Связь генетики, культуры и географии в населении Центральной Азии

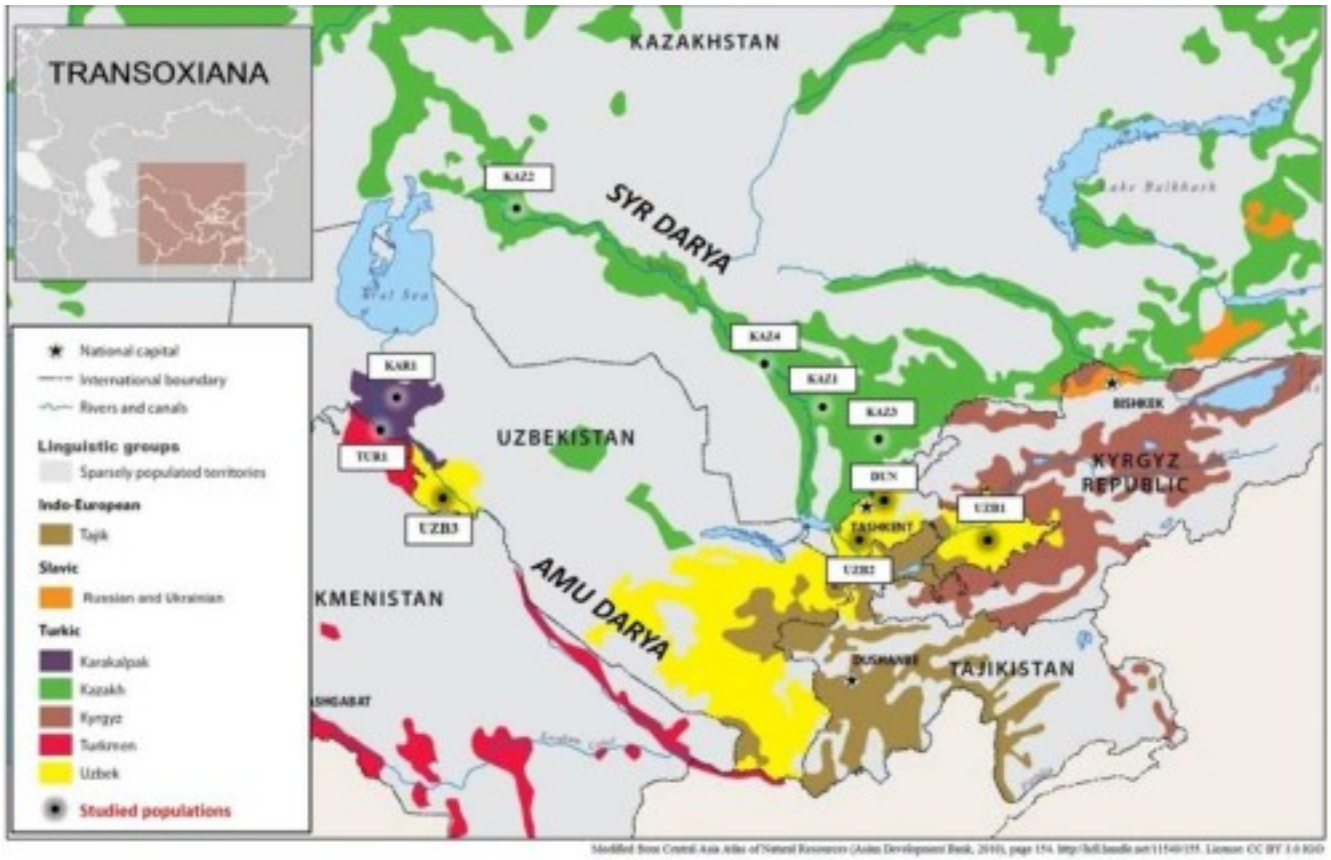
Максат Жабагин

Казахские, российские и узбекские генетики исследовали генофонд населения исторического региона Центральной Азии – Трансоксианы (Междуречье, Мавераннахр) – казахов, узбеков, каракалпаков, туркмен и дунган по маркерам Y-хромосомы. Оказалось, что основную роль в структурировании генофонда Трансоксианы играет не географический ландшафт, а культура (хозяйственно-культурный тип): земледелие или же кочевое скотоводство. При этом показано, что культурная и демическая экспансии могут быть не взаимосвязаны: экспансия арабов не оказала значимого влияния на генофонд населения Трансоксианы, а демическая экспансия монголов не оказала значимого влияния на его культуру.

В журнале **Scientific Reports** вышла статья казахских, российских и узбекских специалистов (первое авторство – Максат Жабагин, Назарбаев Университет, Астана, и проф. Елена Балановская, МГНЦ, Москва) о связи генетики, культуры и географии в Трансоксиане — историческом регионе Центральной Азии. Его название на латыни означает «за Оксом» (Окс – раннее именование Амударьи), на арабском регион называется Мавераннахр.

Трансоксиана охватывает территории южного Казахстана, Узбекистана, западного Таджикистана, западной Киргизии и северо-восточного Туркменистана. Географический ландшафт региона представлен и бассейнами рек Амударьи и Сырдарьи, и разделяющими их пустынями, и предгорьями. Вдоль рек и в предгорьях плотно расселены популяции разных народов, изученных в статье: дунган, казахов, каракалпаков, киргизов, туркмен, узбеков, различающихся по хозяйственно-культурному типу: одни – земледельцы, другие — скотоводы. В истории региона выделяются такие главные вехи: развитие древних культур земледельцев и кочевых скотоводов, влияние переднеазиатских империй, появление тюркоязычных племен, затем влияние арабов и позднее — монголов. Многоликость и яркое своеобразие народов, культуры и природных условий Трансоксианы позволяет использовать этот регион как модельный для выявления связи генетического, культурного и географического ландшафтов.

Так что основная цель работы — изучение генетического ландшафта Трансоксианы и его связи с географией и культурой. Попутная задача: определить влияние на генофонд двух последних крупных экспансий — арабов и монголов: были ли это миграции населения или только культурные влияния?



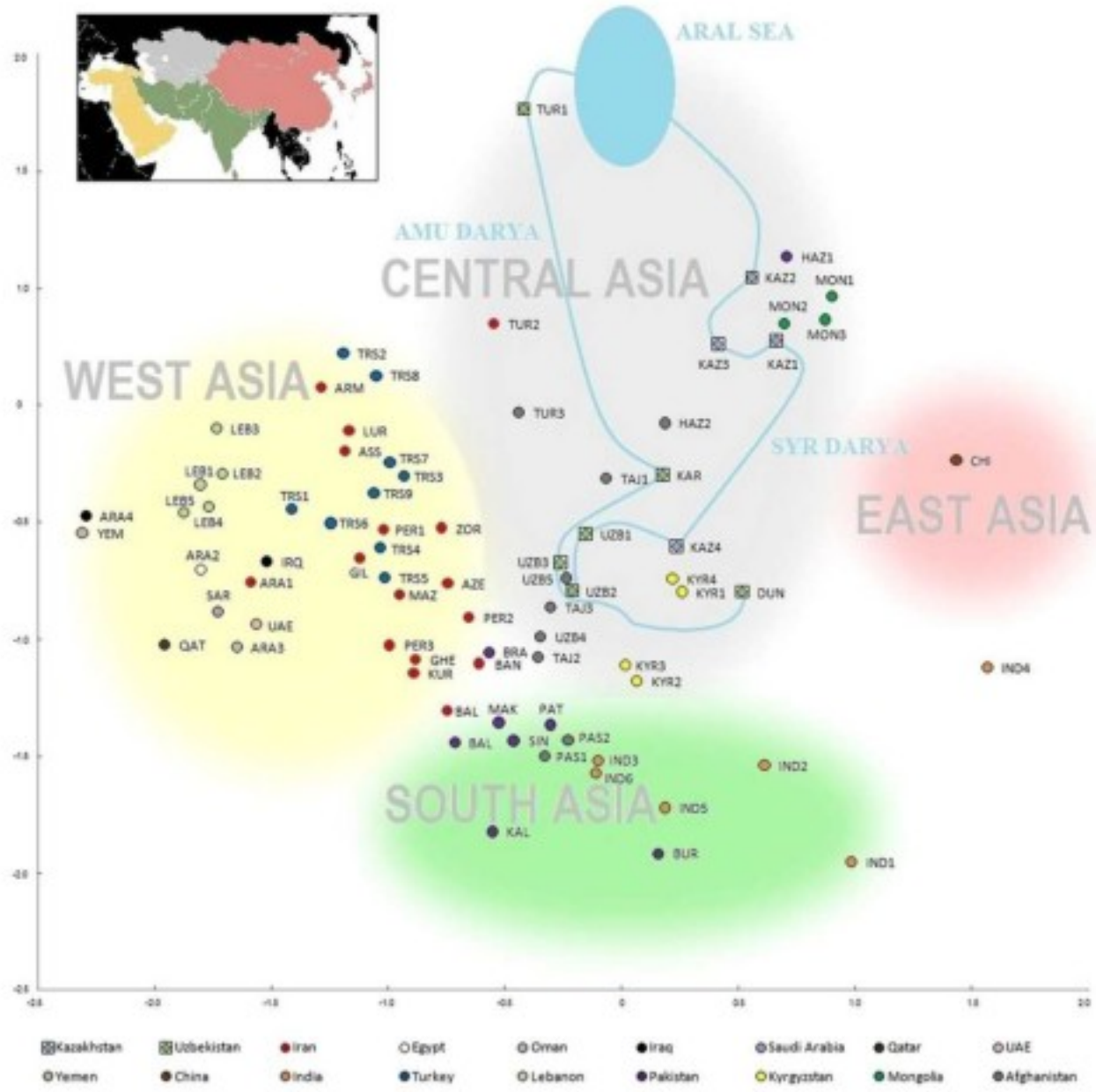
Карта Трансоксианы и исследованные популяции

Генетический ландшафт Трансоксианы.

Более половины Y-хромосомного генофонда населения Трансоксианы приходится на три гаплогруппы: C2-M217 (31%), R1a1a-M198 (16%), Q-M242 (13%). Но в разных географических популяциях эти гаплогруппы распространены очень неравномерно. Гаплогруппа C2-M217 составляет почти две трети генофонда южных казахов (61-62%). Гаплогруппа R1a1a-M198 часто встречается у узбеков (21-29%), а также в одной из популяций казахов (28%) и у дунган (19%). Гаплогруппа Q-M242 составляет более двух третей генофонда туркмен Каракалпакстана (73%). В родоплеменных группах накопление отдельных гаплогрупп выражено еще сильнее: C2-M217(xM48) в казахском племени Коныpат (88%), C2b1a2-M48 у казахского клана Алимулы (75%), Q-M242 в туркменском племени Йомуд (71%).

Трансоксиана в генетическом пространстве Азии.

Изученные популяции сопоставили с 69 другими популяциями Азии. На графике многомерного шкалирования выявились кластеры популяций в соответствии с географическими регионами Азии. При этом земледельческие популяции узбеков и таджиков генетически отдалены от большинства кочевых популяций (казахов, монголов, хазарейцев). Популяции туркмен из трех разных стран, окружающих Туркмению, образовали свой собственный кластер. Дунгане Узбекистана оказались генетически ближе к популяциям Китая, а не к соседним популяциям узбеков, — в полном соответствии с их исторически недавней миграцией из Китая и сохранением языка сино-тибетской семьи.



Положение изученных популяций в многомерном шкалировании по панели 30 SNP маркеров Y-хромосомы. Цветом отмечены популяции из 18 стран. Десять популяций, исследованных в данной работе, показаны ромбиками в квадратах. Кружки обозначают популяции из литературных данных. Цветовыми облаками выделены географические кластеры. Расшифровка кода популяций представлена в статье. Врезка: выделение регионов Азии по классификации ООН (в той же цветовой шкале)

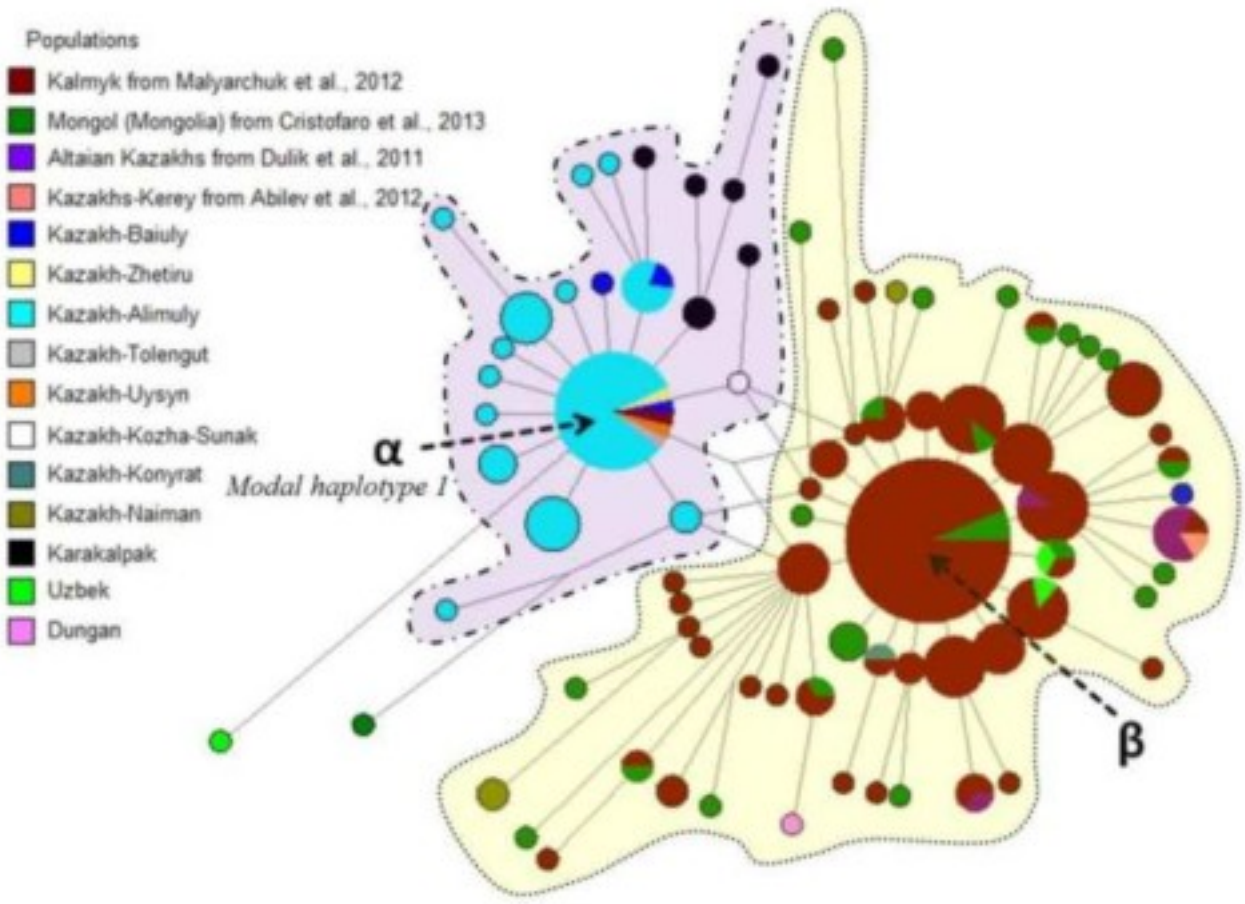
Что важнее для генофонда: география или культура?

Для выяснения основных факторов, сформировавших структуру генофонда Трансоксианы, изучили генетические различия между популяциями методом AMOVA, комбинируя одни и те же популяции в одном случае – по принадлежности к тому или иному географическому ландшафту, а в другом случае – по их культуре (земледельцы или скотоводы). Оказалось, что географический ландшафт Трансоксианы, несмотря на его контрастность (пустыни и плодородные бассейны рек, предгорья и низменности), не оказывает прямого влияния на генетический ландшафт. Основную роль в структурировании генофонда играет хозяйственно-культурный тип: деление на земледельцев и кочевников-скотоводов. Этот вывод подтвержден и тестом Мантеля, показавшим, что генетические расстояния между популяциями Трансоксианы, в отличие от большинства других регионов мира, слабо коррелируют с географическими расстояниями между ними.

Движение культуры или населения?

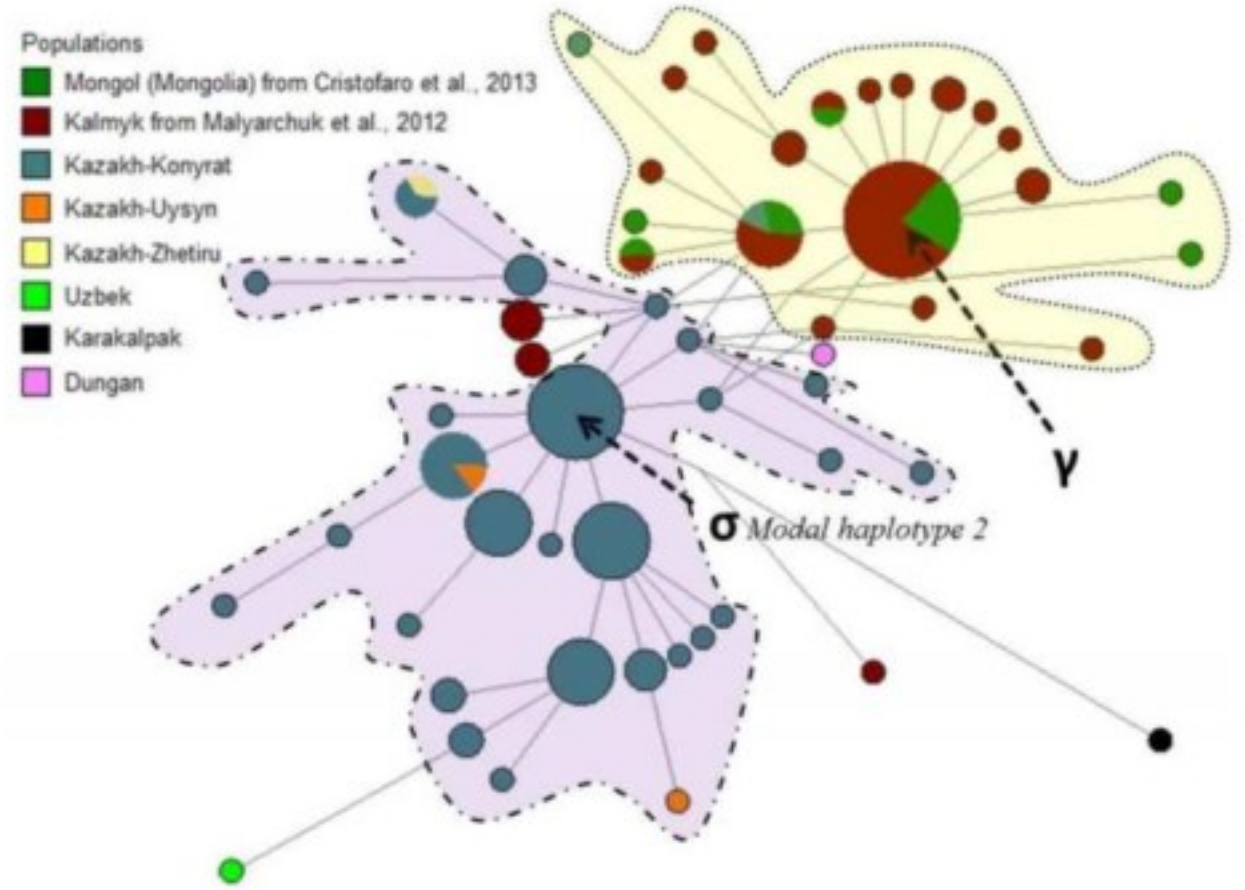
Чтобы выявить следы демических экспансий (миграций населения), идентифицировали модальные (наиболее распространенные) STR-гаплотипы в популяциях Трансоксианы (α, σ, μ, δ). Для каждого модального гаплотипа были найдены родственные гаплотипы по базе данных (Y-base), включающей 4495 Y-STR гаплотипов населения Азии, а затем для них построены филогенетические сети.

Каждый из модальных гаплотипов формирует свой собственный кластер, выступая гаплотипом-основателем. Кластер α имеет возраст 600±200 лет и объединяет гаплотипы, чаще всего встречающиеся у казахского клана Алимулы. Гаплотипы кластера β распространены у монголов и монголоязычных калмыков. Поскольку кластер β (800±200 лет) «старше» кластера α, то это указывает на поток генов с территории Монголии в Трансоксиану, а не наоборот.



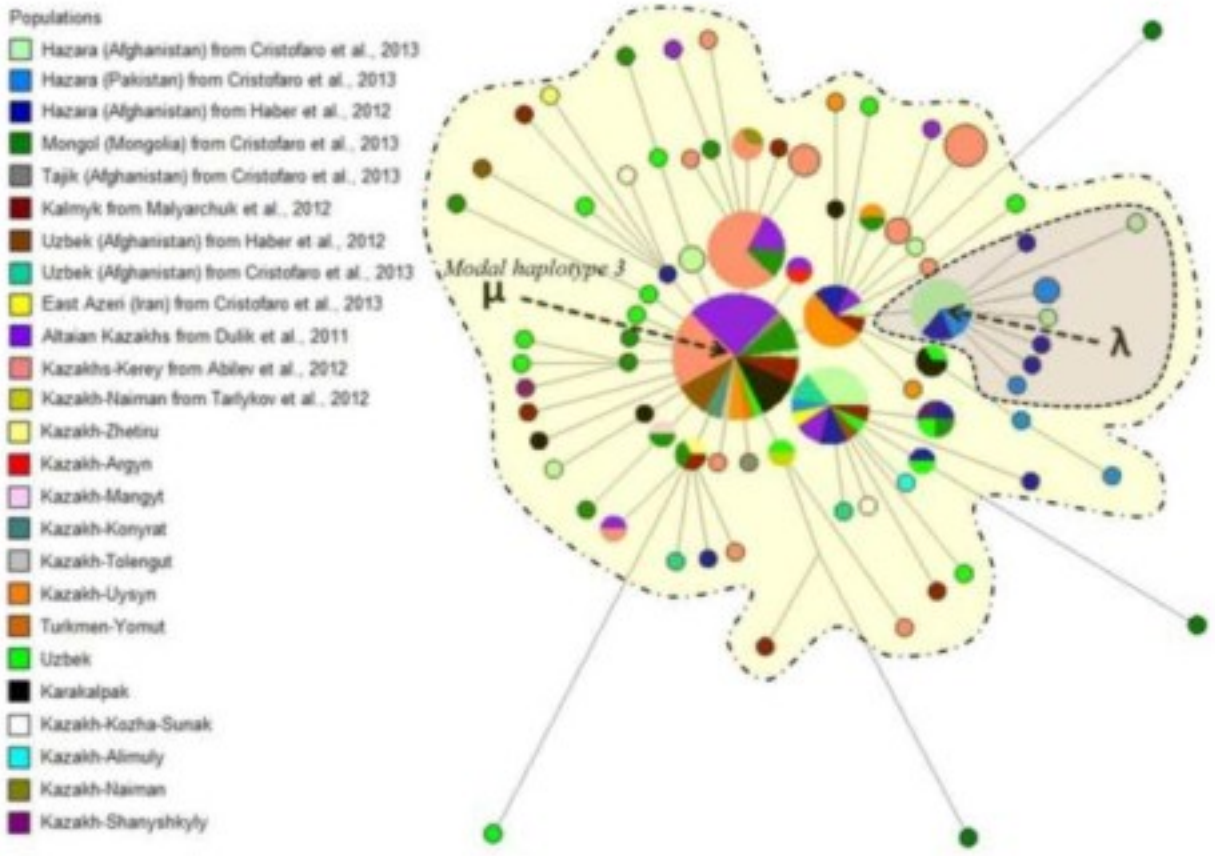
Филогенетическая сеть модального гаплотипа-1

Возраст кластера σ (1100±400 лет) указывает на раннюю миграцию из Монголии и последующую экспансию, современном следом которой является высокая частота гаплотипов этого кластера у казахского племени Коныpат (Конгираты – монголы-дарлекины). Гаплотипы кластера γ преобладают у монголоязычных калмыков и обнаруживаются в Монголии.



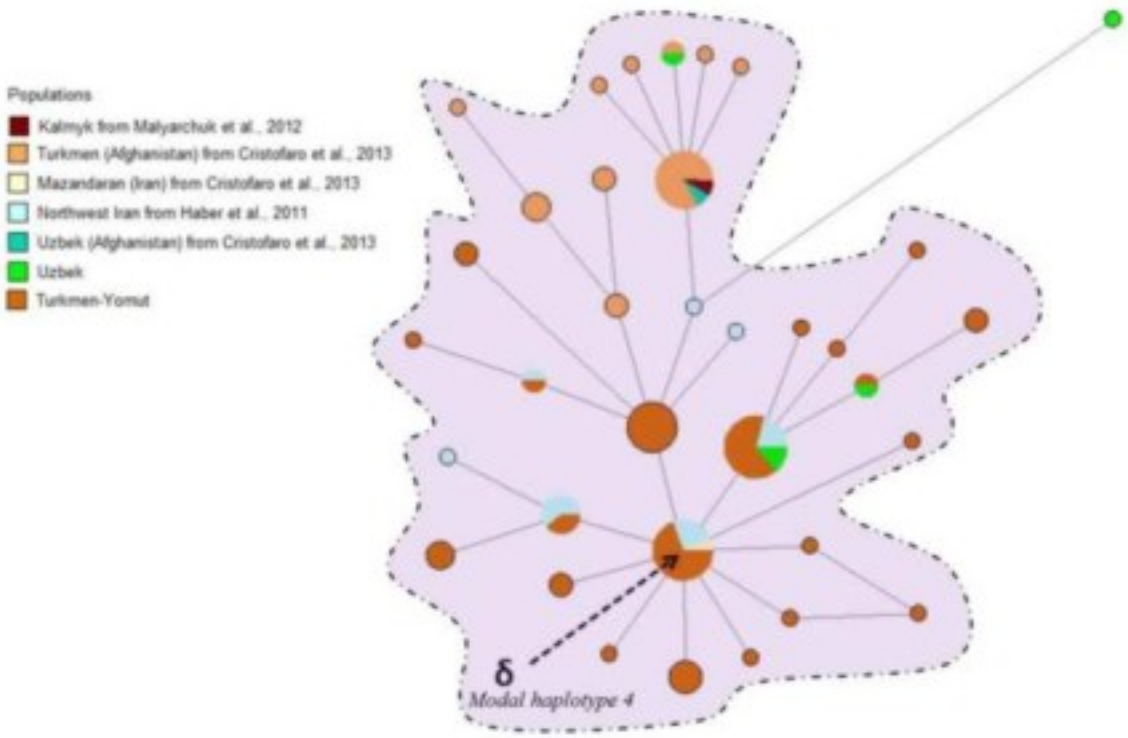
Филогенетическая сеть модального гаплотипа-2

Модальный гаплотип-3 полностью совпадает со знаменитым «стар-кластером», обычно связываемым с Чингисханом и его родственниками [Zerjal et al., 2003] (C3* star-cluster). Характер распространения гаплотипов кластера μ (кереи, уйсуны и др.) позволил предположить, что модальный гаплотип-3 был «протомонгольским гаплотипом», унаследованным Чингисханом, а также его потомками и другими родственниками по отцовской линии. Внутри кластера обособляется подкластер λ (400±100 лет), специфичный для хазарейцев из разных стран.



Филогенетическая сеть модального гаплотипа-3

Модальный гаплотип-4 формирует кластер δ, в который вошли в основном туркмены Афганистана, и Каракалпакии (для туркмен Ирана нет необходимых данных по гаплотипам). Возраст кластера — 1400±500 лет.



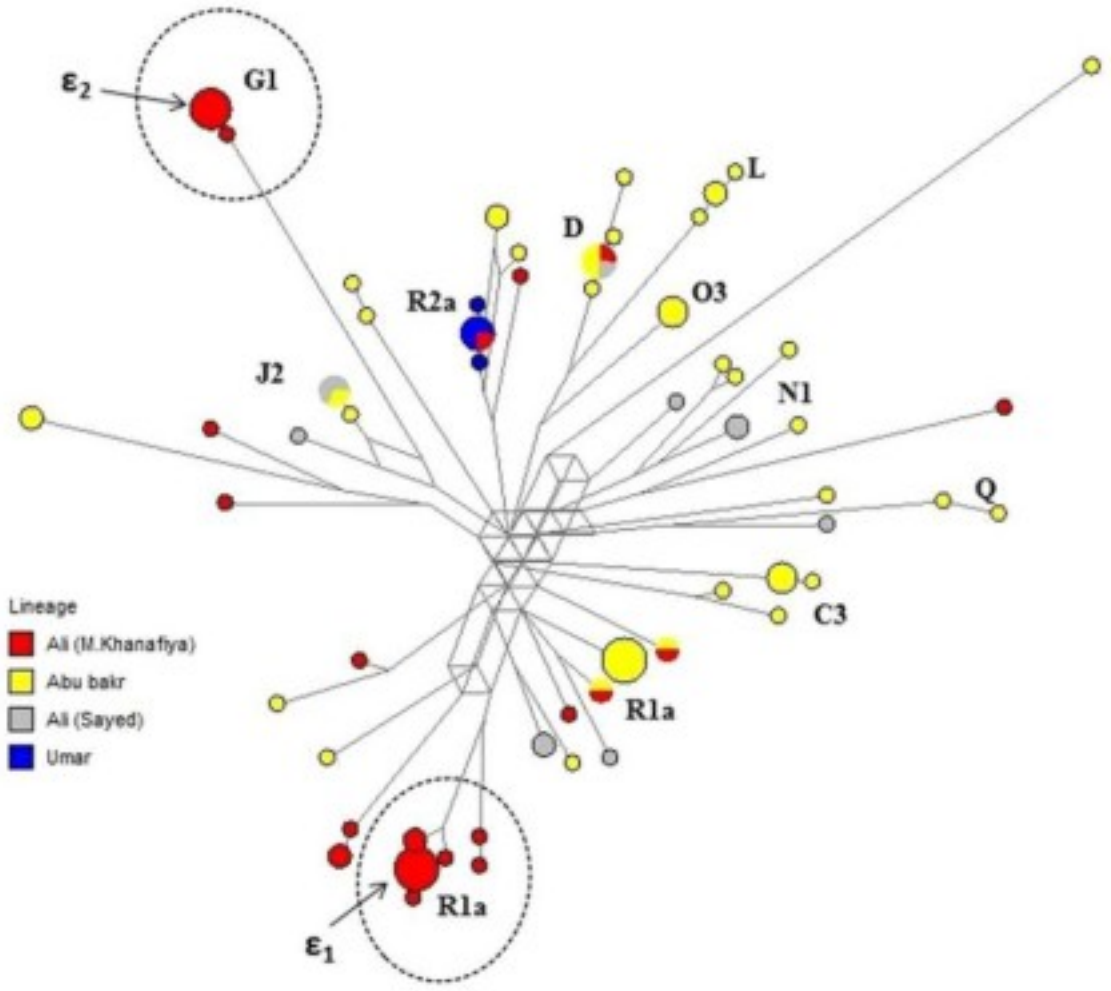
Филогенетическая сеть модального гаплотипа-4

Эти результаты показывают, что три из четырех сигналов экспансии в Трансоксиане связаны с популяциями из Монголии. Однако, столь успешная демическая экспансия не сопровождалась культурной (сменой языка или религии), поскольку большинство популяций Трансоксианы говорят на тюркских, а не на монгольских языках и принадлежат к одной конфессии.

В поисках арабских предков.

Распространение ислама арабами является одной из самых мощных культурных экспансий в Западной, Южной и Центральной Азии. Существуют этнографические и генеалогические сведения не только о культурном, но и о демическом следе арабов в Трансоксиане. Например, считается, что кланы казахов кожа и сунак происходят от близких родственников пророка Мухаммеда по мужской линии.

Эти кланы детально исследовали на наличие общего предка. Y-хромосомные гаплотипы основных генеалогических линии кожа и сунак (М.Ханафия, Абу Бакр, Али, Умар) представлены на филогенетической сети.



Филогенетическая сеть Y-хромосомных гаплотипов кланов (родоплеменных групп) кожа и сунак. Слева показаны обозначения основных генеалогических линий (М.Ханафия, Абу Бакр, Али, Умар)

На рисунке мы видим большое число не родственных друг другу одиночных гаплотипов, иногда формирующих мини-кластеры с максимальным возрастом 600±200 лет. Таким образом, в отличие от большинства кланов Трансоксианы, кланы кожа и сунак не восходят к одному основателю.

Такой результат показывает, что генеалогия степного духовенства была основана не на биологическом родстве, а на духовном наследии от учителя к ученику, так называемой «силсила». Эта цепочка состояла из учителей, учивших исламу последующего лидера суфийского ордена. Возраст мини-кластеров совпадает со временем принятия ислама в качестве государственной религии в Золотой Орде и ростом социального статуса кланов кожа и сунак. Вероятно, это способствовало переходу к связи духовного наследия с биологической генеалогией — с целью сохранения привилегированного социального статуса внутри родственной группы.

Выводы

Таким образом, эти две важнейшие экспансии в истории Трансоксианы оказали разное влияние на генофонд ее населения. Культурная экспансия арабов, распространившая ислам, не оставила значимого следа в генофонде. Экспансия монголов, напротив, оставила мощный след в генофонде, но не отразилась в двух таких важнейших проявлениях культуры, как язык и конфессия.

Но главный вывод работы – генофонд Трансоксианы, в отличие от большинства регионов мира, определяется не географическими расстояниями и ландшафтом, а особенностями хозяйственно-культурной деятельности (земледелие или скотоводство).

Результаты исследования были доложены проф. РАН, д.б.н. Балановским О.П. на недавно прошедшей юбилейной

конференции 50th Anniversary of the European Human Genetics Conference, 27-30 May 2017.

Источник:

The Connection of the Genetic, Cultural and Geographic Landscapes of Transoxiana

Maxat Zhabagin, Elena Balanovska, Zhaxylyk Sabitov, Marina Kuznetsova, Anastasiya Agdzhoyan, Olga Balaganskaya, Marina Chukhryaeva, Nadezhda Markina, Alexey Romanov, Roza Skhalyakho, Valery Zaporozhchenko, Liudmila Saroyants, Dilbar Dalimova, Damir Davletchurin, Shahlo Turdikulova, Yuldash Yusupov, Inkar Tazhigulova, Ainur Akilzhanova, Chris Tyler-Smith & Oleg Balanovsky

Scientific Reports **7**, Article number: 3085 (2017) doi:10.1038/s41598-017-03176-z

Текст статьи доступен по ссылке