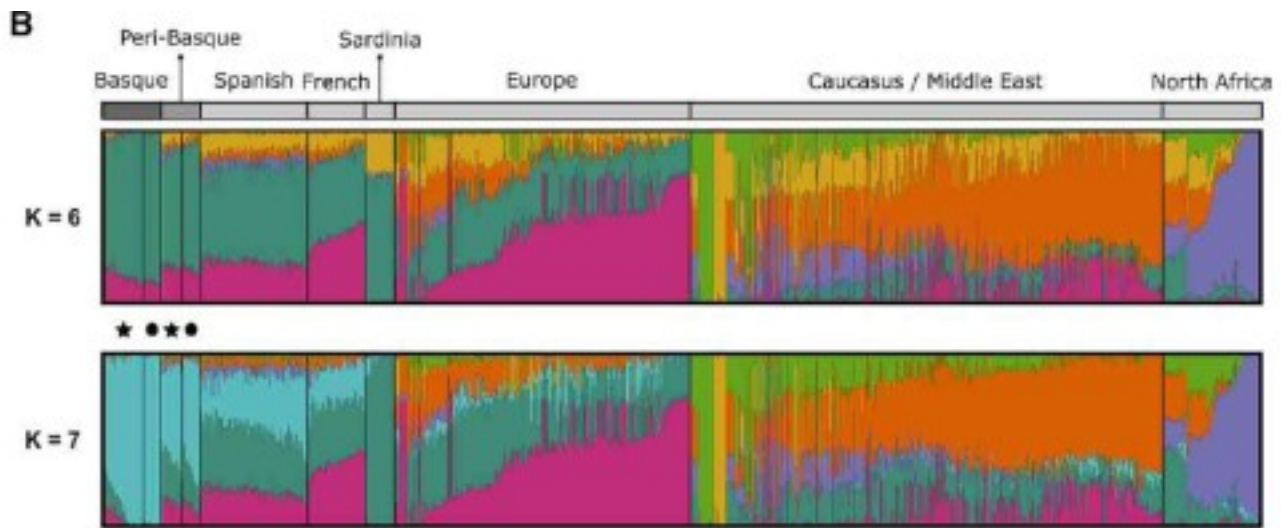


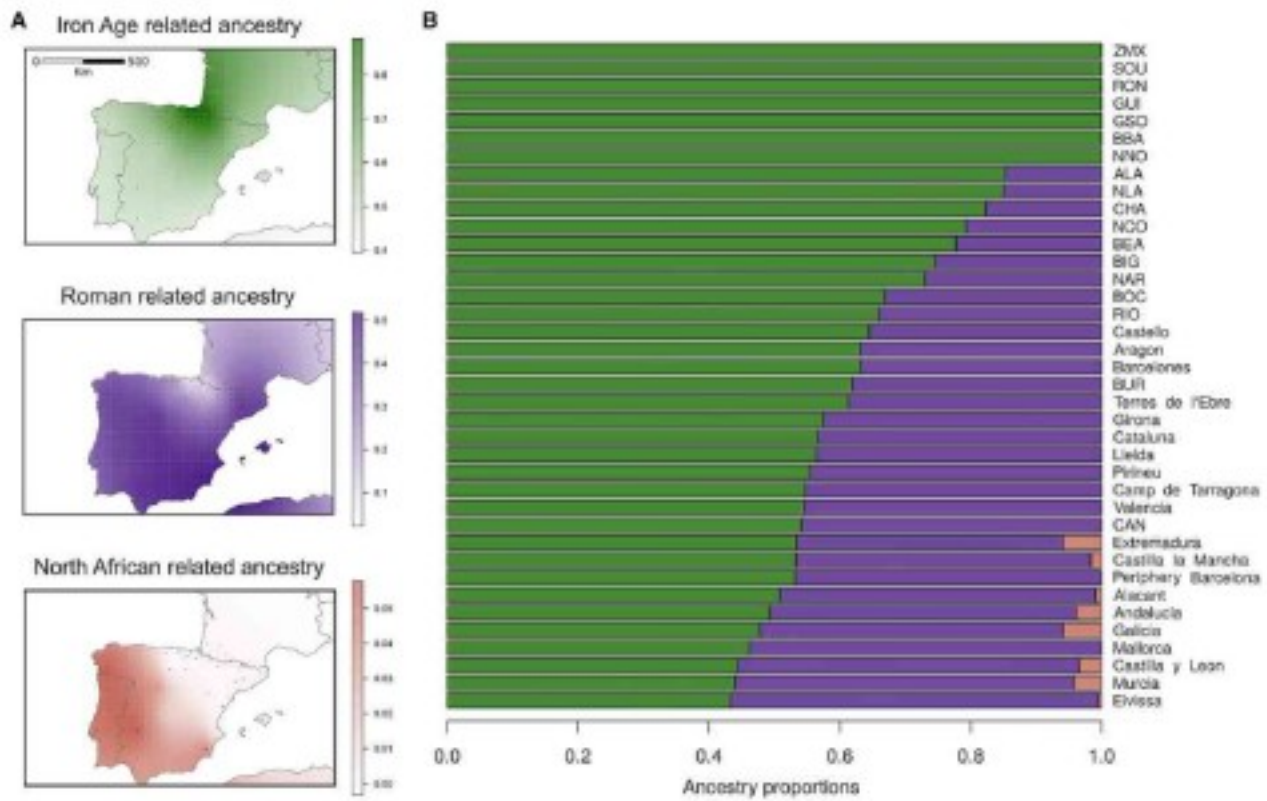
График анализа ADMIXTURE – геномы басков на фоне геномов других популяций Западной Евразии и Северной Африки.

Анализ fineSTRUCTURE, основанный на гаплотипическом разнообразии, показал, что баски разделяют общие гаплотипы исключительно с внутренними группами франко- кантабрийского региона, а перибаски – также с испанскими или французскими группами за пределами этого региона. Это предполагает существование генетических потоков между франко-кантабрийским регионом и внешними популяциями, и перибаски служат генетическим буфером между басками и внешними популяциями. Анализ GLOBETROTTER выявил у перибасков признаки генетического смешения, которое происходило между XI и XVI веками.

Баски продемонстрировали высокий уровень гомозиготности по показателю ROH – как по числу гомозиготных фрагментов, так и по их длине они превосходили популяцию Сардинии. Оценка эффективного размера популяции показала, что он у басков невелик. То и другое типично для популяции, долгое время находящейся в изоляции и свидетельствует о высоком уровне инбридинга.

Анализ главных компонент, в который были включены древние образцы басков, спроецированные на современные образцы, показал, что баски генетически близки к европейским охотникам-собирающим, европейским неолитическим земледельцам и к степным скотоводам бронзового века из понто-каспийских степей. Анализ ADMIXTURE при  $k=4$  выявил у басков и перибасков более низкую долю левантского и иранского неолитических компонентов и более высокую долю компонента анатолийских/ европейских земледельцев по сравнению с другими европейскими популяциями.

Анализ  $f_3$  статистики указал на общий генетический дрейф между басками и тремя основными древними источниками генофонда европейцев (охотники-собирающие, неолитические земледельцы и степные скотоводы бронзового века). По пропорциям этих древних генетических компонентов в геноме баски не отличались от других европейских популяций. Из этого следует, что генетические особенности басков основаны на демографических процессах, происходящих после железного века, когда регион находился под влиянием Римской империи и исламских народов. Для моделирования этих смешений провели анализ qpAdm. Он показал, что баски наиболее точно выводятся из образцов железного века с Иберийского полуострова с небольшим влиянием Римской империи. Генетическое влияние Северной Африки на басков было крайне ограниченным.



Моделирование потенциального генетического потока после железного века на Иберийском полуострове. А. Распределение генетических компонентов, полученных от железного века, от Римской империи и из Северной Африки. В. Пропорция этих компонентов в геномах популяций Иберийского полуострова.

Далее, авторы проанализировали, какие факторы оказывают наибольшее влияние на внутреннее генетическое разнообразие франко- кантабрийского региона. Анализ главных компонент выявил заметную микрогеографическую генетическую структуру различных групп басков (для сравнения, такой структуры не обнаружено у каталонцев, которые также проживают как в Испании, так и во Франции).

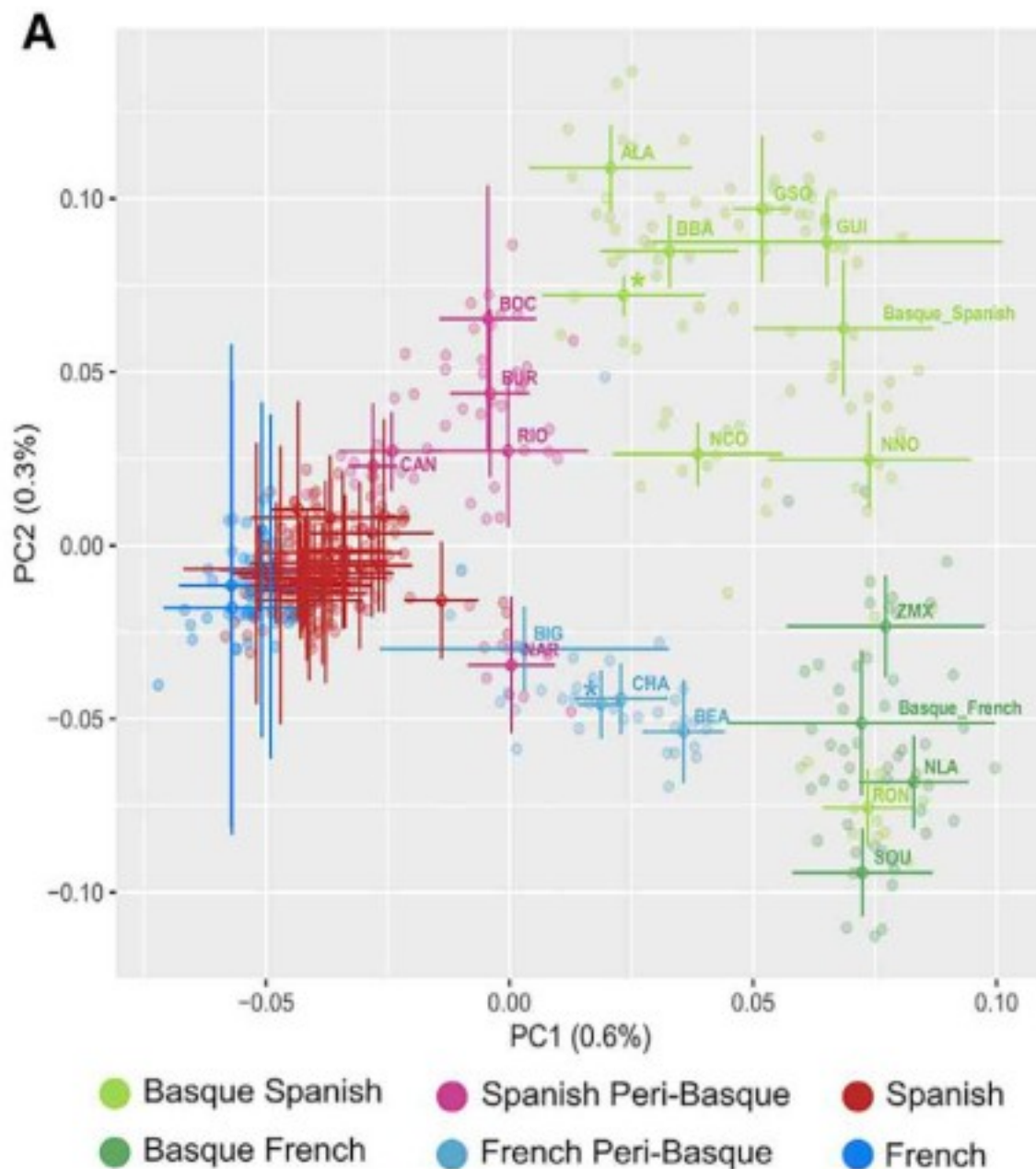


График анализа главных компонент образцов с Иберийского полуострова и из Франции.

Анализ ADMIXTURE при  $k=2$  выявляет главный компонент басков (зеленый цвет), который также присутствует у перибасков и в небольшом количестве у французов и испанцев. При  $k=3$  компонент басков разделяется на восточный (зеленый) и западный (синий). При  $k=4$  появляется новый компонент (розовый). Популяции, не входящие во франко-кантабрийский регион, на этом графике характеризуются преобладанием компонента оранжевого цвета.



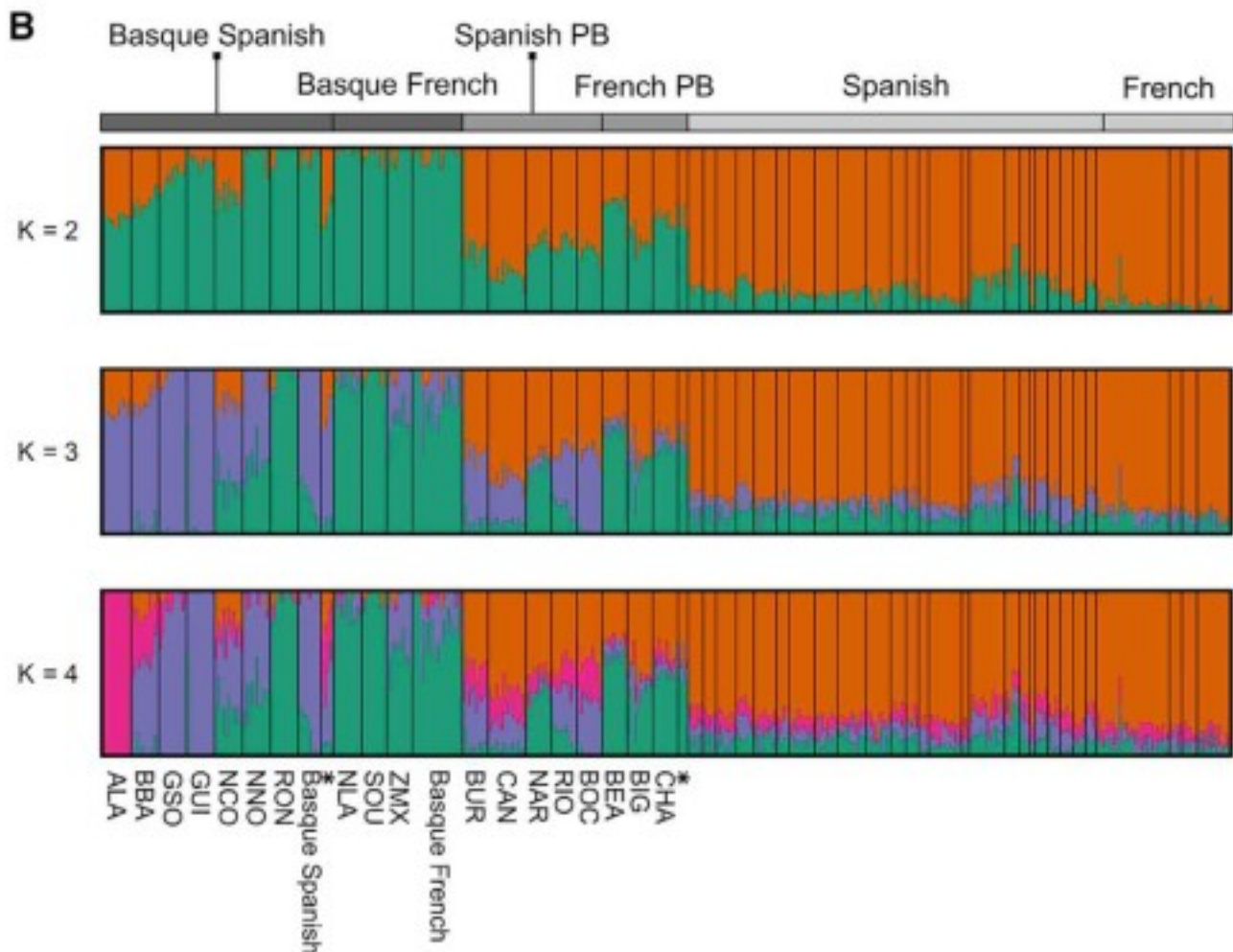


График анализа ADMIXTURE геномов с Иберийского полуострова и из Франции.

Графики указывают на связь генетического разнообразия с географическим положением популяций. Для ее подтверждения авторы провели IBD анализ (оценка изоляции по расстоянию). Тест Мантеля выявил корреляцию между генетическими и географическими расстояниями ( $R^2 = 0.242$ ,  $p = 0.0163$ ), а метод EEMS указал на существование эффективных миграционных барьеров как между басками и перибасками, так и внутри этих групп. Обнаружены генетические различия между западными, восточными и центральными басками.

Таким образом, результаты подтвердили обособленность басков среди всех европейских народов и высокую степень инбридинга внутри популяции. Все указывает на их изоляцию в недавней истории. Что касается перибасков, то они демонстрируют признаки переходных популяций между басками и с другой стороны — испанцами и французами; а также промежуточные признаки между открытыми и закрытыми популяциями. Эпизоды смешения перибасков с другими популяциями относятся к периоду Реконквисты и последующим векам, когда происходили территориальные конфликты между исламистами и христианами.

Авторы приходят к выводу, что генетическая уникальность басков определяется не их иным происхождением по сравнению с другими народами Иберийского полуострова, а ограниченным генетическим потоком после железного века. Именно по этой причине они оказались в изоляции, это отличает басков от популяции Сардинии, которая находилась в генетической изоляции с неолита. Такой сценарий согласуется с гипотезой, что основной причиной изоляции стал язык басков — эускара. Так, даже в период, когда Иберийский полуостров находился под влиянием Римской империи, эускара не замещался латынью и выполнял роль культурного барьера между басками и другими народами. Роль диалектов эускара в возникновении внутривнутрипопуляционной генетической дифференциации басков еще не вполне ясна.

В заключение, авторы подчеркивают важность мультидисциплинарного подхода, объединяющего генетические, археологические и лингвистические данные, для выяснения сложных вопросов биологической истории народов.

*текст Надежды Маркиной*

**Источник:**

Andre Flores-Bello, Frederic Bauduer, Jasone Salaberria et al. Genetic origins, singularity, and heterogeneity of Basques // Current Biology 31, 1–11 May 24, 2021 <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.03.010>

Статья в свободном доступе [https://www.cell.com/current-biology/pdfExtended/S0960-9822\(21\)00349-3](https://www.cell.com/current-biology/pdfExtended/S0960-9822(21)00349-3)