

Анализ Y-хромосомной гаплогруппы Q в популяциях Южной Сибири

Проведен филогеографический анализ Y-хромосомной гаплогруппы Q в популяциях Южной Сибири по SNP и STR маркерам. Изучение шести популяций тувинцев и тоджинцев выявило три ветви гаплогруппы Q, восходящие к одному корню – YP1102. Наиболее частая линия YP1691 достигает максимума в генофонде северо-восточных тувинцев-тоджинцев, понижаясь в частоте с востока на запад. Данные древней ДНК и более высокое генетическое разнообразие в населении Южной Сибири позволяют предположить происхождение гаплогруппы Q-YP1102 в данном регионе и ее дальнейшее проникновение на запад и север Сибири, в том числе, возможно, с предками популяций енисейской лингвистической семьи.

Гаплогруппа Q Y-хромосомы составляет основу генофонда американских индейцев, и ее считают маркером первичного заселения человеком Нового Света. В Евразии же наибольших частот она достигает в популяциях Сибири – прародины коренного населения Америки. Гаплогруппа Q, наряду с гаплогруппой N, отражает наследие древнего населения Сибири, ее паттерн распространения связывает Южную и Центральную Сибирь.

Группой исследователей из Института общей генетики РАН, Медико-генетического научного центра и НИИ медико-социальных проблем и управления Республики Тыва проведен углубленный анализ филогенетики и филогеографии гаплогруппы Q у тувинцев и других популяций Южной Сибири и смежных регионов. Статья с результатами этой работы (первый автор А.Т.Агджоян, ведущий автор О.П.Балановский) опубликована в журнале «Генетика».

Специалисты изучили 545 образцов ДНК из пяти популяций Саянского нагорья, представляющих разные географические группы: западных, центральных, южных и юго-восточных тувинцев, а также тоджинцев. Образцы были собраны Л.Д. Дамба под руководством профессора Е.В. Балановской согласно правилам Биобанка Северной Евразии в экспедиционных обследованиях 2015–2017 гг.

Ранее было показано, что гаплогруппа Q-M242 составляет заметную часть генофонда саянских популяций. Теперь же было проведено генотипирование образцов по 58 SNP-маркерам для выделения разных линий в пределах Q-M242. Суммарная проанализированная выборка носителей Q-YP1102 составила 394 образца. Из них 136 образцов были дополнительно генотипированы по панели STR-маркеров.

Результаты анализа 58 SNP-маркеров внутри гаплогруппы Q-M242 выявили в генофонде тувинцев и тоджинцев три линии – YP1102(xB31, Y12452, BZ99), BZ99(xZ35990, YP1691) и YP1691, восходящие к одному корню – варианту YP1102. Время появления SNP- мутации YP1102, оцененное по полногеномным данным, составляет около 4.6 тыс. лет назад. Наиболее частой из трех является линия YP1691: она охватывает 17% генофонда тувинцев в целом, при этом достигая максимума на северо-востоке у тоджинцев (51%), сохраняя частоту, близкую к средней, у юго-восточной и центральной групп и снижаясь в юго-западном направлении (рис. 1). Наиболее редкой из трех является ветвь BZ99(xZ35990, YP1691), которая вместе с YP1691 восходит к общему SNP-маркеру BZ99. Третья из обнаруженных ветвей – линия YP1102(xB31, Y12452, BZ99), встречается у трех из шести популяций тувинцев: центральных (2%), южных (4%) и юго-восточных (8%). Частота данной линии сравнительно невелика, но при этом, как и для гаплогруппы Q-M242 в целом, прослеживается понижение доли YP1102* у тувинцев в направлении с востока на запад.

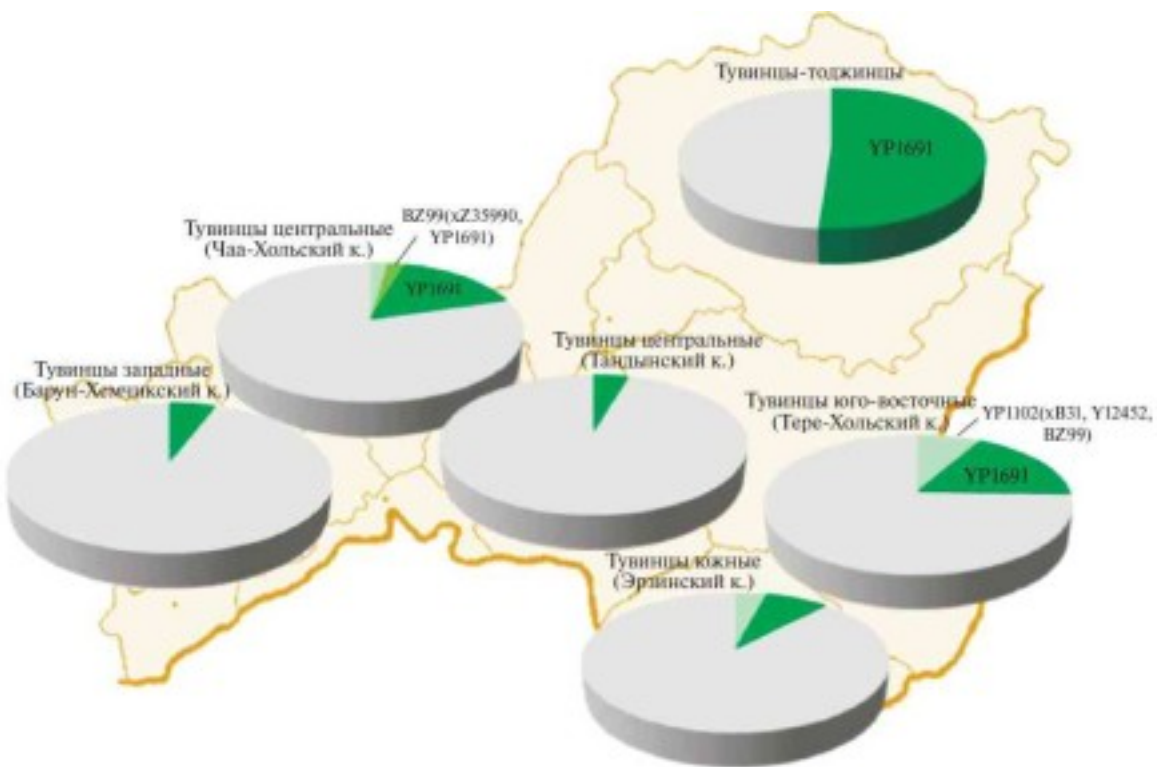


Рис. 1. Спектр ветвей гаплогруппы Q-M242 у территориальных групп тувинцев.

Популяционный скрининг маркеров внутри гаплогруппы Q-M242 в популяциях Северной Евразии позволил обнаружить линию YR1102 (и три ветви внутри нее, встреченные у тувинцев) среди других народов Сибири. Филогенетический анализ носителей линий YR1102*, BZ99* и YR1691 (рис. 2) на основе STR маркеров обнаружил два основных кластера, соответствующих двум ветвям гаплогруппы Q-M242: более обширный YR1691 и небольшой по числу носителей BZ99*. Время формирования кластера BZ99* составляет около 1.5 тыс. лет, а время возникновения самой SNP-мутации BZ99 – около 3.9 тыс. лет назад. Возможно, эта ветвь проникла в генофонд тувинцев при контактах с хакасами, либо же является наследием древней популяции, проживавшей в ареалах обоих народов. Более обширный кластер YR1691 (рис. 2,б) кроме тувинцев включает гаплотипы сибирских татар, южных алтайцев, хакасов, народов северо-запада Монголии. Данный кластер звездчатой формы, с выраженным гаплотипом основателя. Датировка кластера YR1691 на основе данных об STR-маркерах, составляет в среднем около 1 тыс. лет, а датировка появления SNP-мутации YR1691 – около 2.3 тыс. лет назад. Более половины гаплотипов кластера YR1691, в том числе – и гаплотип основателя, встречены у тувинцев-тоджинов.

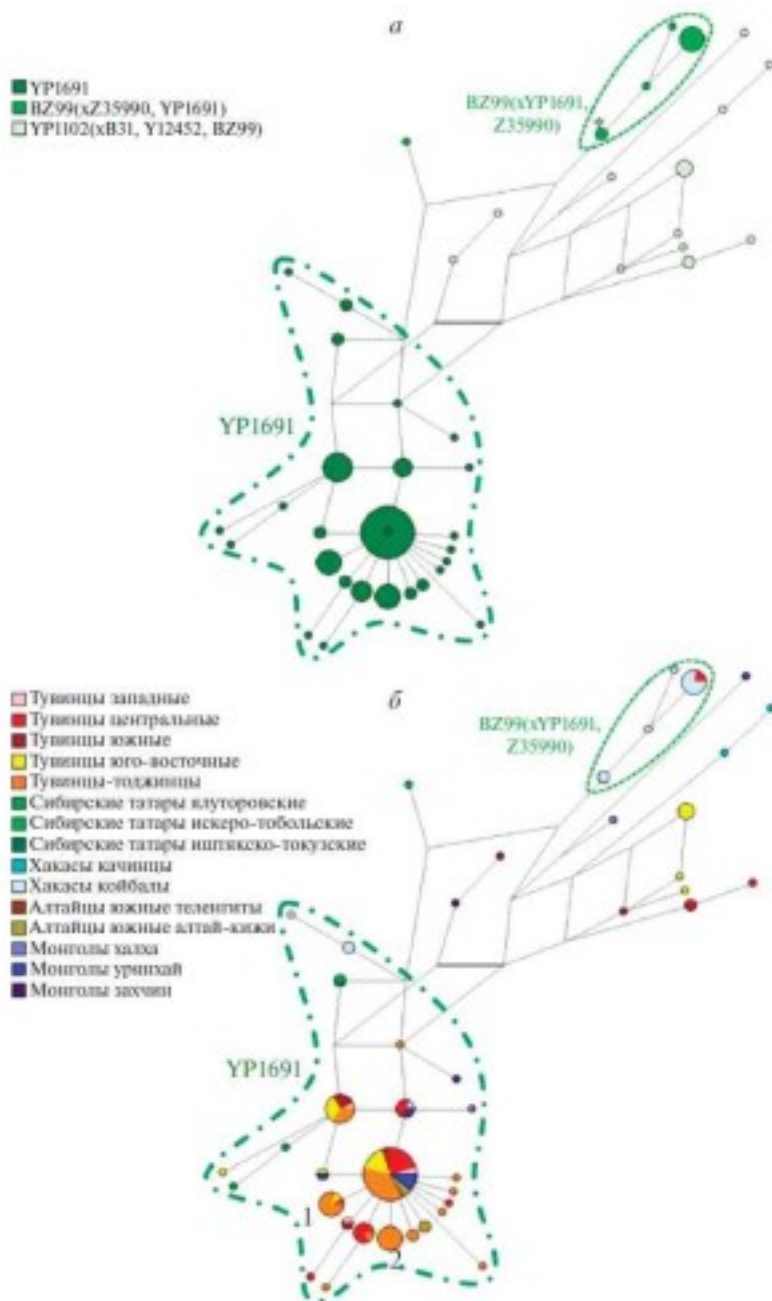


Рис. 2. Филогенетическая сеть гаплогруппы Q-YP1102 в населении Сибири. а – принадлежность гаплотипов к субтипам гаплогруппы Q (согласно легенде); б – принадлежность носителей гаплотипов к популяциям Сибири (согласно легенде).

Построены карты распространения изученных ветвей гаплогруппы Q-M242 в Сибири. Самая недавняя (2.3 тыс. лет) и частая у тувинцев ветвь YP1691 выявлена и у многих других народов: на северо-западе Монголии, в Южной Сибири (алтай-кижи, теленгиты, хакасы) и Западной Сибири (тоболо-иртышские и барабинские сибирские татары, ханты). Ветвь BZ99* в Сибири обнаруживается только на отдельных территориях, не образующих непрерывного ареала, с наибольшей частотой встречена у хакасов. Базальная ветвь YP1102* за пределами ареала тувинцев встречается с низкой частотой. Паттерн трех карт достаточно близок: каждая ветвь, хотя бы и с низкими частотами, представлена и в Южной, и в Западной Сибири. Ареал ветвей YP1102* и BZ99* входит в область распространения самой молодой ветви YP1691, поэтому обобщенная карта распространения всей линии YP1102 незначительно отличается от таковой для YP1691 (Рис. 3).

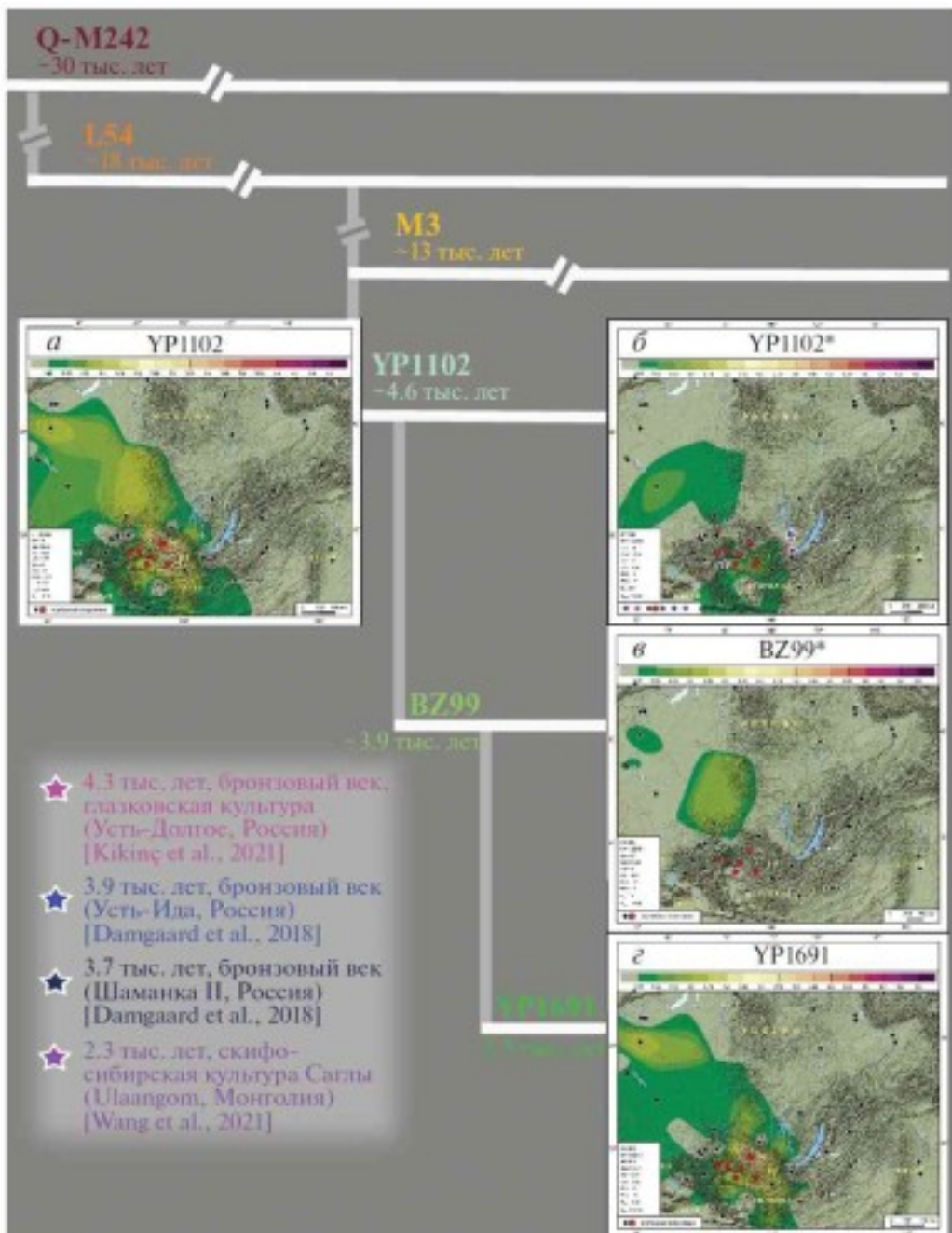


Рис. 3. Филогенетическая схема гаплогруппы Q-M242 с указанием датировок (по данным Yfull) и карт распространения в Сибири трех изученных линий. а – карта суммарной частоты линии YP1102; б – карта распространения линии YP1102*; в – карта распространения линии BZ99*; г – карта распространения линии YP1691.

Данные палеогенетики показывают, что линия YP1102* была обнаружена у четырех представителей бронзового века Прибайкалья и одного индивида из могильника культуры Саглы скифо-сибирского типа на границе Монголии и Тувы. То есть она присутствовала среди древнего населения Сибири в географически разных регионах и в разные периоды времени (в течение последних 4 тысяч лет). Этот факт, так же как и широкая представленность ветвей BZ99* и YP1691 в современных популяциях региона (преимущественно у тувинцев), могут указывать на вероятное происхождение всей линии YP1102 из данного ареала. Структура основного кластера свидетельствует об увеличении численности носителей линии YP1691 в период позднего железного века, что привело к ее распространению из Южной Сибири на север и запад путем активных миграций. Наличие линии YP1102 (и ее ветви YP1691) в генофонде современных популяций кетов и селькупов может указывать на происхождение части предков популяций енисейской лингвистической семьи из древнего населения Южной Сибири.

Агджоян А.Т., Дамба Л.Д., Гурьянов В.М., Запорожченко В.В., Балановский О.П. Филогенетический анализ южносибирской гаплогруппы Q-YP1102 по данным о Y-SNP- и Y-STR-маркерах у тувинцев и окружающих популяций // Генетика. 2021. Т. 57, № 12. С. -. DOI: 10.31857/S001667582112002X