Генофонд Передней Азии и загадка происхождения западноевропейцев по мужской линии

Горные и равнинные популяции генетически контрастны, а гаплогруппу R1b в Западную Европу принесли не ямники

Российские генетики исследовали генофонд народов Передней Азии и нашли интересную закономерность: наиболее генетически контрастны народы, живущие в горах и на равнине. Оказалось, что большинство армянских диаспор сохраняет генофонд исходной популяции на Армянском нагорье. По данным полного секвенирования 11 Y-хромосом авторы построили филогенетическое дерево гаплогруппы R1b и обнаружили на этом дереве помимо известной западноевропейской новую восточноевропейскую ветвь. Именно на ней разместились варианты Y-хромосом степных кочевников ямной культуры бронзового века. А значит, не они принести эту мужскую линию в Западную Европу.

В журнале Human Genetics вышла статья российских ученых о генетическом ландшафте Передней Азии. Основные авторы работы входят в коллектив лаборатории геномной географии Института общей генетики РАН под руководством д.б.н., проф. РАН О.П. Балановского и лаборатории популяционной генетики человека под руководством д.б.н., проф. Е.В. Балановской, также в работе участвовали специалисты из Великобритании, Армении и консорциум проекта «Генографик». Один из основных выводов статьи содержится в ее названии «Генетические различия между высокогорными и равнинными популяциями формируют Y-хромосомный ландшафт Передней Азии».

К Передней Азии относят Анатолию, Левант, Месопотамию, Аравийский полуостров, Армянское и Иранское нагорья. Этот регион в эпоху неолита стал источником важнейших миграций, которые принесли в Европу земледелие. В то же время генетически Передняя Азия до последнего времени была недостаточно хорошо изучена: как правило, переднеазиатские популяции рассматривались как источник миграций в Европу, но не как предмет отдельного исследования. Поэтому основной задачей данной работы было изучение структуры генофонда популяций Передней Азии по Y-хромосоме.

Авторы работы взяли образцы ДНК и исследовали Y-хромосомы в трех популяциях грузин и в четырех популяциях армян (всего обследовано 598 человек). Y-хромосомы проанализировали по двум типам генетических маркеров – по 40 SNP (однонуклеотидный полиморфизм, участки ДНК, отличающиеся по одному нуклеотиду) и по 17 STR (короткие тандемные повторы, состоящие из разного числа одних и тех же последовательностей нуклеотидов).

Горные и равнинные народы генетически контрастны

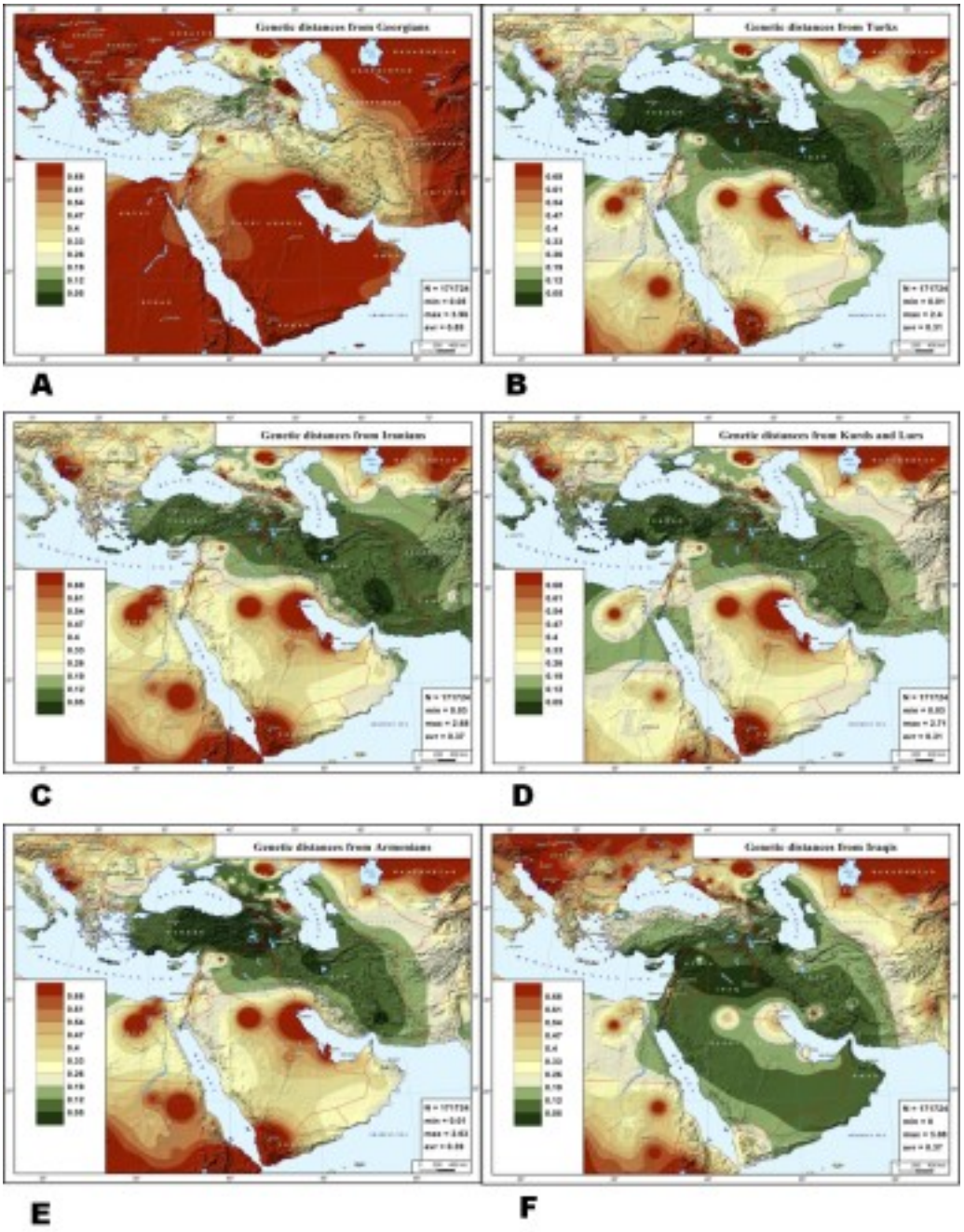
Изученные в данной работе Y-хромосомы армян и грузин авторы объединили с уже опубликованными результатами, так что итоговая база данных содержала 6064 Y-хромосом из 60 популяций Передней Азии. На графике многомерного шкалирования эти популяции разделились на две группы: первая включила народы Иордании, Ливана, Ирака, Сирии и стран Аравийского полуострова, во вторую вошли армяне, азербайджанцы, курды, турки и народы Ирана. Встал вопрос, по каким же признакам отличаются эти группы? Оказалось, что первая объединила народы, живущие на равнине, а вторая – народы, живущие в горах.

Эту закономерность исследователи проверили методом анализа межпопуляционной изменчивости (AMOVA), и она подтвердилась. Этот анализ проводили так. Популяции сгруппировали самыми разными способами: их поделили на восточные и западные, на горные и равнинные, на говорящие на индоевропейских, тюркских и семитских языках. В каждом случае оценивали генетические различия, и они оказались максимальными именно между горными и равнинными народами.

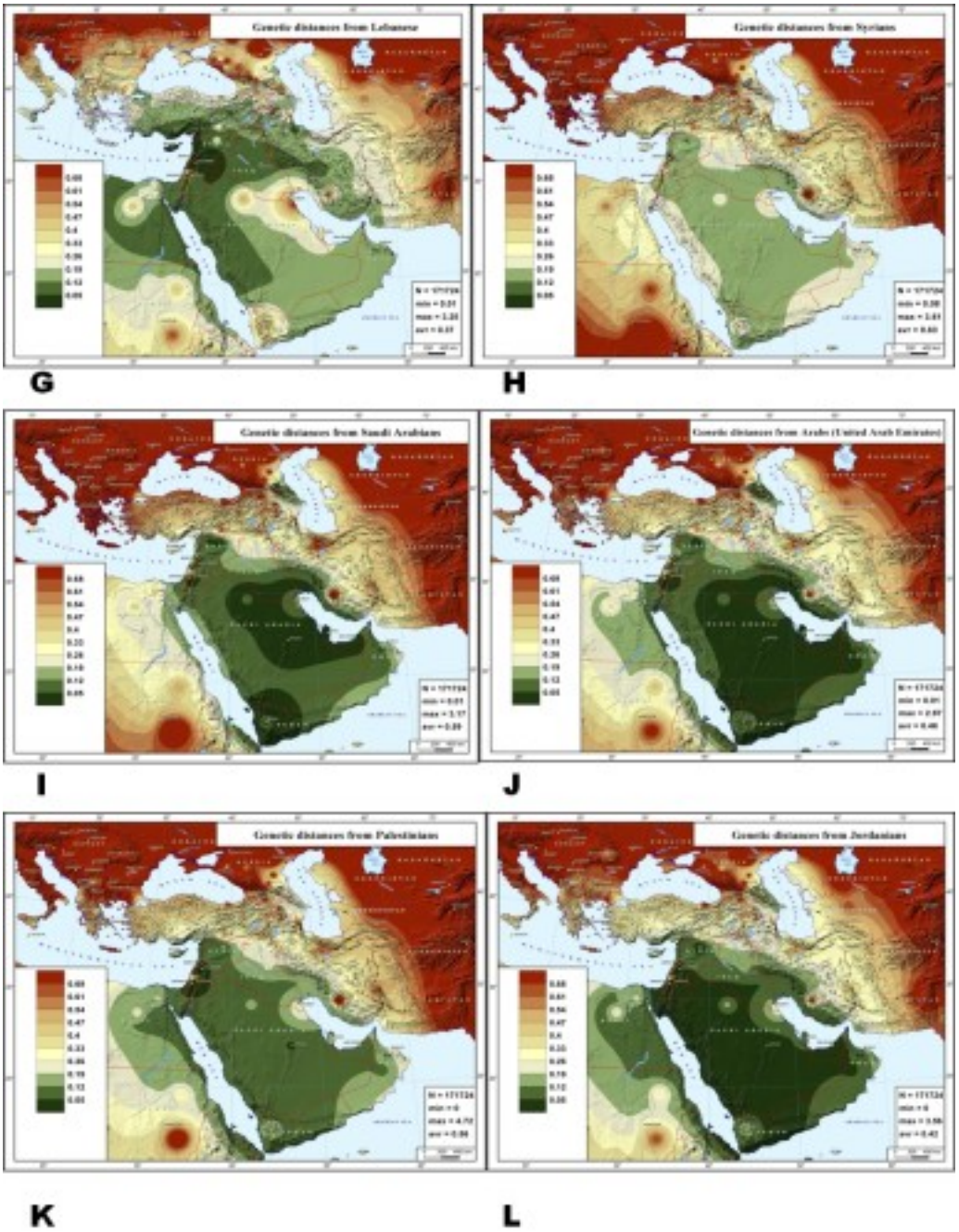


График многомерного шкалирования, построенный по генофондам популяций Передней Азии. Розовое пятно включает группу высокогорных народов, голубое – группу равнинных народов. Разными цветами обозначены народы, говорящие на языках разных семей: семитских (зеленый цвет), тюркских (желтый цвет), индоевропейских (коричневый цвет), картвельских (голубой цвет), северо-кавказских (черный цвет).

Исследователи вычислили генетические расстояния между популяциями Передней Азии и построили серию карт генетического сходства для каждой популяции. На этих картах выявляется та же закономерность: с каждой из равнинных популяций (арабами Саудовской Аравии, ОАЭ, Сирии, Иордании, Ливана, населением Палестины) генетически сходны остальные равнинные популяции, а с каждой из популяций Малоазиатского, Армянского и Иранского нагорий (турками, армянами, народами Ирана, курдами, грузинами) – соответственно, другие горные популяции. Примерно посередине находятся популяции Ирака. Характерно, что, например, Сирия, будучи преимущественно равнинной, по генофонду ближе к удаленным от нее равнинным популяциям, чем к горным географическим соседям.



Генетические расстояния от грузин (A), турков (B), народов Ирана (C), курдов (D), армян (E), арабов Ирака (F). Территории, где проживает генетически сходное население, показаны зеленым цветом, зоны генетических различий – коричневым.



Генетические расстояния от арабов Ливана (G), Сирии (H), арабов Саудовской Аравии (I), арабов Объединенных Арабских Эмиратов (J), арабов, проживающих в Палестине (K), арабов Иордании (L). Территории, где проживает генетически сходное население, показаны зеленым цветом, зоны генетических различий – коричневым.

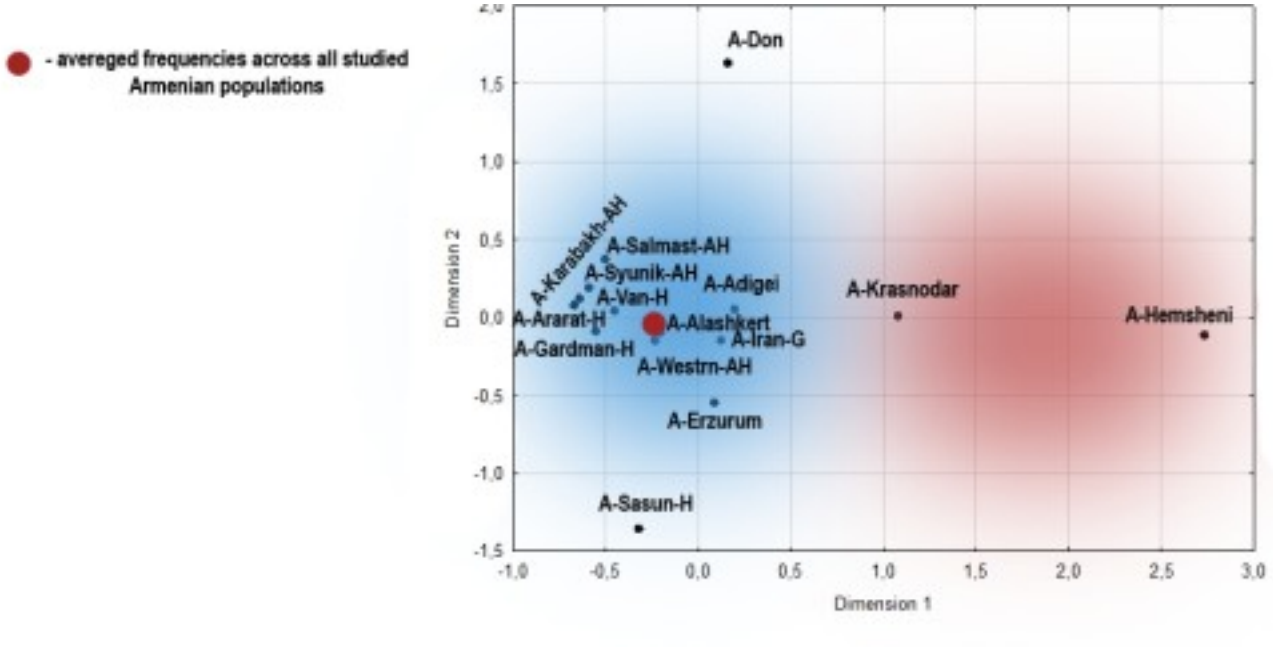
Авторы подчеркивают, что эту закономерность нельзя объяснить прямым влиянием высоты над уровнем моря на генофонд популяции. Дело тут совсем не в «высокогорных генах», как у тибетцев, потому что генетические маркеры на Y-хромосоме не связаны ни с какими внешними признаками и для естественного отбора нейтральны. Они предлагают другое объяснение. «Мы думаем, что это связано с историей населения, с тем, что большинство миграций проходило между сходными ландшафтами, а с гор на равнины или наоборот большие массы населения переселялись реже», — комментирует первый автор статьи Олег Балановский.

Народам, говорящим на близких языках, также легче обмениваться брачными партнерами, чем народам с языками разных лингвистических семей. В этом причина того, что и лингвистическое деление коррелирует с генетическими различиями между популяциями. Вообще, авторы отмечают, что ареалы языковых семей соотносятся с ландшафтом. Так, по одной из гипотез индоевропейские языки возникли в Анатолии, и горные популяции Анатолии, Армении и Ирана использовали их в течение последних нескольких тысячелетий. Некоторые из них в средние века перешли на тюркские языки, так возникли турки и азербайджанцы. Напротив, равнины Передней Азии были в основном родиной семитских языков, эти языки и сегодня распространены в Леванте, Месопотамии и на Аравийском полуострове.

Гипотеза о горно-равнинном векторе генетических различий подтверждается и последними исследованиями древней ДНК. Так, по составу гаплогрупп Y-хромосомы в неолите популяция горной Анатолии была сходной с популяцией Иранского нагорья и сильно отличалась от равнинной популяции Леванта той же эпохи. Можно предположить, пишут ученые, что такой горно-равнинный генетический контраст сложился еще в неолите и остается до сегодняшнего дня.

Армяне тяготеют к Передней Азии, грузины – к Кавказу

Новые данные по исследованию Y-хромосом армян и грузин выявили новые черты структуры генофонда Армянского нагорья и Закавказья. На карте генетических расстояний зона наибольшего генетического сходства с армянской популяцией (карта А) соответствует территории исторической Армении. Это может означать, что на этой территории генофонд в какой-то степени сохранился, несмотря на ее заселение турками. Большинство армянских диаспор (армяне Адыгеи, Грузии, Ирана, Ливана) генетически очень близки к основной армянской популяции на Армянском нагорье. Исключение составили амшенцы, армяне Краснодарского края и донские армяне.



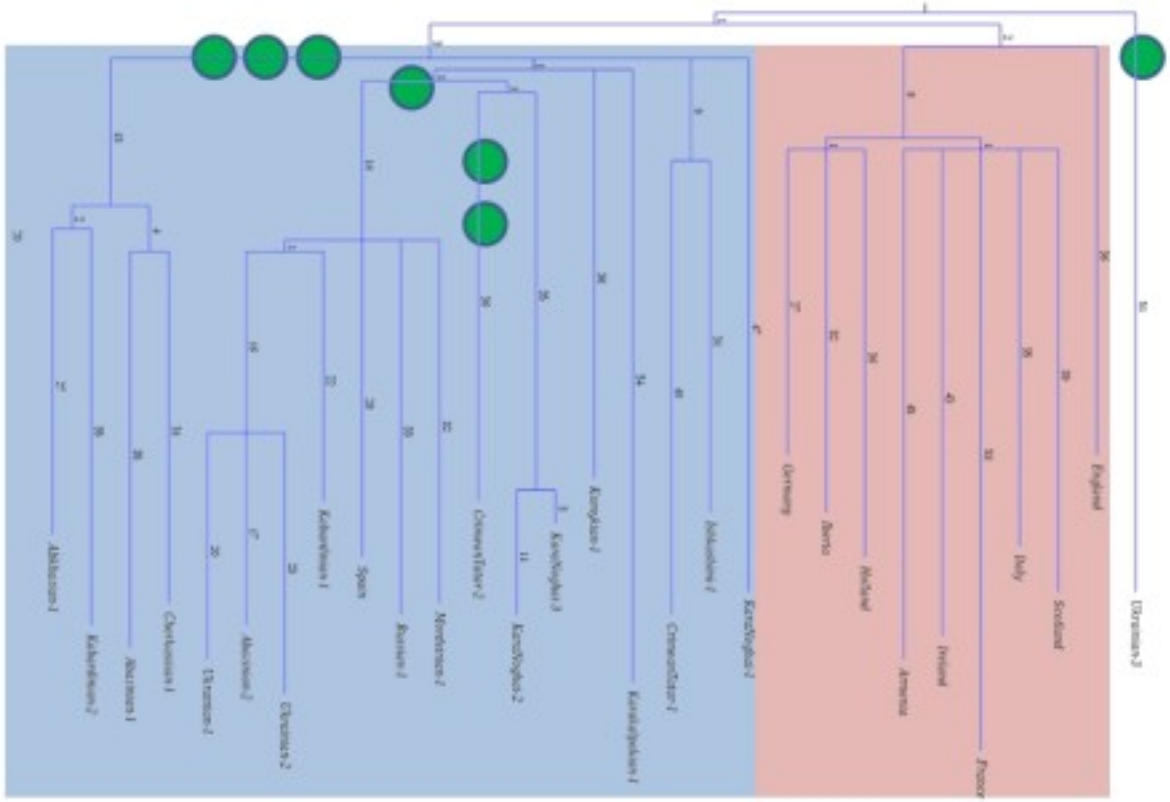
Армянские популяции на графике многомерного шкалирования для 21 гаплогруппы.

Относительно других популяций Передней Азии армяне и грузины занимают хотя и сходное, но неодинаковое положение. Все армяне, так же, как и азербайджанцы, группируются в переднеазиатском кластере. В отличие от них, грузины (имеретинцы и восточные грузины) находятся на границе с кластером Западного/Центрального Кавказа.

Принесли ли ямники гаплогруппу R1b в Европу?

Важной частью работы было построение филогенетического дерева одной из гаплогрупп Y-хромосомы — R1b. Гаплогруппа R1b долгое время считалась типично западноевропейской, поскольку сегодня она с высокой частотой встречается именно в Западной Европе. Но есть она и в Восточной Европе, где ее варианты намного менее изучены. Авторы сфокусировались на этой проблеме, секвенировали одиннадцать Y-хромосом линии R1b из различных популяций и построили филогенетическое дерево гаплогруппы R1b. Это дерево делится на две основных ветви – одна объединяет известные западноевропейские варианты, а на другой расположились восточноевропейские. Эти ветви разделились около 6 тысяч лет назад.

На этом дереве исследователи разместили семь Y-хромосом представителей ямной археологической культуры бронзового века (эти данные они взяли из работы Наак et al, 2015).



Филогенетическое дерево гаплогруппы R1b. Голубым фоном закрашена восточная ветвь, розовым фотом — западная. Не закрашена третья ветвь. Зелеными кружочками обозначены Y-хромосомные варианты носителей ямной культуры. Цифры обозначают число мутаций, отделяющие ветви от узла ветвления.

В последние несколько лет эта культура степных кочевников бронзового века стала очень популярной среди генетиков. Анализ древней ДНК привел специалистов к выводу, что миграции ямников около 5 тыс. лет назад из понто-каспийских степей в Центральную Европу внесла существенный вклад в генофонд современных европейцев (обзор статьи Наак et al, 2015 можно прочитать на сайте). У нескольких мужчин ямной культуры была обнаружена гаплогруппа R1b, из чего следовало предположение, что современные западные европейцы могли получить ее именно от ямников.

Но на филогенетическом дереве R1b все (кроме одного) образцы Y-хромосом носителей ямной культуры. расположились не на западной, а на восточной ветви гаплогруппы. Один образец попал на третью ветвь гаплогруппы, которая отделилась от общего ствола ранее и сегодня либо очень редка, либо исчезла. Восточных вариантов R1b у западноевропейцев практически нет, а значит, версия, что именно ямники принесли эту мужскую линию в Западную Европу, опровергается. Зато эти варианты найдены у современных жителей Причерноморья (крымских татар).

«Оказалось, что «мужские» линии ямников до сих пор сохранились на юге России и на Украине, но почти начисто отсутствуют в Западной Европе, — комментирует Олег Балановский. — Выходит, что либо мигранты не оставили сыновей, либо Европу заселили не ямники, а некая загадочная популяция, отличающаяся от них по Y-хромосоме, но сходная по остальным хромосомам».

Анализ показал, что основной ареал восточной ветви гаплогруппы R1b – восточноевропейские степи и Передняя Азия (на ней же расположились и древние образцы из Ирана). Таким образом, она может маркировать связь между восточноевропейскими степными кочевниками и Передней Азией, хотя путь и даже направление этой миграции – предмет для дискуссии.

И самый интересный вопрос к будущим исследованиям – так кто же и когда был в предках у западноевропейцев по мужской линии?

текст Надежды Маркиной

Источник:

Balanovsky O, Chukhryaeva M, Zaporozhchenko V et al.

Genetic Differentiation between Upland and Lowland Populations Shapes the Y-Chromosomal Landscape of West Asia

Human genetics, 2017, First Online: 09 March 2017 DOI: 10.1007/s00439-017-1770-2

http://link.springer.com/article/10.1007/s00439-017-1770-2

С полным текстом статьи можно познакомиться по ссылке