

Кавказский след в генофонде европейцев

[Надежда Маркина](#)

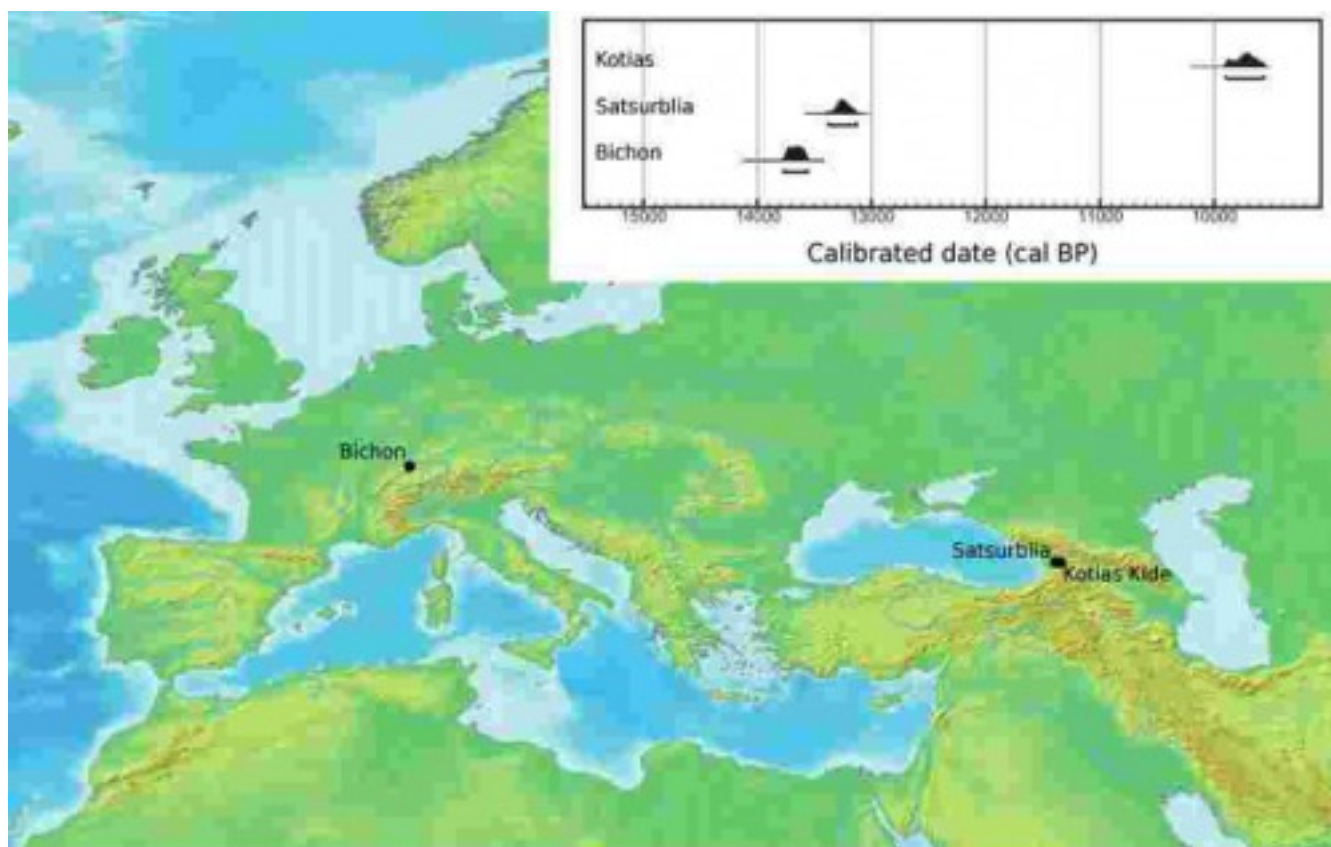
Четвертый генетический поток в генофонд Европы?

Секвенировав три древних генома (верхний палеолит и мезолит) из Грузии и Швейцарии, генетики не обнаружили существенных изменений в генофондах Кавказа и Европы при переходе от верхнего палеолита к мезолиту. Они предполагают, что популяция кавказских охотников-собирателей могла быть четвертым источником европейского генофонда. А ее генетический вклад был передан в Европу, Южную и Центральную Азию через миграции степной ямной культуры.

Исследуя древние геномы, специалисты узнают все больше неожиданных фактов о генетических корнях современных европейцев. Новые данные, [опубликованные в журнале Nature Communication](#) коллективом под руководством D. Bradley (Ирландия), указали на существование еще одного потока генов из прошлого, добавив очередной – четвертый – элемент в пазл генофонда Европы. Авторы назвали его кавказскими охотниками-собирателями. К таким выводам привело секвенирование трех древних геномов: верхнепалеолитического (13 300 лет назад) и мезолитического (9 700 лет назад) из Западной Грузии и верхнепалеолитического (13 700 лет назад) из Швейцарии.

Чуть больше года назад появилась статья Иосифа Лазиридиса и соавторов ([о ней можно прочитать на нашем сайте](#)), в которой были обозначены три древних популяции, ставшие источниками формирования генофонда европейцев: западные охотники-собиратели (WHG), ранние неолитические земледельцы с Ближнего Востока (EF) и некая загадочная ветвь древних северных евразийцев (ANE). В последующих за этим работах с привлечением новых данных по древним геномам исследователи уточняли эти выводы и пытались связать абстрактные потоки генов с конкретными археологическими культурами. Так, в работах [Дэвида Райха](#), [Вольфганга Хаака](#) и [Мортена Аллентофта](#) поток генов с востока ассоциировали с носители [ямной культуры](#) бронзового века, которые жили в понто-каспийских степях и около 3000 лет назад мигрировали в Европу. Этот вопрос подробно обсуждается в беседе Вольфганга Хаака с Л.С.Клейном, [опубликованной на нашем сайте](#). В данной же работе ученые пошли еще дальше и выдвинули гипотезу кавказских генетических корней самой ямной культуры.

Новые древние геномы на генетическом ландшафте



Местоположение изученных образцов древней ДНК: пещера Бихон (Швейцария), пещера Сацурблия (Грузия), пещера Котиас (Грузия). Справа сверху представлен график радиоуглеродной датировки указанных образцов.

Геном мужчины из пещеры Сацурблия эпохи позднего верхнего палеолита (13 300 лет назад) секвенировали с невысоким покрытием 1,4X (цифра указывает на то, сколько раз был прочитан каждый нуклеотид и характеризует надежность данных). Другой геном, тоже мужской, из пещеры Котиас, эпохи мезолита (9 700 лет назад) удалось секвенировать с высоким (для древних геномов) покрытием, 15,4X. Эти образцы авторы отнесли к популяции кавказских охотников-собирателей (CHG). Для сравнения они секвенировали также геном из позднего верхнего палеолита (13 700 лет назад) из пещеры Бихон в Швейцарии с покрытием 9,5X. При проведении анализа они использовали также уже опубликованные данные по древним геномам, найденным в разных регионах Евразии.

Для того, чтобы охарактеризовать положение этой новой популяции кавказских охотников-собирателей (CHG) на карте генетического ландшафта, авторы провели анализ главных компонент (PCA). Его результаты представлены на графике. Авторы обращают внимание на то, что оба образца кавказских охотников-собирателей разместились на графике отдельно от других охотников-собирателей, как западных, так и восточных, равно как и от ранних земледельцев. А по отношению к современным популяциям кавказские охотники-собиратели находятся между современными популяциями Кавказа и юга Центральной Азии. В то же время, геном Бихон из Швейцарии на графике главных компонент группируется с западными охотниками-собирателями.

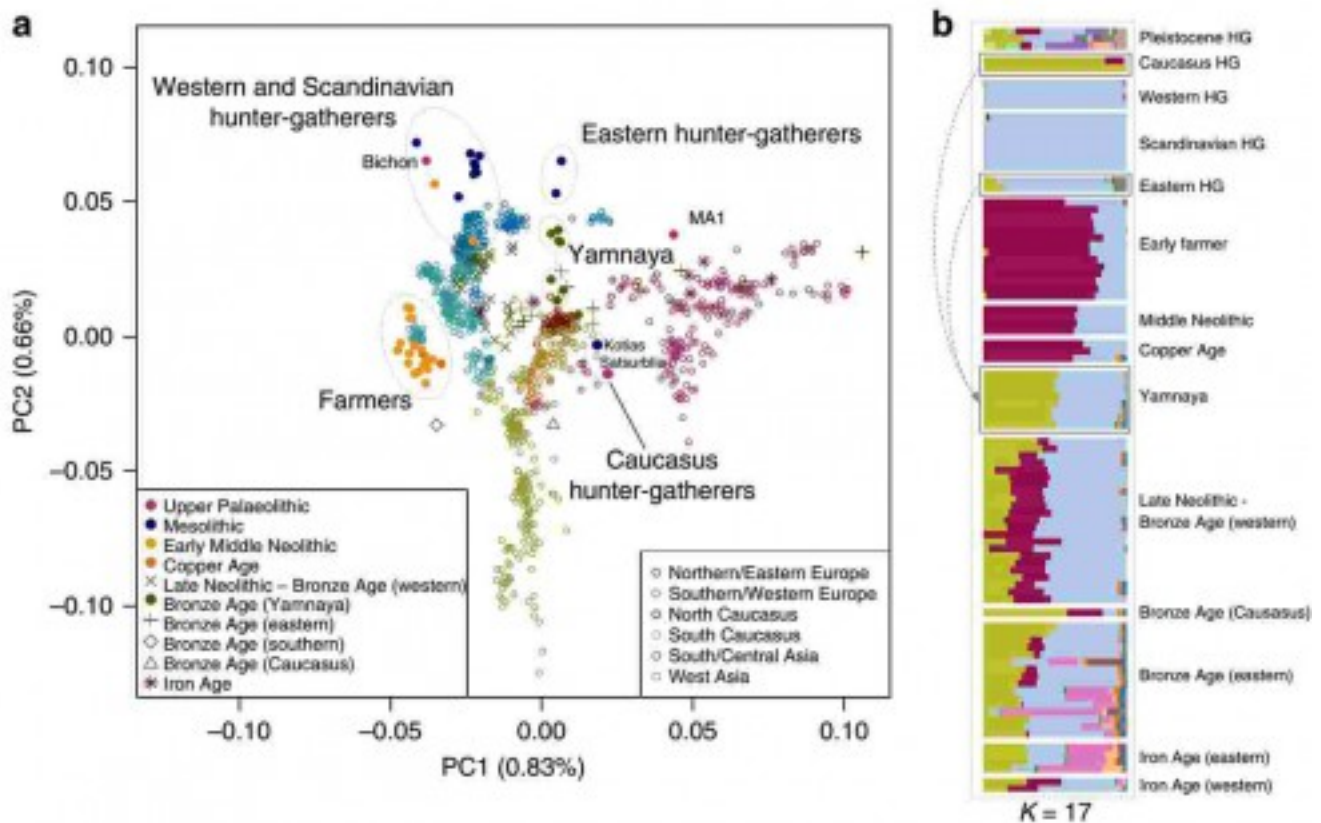


График главных компонент (а) и график ADMIXTURE (b). Обозначено положение древних геномов: Котиас (Грузия, мезолит, 9 700 лет назад), Сацурблия (Грузия, верхний палеолит, 13 300 лет назад) и Бихон (Швейцария, верхний палеолит, 13 700 лет назад) по отношению к геномам других древних популяций и современных популяций. Обозначение популяций даны в легенде.

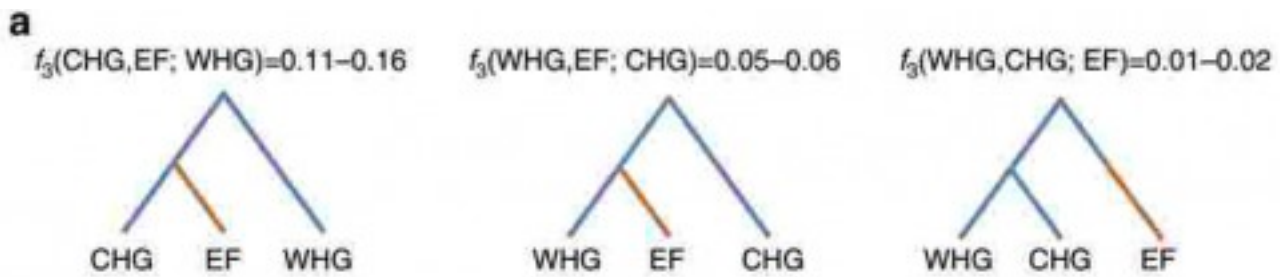
Результаты теста ADMIXTURE (график показывает сходство популяций на основе их гипотетических предковых компонентов) свидетельствуют, что кавказские охотники-собиратели (Caucasus HG) формируют свой собственный гомогенный кластер. Два образца по предковым компонентам (которые обозначены разными цветами) оказались похожи друг на друга и непохожи на других охотников-собирателей.

Таким образом, на Кавказе верхнепалеолитический и мезолитический геномы (Сацурблия и Котиас) оказались очень сходными. То же самое наблюдается и в Европе. Так что, первый вывод, который авторы статьи делают из полученных результатов, это вывод о генетической непрерывности популяций от верхнего палеолита до мезолита, как на Кавказе, так и в Европе. То есть, в каждом из этих регионов в указанные эпохи не происходило существенных генетических изменений, и каждый регион сохранял особенности своего верхнепалеолитического генофонда.

Генетическая непрерывность на Кавказе, по-видимому, сохранялась и позднее. Об этом свидетельствуют митохондриальные и Y-хромосомные гаплогруппы образцов Котиас (H13c и J2a) и Сацурблия (K3 и J); и те, и другие с высокой частотой встречаются в современной Грузии.

Дерево древних генетических потоков

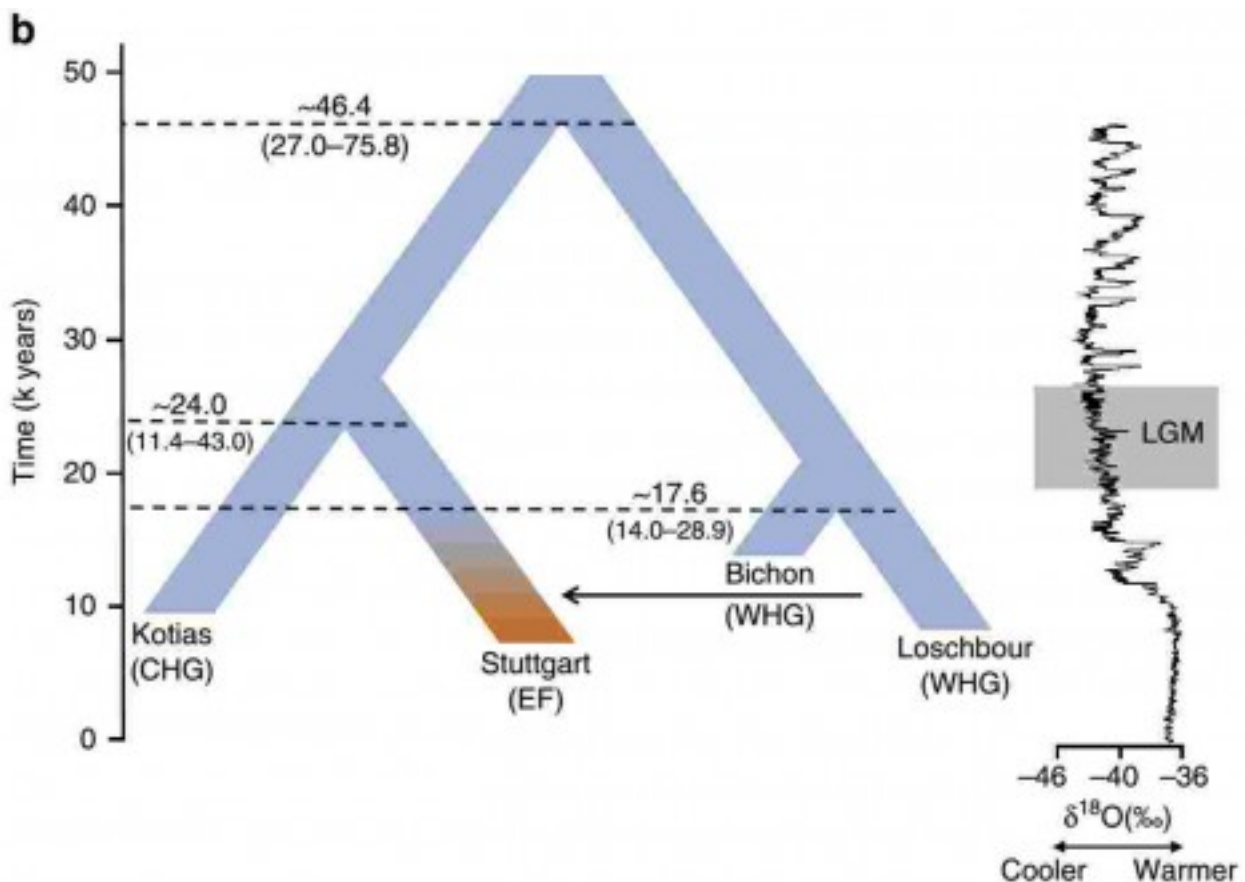
Авторы попытались исследовать преимущество древних популяций и построить наиболее реалистичную модель, связывающую их друг с другом. Прежде всего, они реконструировали связи между западными охотниками-собирателями (WHG), кавказскими охотниками-собирателями (CHG) и ранними земледельцами (EF), используя опубликованные данные по древним геномам. Рассматривали три сценария:



Три модели соотношения между популяциями западных охотников-собирателей (WHG) и кавказских охотников-собирателей (CHG) и ранних земледельцев (EF).

Из трех рассмотренных моделей статистическая проверка (по критерию f_3 -статистики) отвергла второй и третий варианты и подтвердила первый вариант. По этой модели на некотором этапе произошло разделение ветви западных охотников-собирателей и общей ветви, которая впоследствии разделилась на кавказских охотников-собирателей и ранних земледельцев. Эту ветвь авторы связывают с гипотетической популяцией «базальных евразийцев», которая теоретически была вычислена в предыдущих исследованиях.

Авторы вычислили и время этих критических развилок. Они считают, что первая развилка на данном дереве имела место от 50 до 40 (в среднем 45) тысяч лет назад, вероятно, в процессе заселения Европы. Разделение ветви «базальных евразийцев» (вторая развилка) они датировали временем от 30 до 20 (в среднем 25) тысяч лет назад. Возможно, существенную роль в этом разделении сыграл пик оледенения (Последний ледниковый максимум, датируемый временем 26 тысяч лет назад), который создал непреодолимые барьеры между популяциями.



Датировка разделения ветвей на дереве охотников-собирателей и ранних земледельцев. Справа указано время Последнего ледникового максимума (LGM).

Интересно было посмотреть, не входили ли кавказские охотники-собиратели в третий источник генофонда европейцев, определенный [в работе Лазаридиса и соавторов](#), а именно, в ветвь древних северных евразийцев (ANE). Для этого геномы из Грузии сравнили с геномом верхнепалеолитического мальчика с сибирской стоянки Мальта (MA1). Оказалось, что эти геномы столь различны, что гипотеза о принадлежности CHG к ANE отпала.

Кавказский след через «ямников» дошел до Европы и Азии

Дальнейший анализ показал, что популяции кавказских охотников-собираателей внесли вклад в генофонд ямной культуры и, таким образом, в миграционные потоки из понтийских степей на запад в Европу и на восток в Центральную Азию. Эти потоки [описаны в статье Аллентофта](#). С ними связывают распространение технологий металлургии, разведение лошадей, а возможно и распространение индоевропейских языков в III тысячелетии до н.э.

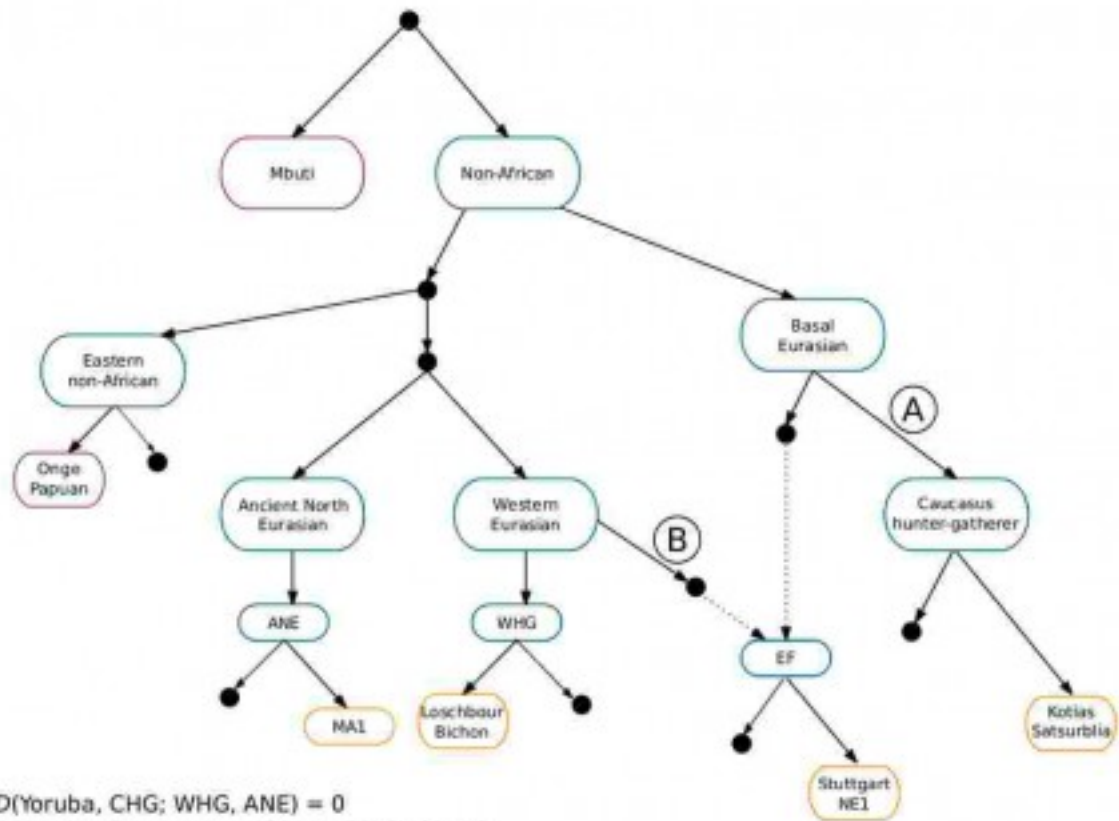
По-видимому, генофонд носителей ямной культуры сформировался из потомков кавказских охотников-собираателей и восточноевропейских охотников-собираателей. Появление кавказского компонента в ямной культуре авторы связывают с [майкопской культурой](#), которая возникла в IV веке до н.э. на Кавказе. Это самый реальный кандидат на передачу «ямникам» кавказского вклада.

Кстати, исследователи нашли, что кавказские охотники-собираатели, как и ранние земледельцы, но в отличие от западных охотников-собираателей, имели в генофонде аллельный вариант SLC24A5, ассоциированный со светлой кожей. Так что есть основания считать их светлокожими.

Резюмируя, авторы пишут, что кавказские охотники-собираатели и ранние земледельцы – это потомки ранних переселенцев из Африки, которые остановились на юге Кавказа, в области, простирающейся на юг до Леванта и, возможно, к востоку до Центральной и Южной Азии. С другой стороны, западные охотники-собираатели – вероятно, потомки той миграционной волны, которая отправилась заселять Европу. Определяя место кавказских охотников-собираателей в формировании генофонда Европы, они приходят к выводу, что эта популяция составила четвертый источник генофонда (помимо трех, упоминаемых ранее). Он был перенесен в Европу миграцией скотоводов-ямников из евразийских степей, которые, в свою очередь, получили его из майкопской культуры, граничащей с Кавказом. По такому пути передачи кавказский предковый компонент был донесен до многих европейских популяций, в том числе и на северной части континента. С другой стороны, он распространился и на восток, достигнув северной Индии.

В современных популяциях исследователи не только нашли выраженный след кавказских охотников-собираателей на Кавказе, но и проследили распространение его влияния как в Европу, так и в Центральную и Южную Азию.

Итоговое филогенетическое дерево популяций с учетом новых данных выглядит так.



A. $D(\text{Yoruba}, \text{CHG}; \text{WHG}, \text{ANE}) = 0$
 $D(\text{Yoruba}, \text{Eastern non-African}; \text{EF}, \text{CHG}) = 0$
 $f_3(\text{WHG}, \text{CHG}; \text{EF}) = 0$ and $f_3(\text{CHG}, \text{EF}; \text{WHG}) \gg 0$

B. $D(\text{Yoruba}, \text{WHG}; \text{CHG}, \text{EF}) > 0$
 ADMIXTURE analysis (Fig. 1B) - the "blue" component which is maximized in WHG is found in EF

ANE – древние северные евразийцы; WHG – западные охотники-собиратели; EF – ранние земледельцы; Basal Eurasian — «базальные евразийцы»; Caucasus hunter-gatherer – кавказские охотники-собиратели; Древние геномы (в оранжевых рамках): MA1 («Мальта»), Лошбор, Бихон, Штуттгарт, Котиас, Сацурблия .

Источник:

Upper Palaeolithic genomes reveal deep roots of modern Eurasians

Eppie R. Jones , Gloria Gonzalez-Fortes , Sarah Connell , Veronika Siska , Anders Eriksson , Rui Martiniano, Russell L. McLaughlin, Marcos Gallego Llorente, Lara M. Cassidy, Cristina Gamba, Tengiz Meshveliani, Ofer Bar-Yosef, Werner Müller, Anna Belfer-Cohen, Zinovi Matskevich, Tino Jakeli, Thomas F.G. Higham, Mathias Currat, David Lordkipanidze, Michael Hofreiter, Andrea Manica, Ron Pinhasi , & Daniel G. Bradley.

Nature Communications 6, Article number: 8912 doi:10.1038/ncomms9912

<http://www.nature.com/ncomms/2015/151116/ncomms9912/full/ncomms9912.html>