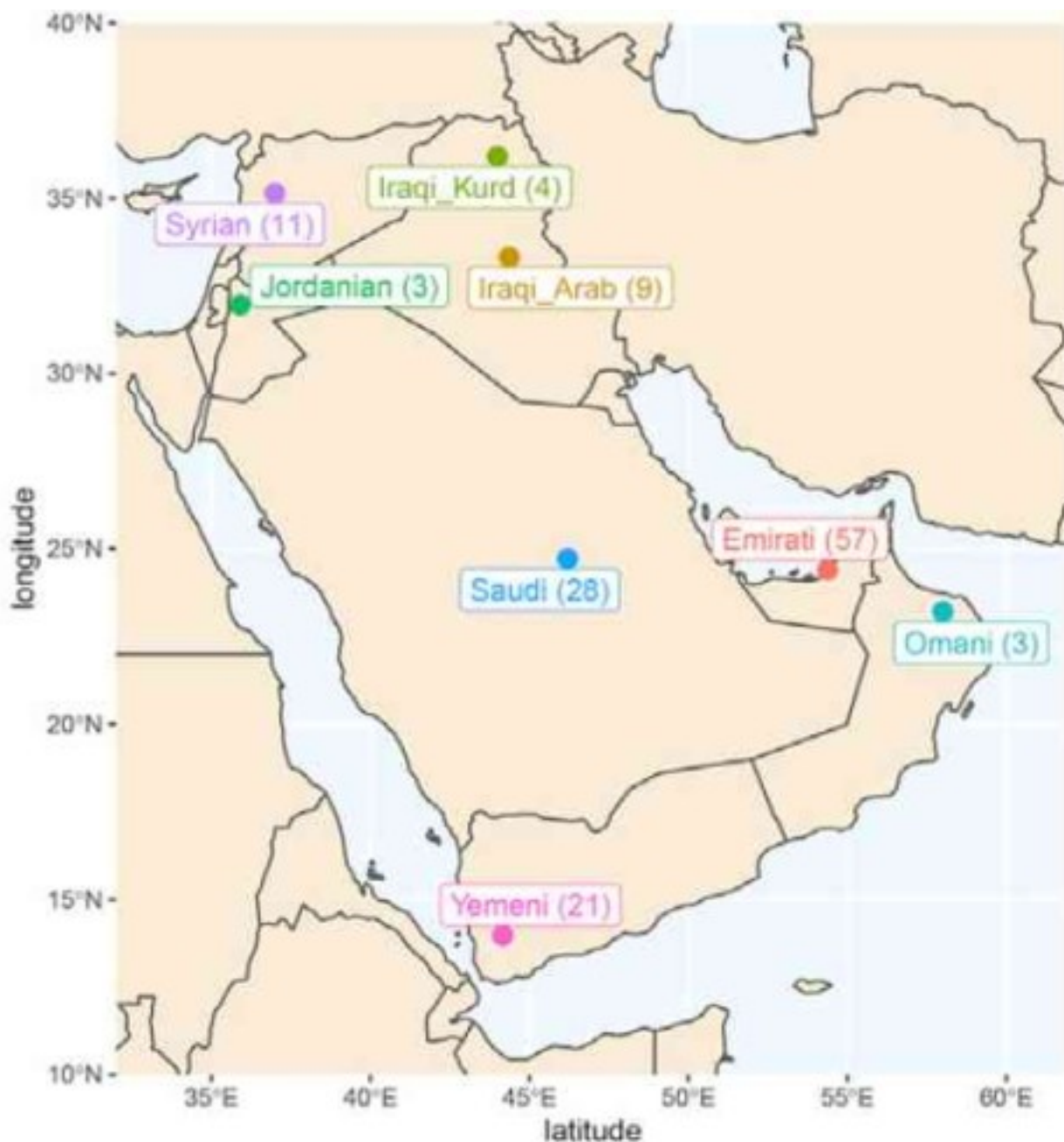


## Геномная история Ближнего Востока

**Секвенирование 137 геномов из восьми популяций Ближнего Востока позволило изучить генетический ландшафт и демографическую историю региона. Показано, что население Леванта отличается большей долей генетического компонента анатолийского неолита, а население Аравии – большей долей африканского компонента. Последний снижает величину неандертальского генетического вклада у арабийцев. Все популяции происходят от одной волны миграции из Африки, линии Леванта и Аравии разошлись 15-20 тысяч лет назад. Левантские популяции испытали интенсивный рост, связанный с появлением земледелия. Аравийские популяции прошли через бутылочное горлышко около 6 тысяч лет назад, когда началось опустынивание полуострова.**

Ближний Восток – чрезвычайно важный регион для исследования расселения человека по Евразии, реконструкции его истории и последующих миграций. Регион хранит следы раннего расселения человека из Африки (останки, найденные в Леванте и на северо-западе Аравийского полуострова, имеют возраст 177 и 85 тыс. лет, соответственно); находки каменных орудий свидетельствуют о присутствии здесь человека 120 тыс. лет назад. Данные палеоклиматологии говорят о длительном периоде «зеленой Аравии», опустынивание началось здесь лишь 6 тыс. лет назад. В неолите Ближний Восток оказался на перекрестке важнейших миграционных путей; развитие земледелия в области Плодородного полумесяца оказало мощное влияние на население всей Западной Евразии.

Следы древних событий хранятся не только в палеодНК, но и в ДНК современного населения, и их можно выявить при качественном секвенировании генома. Исследование 137 секвенированных с высоким прочтением геномов из восьми ближневосточных популяций [представлено в статье в журнале Cell](#), руководитель этой работы – Крис Тайлер-Смит, Институт Сенгера (Wellcome Sanger Institute), Великобритания. Восемь ближневосточных популяций относятся к трем регионам: Левант (сирийцы, иорданцы), Аравия (саудовцы, эмиратцы, йеменцы и оманцы) и Ирак (иракские арабы, иракские курды).

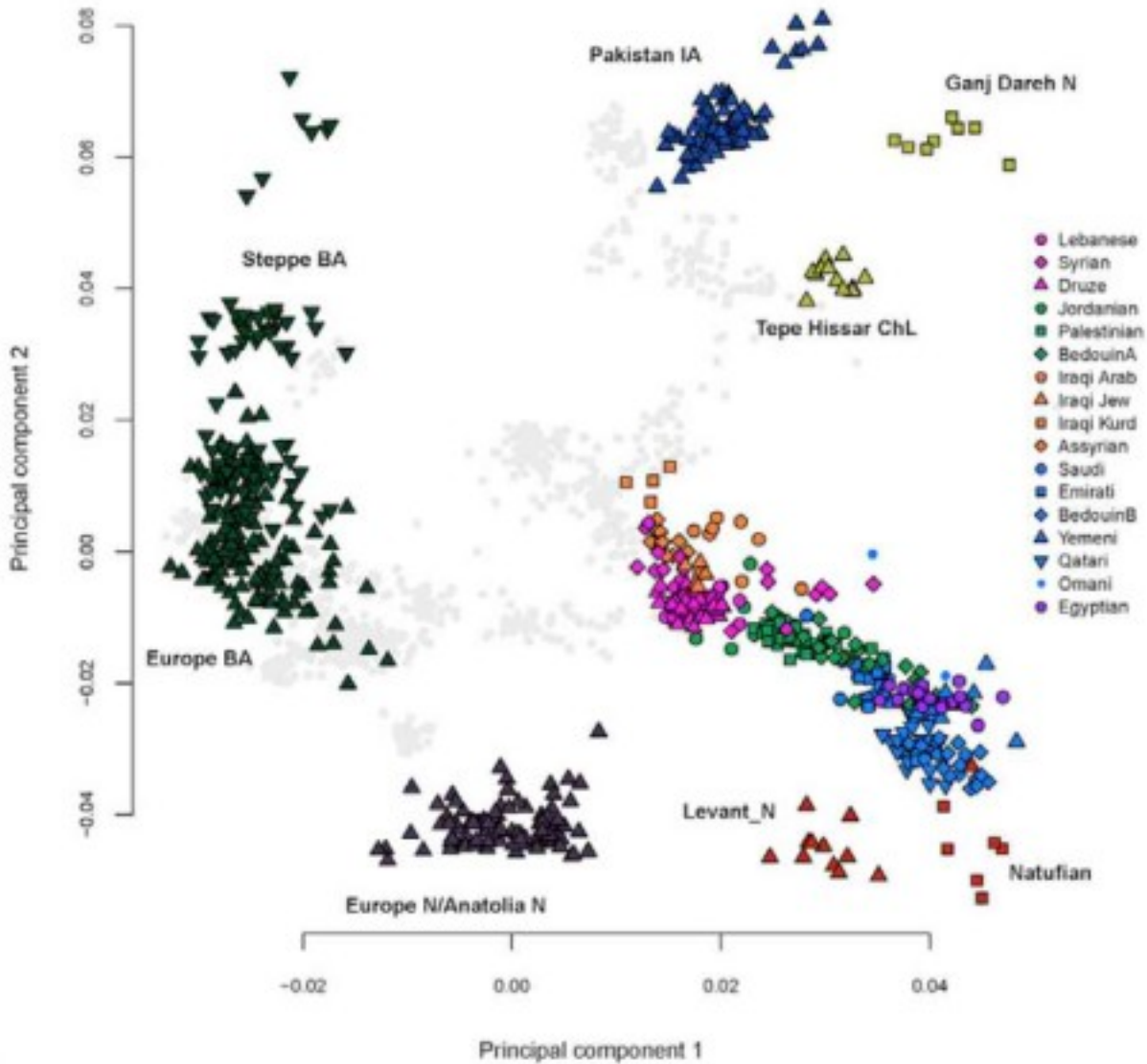


Расположение изученных в работе популяций, цифра указывает на число секвенированных геномов (Almarri et al., 2021).

Специалисты секвенировали геномы со средним покрытием 32X, при этом использовали новую технологию linked-read секвенирования и референсный геном GRCh38 для выравнивания ридов. В общей сложности идентифицировали 23,1 млн SNP, данные сравнили с генетическими вариантами, полученными в Human Genome Diversity Project (HGDP-CEPH).

В работе обнаружено 4,8 млн SNP, которые не входят в базу HGDP, а значит, не были описаны ранее в других популяциях. 93% их относятся к редким вариантам (с частотой <1%), но 370 тысяч встречаются с частотой >1%.

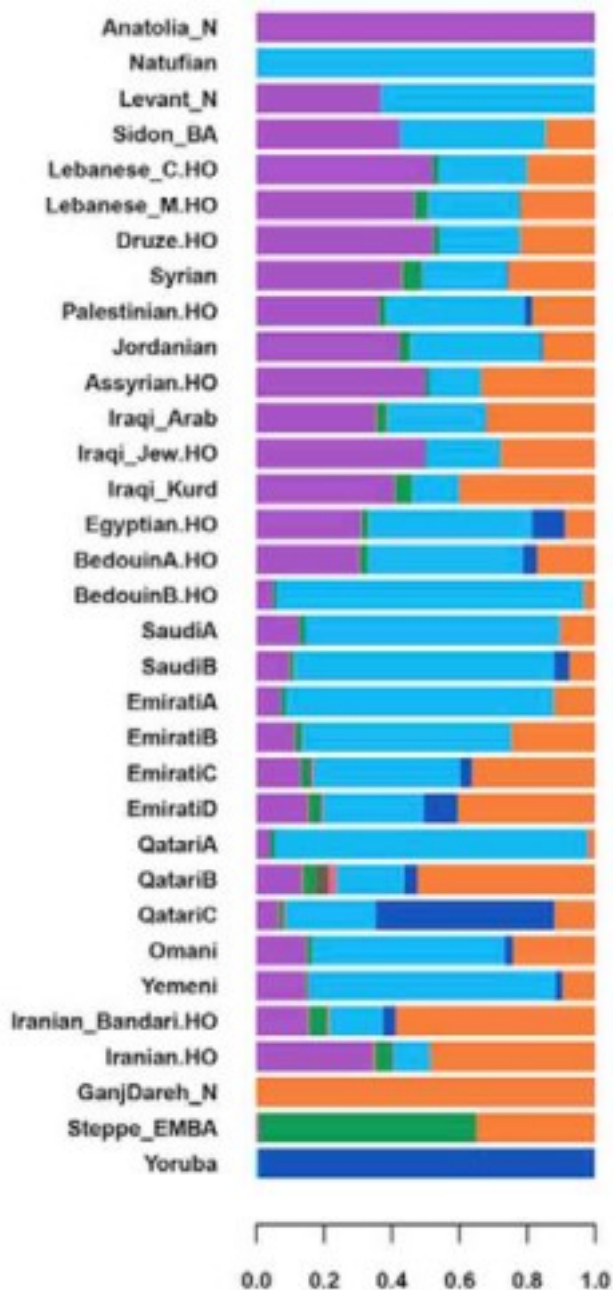
Структуру и разнообразие ближневосточных популяций исследовали с применением методов, основанных на анализе как SNP, так и гаплотипов. Анализ главных компонент показал, что современные популяции Ближнего Востока генетически расположены между древними охотниками-собираателями Леванта (натуфийская культура), неолитическими земледельцами Леванта, европейцами бронзового века и анатолийскими неолитическими земледельцами.



Анализ главных компонент по древним (цветные значки) и современным (теньевые точки) популяциям (Almarri et al., 2021).

Анализ fineSTRUCTURE выявил генетические кластеры, которые соответствовали географическому положению популяций, а также соответствовали их самоназванию. Популяции из Леванта и Ирака (леванцы, сирийцы, иорданцы, друзы, бедуины А и иракские арабы) группировались вместе, в то время как иракские курды группировались с популяциями Центрального Ирана. Арабы из Эмиратов, Саудовской Аравии, Йемена и Омана группировались с бедуинами В.

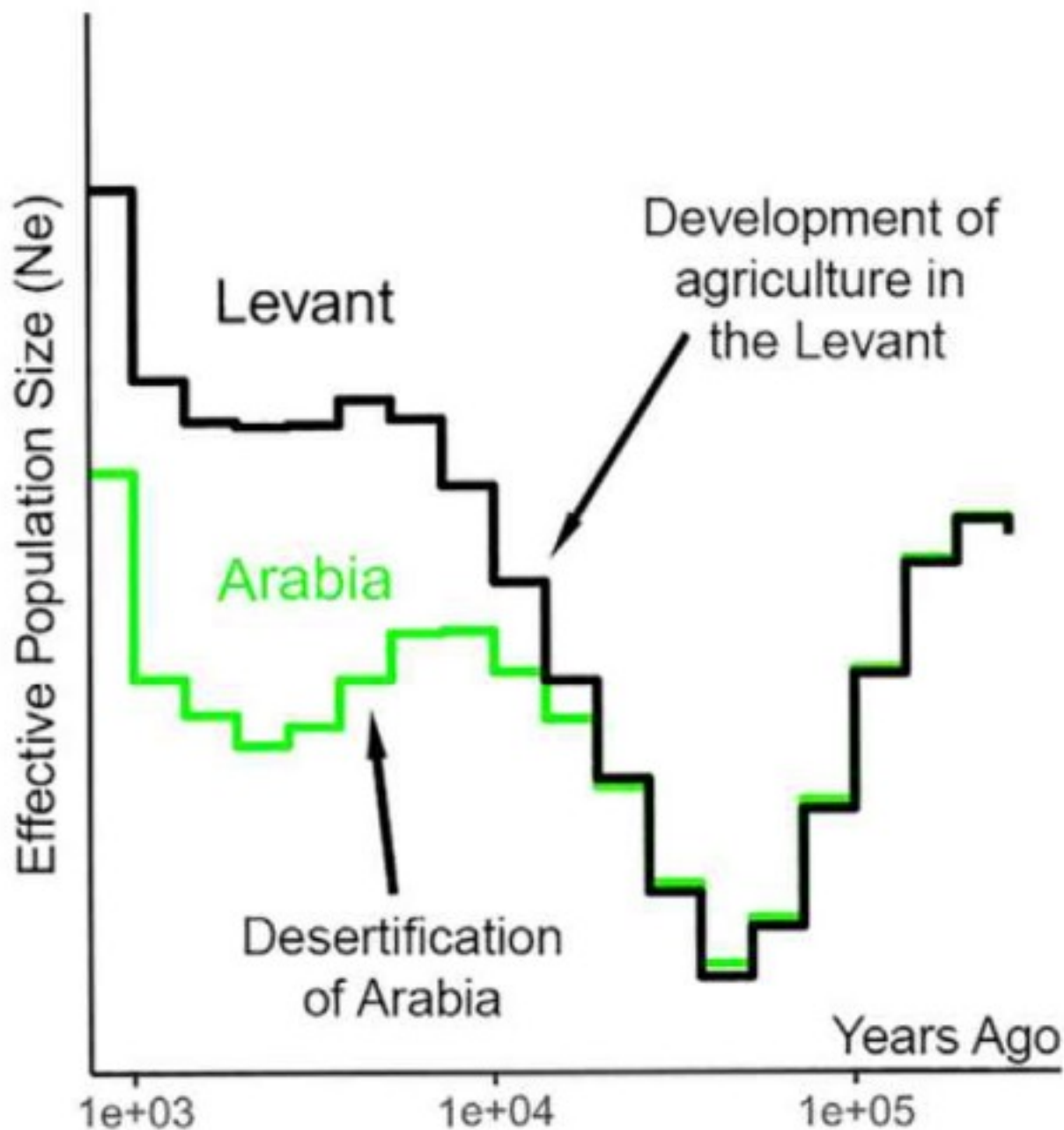
По анализу предковых компонентов отмечалась разница между популяциями Леванта и Аравии: у первых выше доля анатолийского неолита (фиолетовый цвет на рисунке), а у вторых — доля натufийского компонента (голубой цвет). В обоих регионах значителен компонент иранского неолита (оранжевый цвет). У аравийцев заметнее африканский компонент (синий цвет). По оценкам авторов, африканский генетический поток ближневосточные популяции получали в пределах последних 2000 лет, большинство — 1000-500 лет назад.



Состав генетических компонентов в ближневосточных популяциях: анатолийский неолит (синеревый цвет), натуфийский компонент (голубой цвет), иранский неолит (оранжевый цвет), африканский компонент (синий цвет) (Almargi et al., 2021).

По Y-хромосомному разнообразию в ближневосточных популяциях преобладает Y-гаплогруппа J1, которую относят ко времени около 5,6 тыс. лет назад, и это согласуется с гипотезой экспансии иранского компонента в бронзовом веке, хотя авторы нашли и раньше отделившиеся линии, около 17 тыс. лет назад. Гаплогруппа, характерная для натуфийцев, E1b1b, также часта в ближневосточных популяциях, большинство линий относятся ко времени 8,3 тыс. лет назад, хотя есть и очень ранние линии, 39 тыс. лет назад.

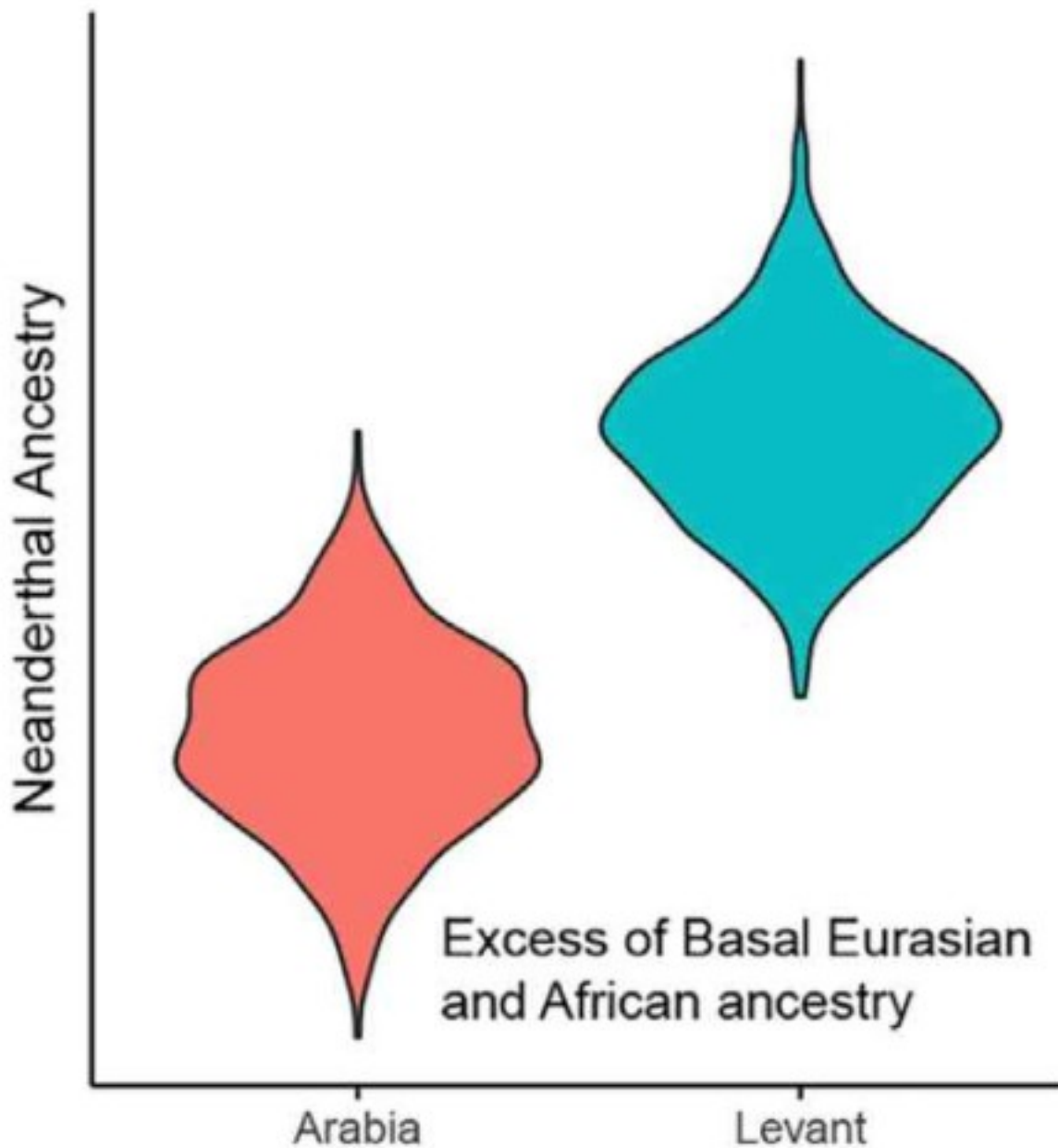
Далее, авторы оценили эффективный размер каждой популяции в разные периоды вплоть до времени 1000 лет назад. Они нашли, что предковая ближневосточная популяция прошла через бутылочное горлышко после выхода из Африки, 50-70 тыс. лет назад. Ко времени разделения на популяции Леванта и Аравии (15-20 тыс. лет назад) ее численность восстановилась. В последующий период популяции Леванта и Ирака демонстрировали экспансию, что было, очевидно, связано с появлением земледелия, в то время как аравийцы оставались на прежнем уровне численности. С наступлением неолита и началом опустынивания Аравийского полуострова, около 6 тыс. лет назад, численность аравийцев снизилась, в то время как левантийцы продолжали расти в численности, рост прервался 4,2 тыс. лет назад, что было связано с засухой в регионе.



Демографические события в популяциях Леванта и Аравии (Almarri et al., 2021).

В исследовании расхождения популяций авторы, прежде всего, показали, что все ближневосточные популяции и взятая для сравнения популяция Сардинии происходят от одной и той же волны миграции из Африки. В свою очередь, с населением Сардинии население Ближнего Востока разошлось около 20 тыс. лет назад. Затем, 15-20 тыс. лет назад, разошлись популяции Аравии и Леванта/Ирака. Эмиратцы отделились от иранских курдов около 10 тыс. лет назад, а 7 тыс. лет назад – от иорданцев, сирийцев и иракских арабов. Саудовцы отделились 5-7 тыс. лет назад, внутри Леванта и Ирака популяции разделились в последние 3-4 тыс. лет, а йеменцы отделились от эмиратцев около 4 тыс. лет назад.

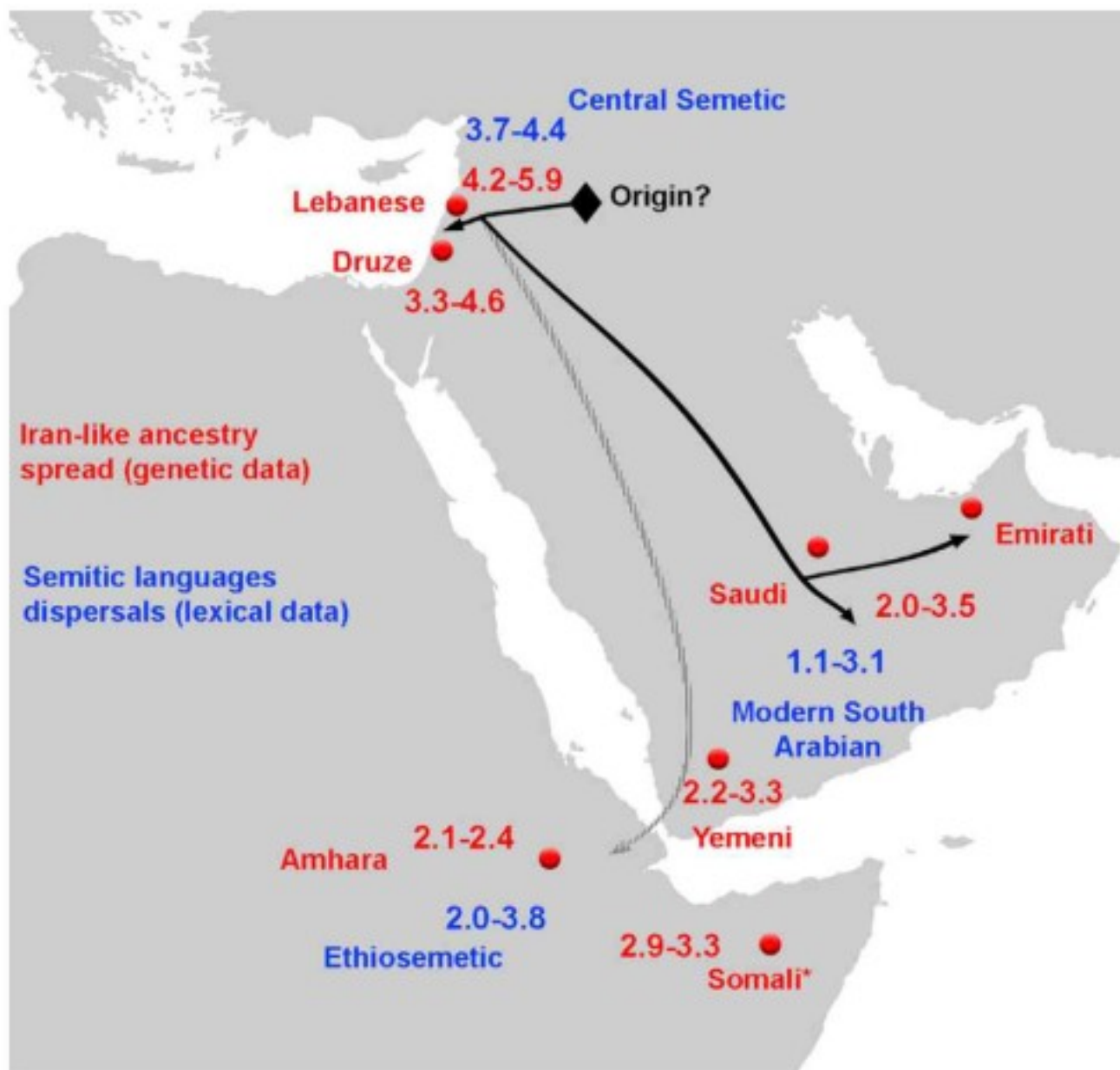
Во всех популяциях Ближнего Востока специалисты оценили долю генетического вклада неандертальцев, в целом она была ниже, чем в популяциях Европы и Восточной Азии. Авторы описали две причины этого снижения: неандертальские фрагменты размывались в ближневосточных геномах из-за смешения с африканской линией и из-за смешения с линией базальных евразийцев (те и другие вовсе не имеют неандертальских генов). По этим двум причинам аравийские популяции имеют меньшую долю неандертальского вклада, чем левантийские.



Сравнительная доля неандертальского компонента в геномах популяций из Аравии и Леванта (Almarri et al., 2021).

В изученных геномах авторы исследовали и признаки отбора. Засушливый климат, с которым сталкивалось население Ближнего Востока, стал фактором отбора по нескольким генам. В то же время в аравийских популяциях обнаружился генетический вариант, связанный с толерантностью к лактозе, по которому происходил сильный отбор, и при этом он отличался от европейского. Частота этого варианта росла от 9 тыс. лет назад до наших дней, сегодня в некоторых популяциях она достигает 50%. Другой вариант, достигающий 66% частоты у аравийцев и бедуинов, связан с метаболизмом и иммунологическими особенностями. Интересно также, что за последние 2000 увеличилась частота варианта, ассоциированного с диабетом 2-го типа.

Наконец, ученые связали миграции, происходящие в регионе в бронзовом веке, с распространением семитских языков из Леванта. Они представили следующую схему, основанную на лексических и генетических данных. По Kitchen et al. (2009) семитские языки возникают в раннем бронзовом веке, примерно 5,7 тыс. лет назад, в Леванте и распространяются на Аравийский полуостров и в Восточную Африку.



Распространение иранских генетических линий (обозначены красным цветом) и языков семитской группы (обозначены синим цветом, данные Kitchen et al. (2009)) (Almarri et al., 2021).

Как сказал руководитель исследования Крис Тайлер-Смит (Институт Сенгера), «Наша работа заполнила большую брешь в международном проекте по каталогизации геномного разнообразия Ближнего Востока. Миллионы новых генетических вариантов, которые мы описали, помогут развитию медико-генетических исследований в регионе. Наши результаты объясняют, как генофонд Ближнего Востока формировался во времени, и дают возможность по-новому взглянуть на регион с позиций археологии, антропологии и лингвистики».

*текст Надежды Маркиной*

#### Источник:

Mohamed A. Almarri, Marc Haber, Reem A. Lootah, ..., Hilary C. Martin, Yali Xue, Chris Tyler-Smith. The genomic history of the Middle East // Cell, 2021, 184, 4612–4625 <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.07.013>

[Статья в свободном доступе](#)

Цитата по новости на сайте Science Daily <https://www.sciencedaily.com/releases/2021/08/210804123500.htm>