

## Армяне – восемь тысячелетий стабильности генофонда по материнским линиям

Изучив митохондриальную ДНК древних образцов с территории Армении и современных армян, генетики делают вывод о генетической преемственности по материнским линиям наследования в популяциях Южного Кавказа в течение 8 тысяч лет. Многочисленные культурные перемены, происходящие за это время, не сопровождались изменениями в этой части генофонда.

Южный Кавказ географически связывает Европу с Ближним Востоком и в течение тысячелетий служил перекрестком миграций населения. Археология свидетельствует о неоднократной смене культур в этом регионе. Поэтому особенно интересна генетическая история народов Южного Кавказа. Реконструкция части этой истории – по материнской линии наследования – стала целью исследования авторов [статьи в журнале Current Biology](#). В работе под руководством специалистов по древней ДНК из Дании (Университет Копенгагена, Эске Виллерслев и Мортен Аллентофт) приняли участие генетики из Армении и России.

Авторы изучили митохондриальный геном из 52 древних костных останков, найденных на территории Армении и Арцаха — это область Нагорного Карабаха, исторически принадлежащая Великой Армении. Древние геномы анализировали вместе с современными (206 образцов мтДНК из трех субпопуляций современных армян – из Армении, Арцаха и турецкого Эрзрума). Географическое расположение и возраст изученных образцов представлены на рисунке. Древние образцы охватывали временной период от 8 000 до 300 лет назад.

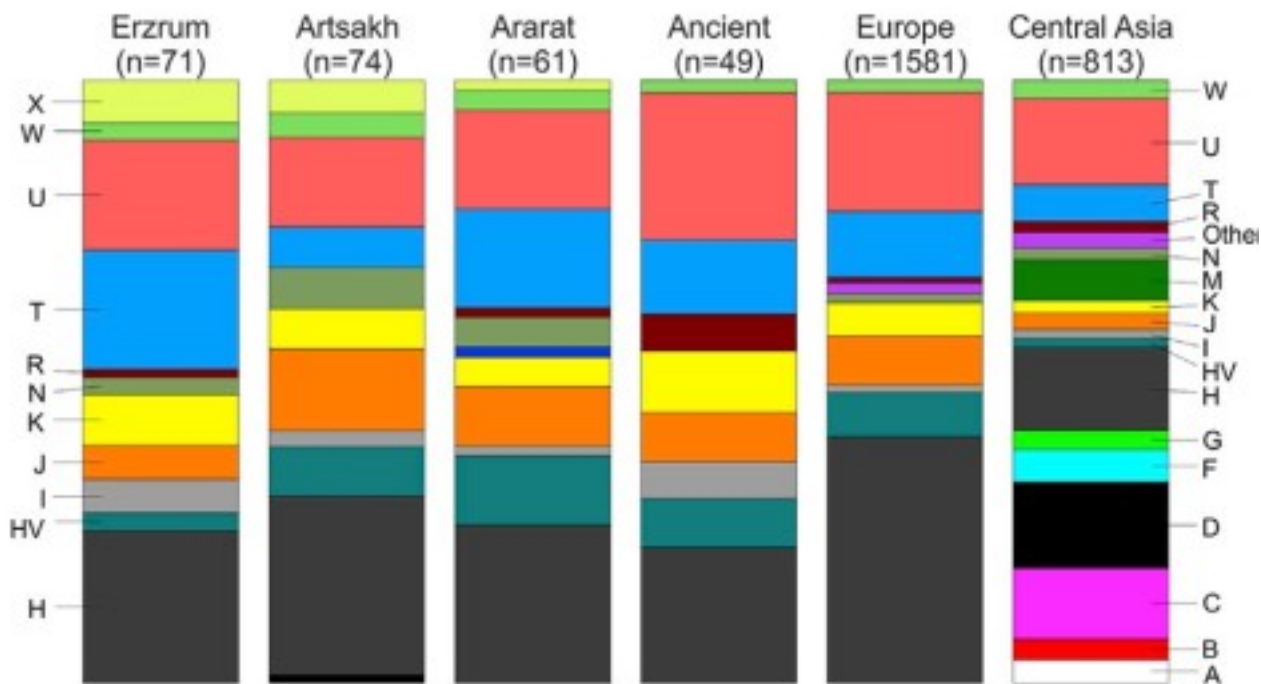


Modern, n=206  
 Classical/Medieval, n=4  
 Urartian, n=4  
 Lchashen-Metsamor, n=29  
 MBA cultures, n=5  
 Kura-Araxes, n=6  
 Chalcolithic, n=1  
 Neolithic, n=3

8000 BC    6000 BC    4000 BC    2000 BC    0    2000 AD

Географическое расположение современных образцов (зеленый цвет) из трех популяций армян и древних образцов из Армении. На временной шкале внизу обозначен возраст древних образцов.

На рисунке ниже показаны спектры гаплогрупп мтДНК современных армян и древних образцов и для сравнения – популяций Европы и Центральной Азии. Видно, что в трех современных группах армян и в древней группе они очень схожи. Авторы отмечают, что три неолитических образца имели гаплогруппы H и I, которые ассоциируются с неолитической миграцией земледельцев с Ближнего Востока. Характерно, что ни у древних, ни у современных армян не встречаются гаплогруппы Центральной Азии (A, C, D, F, G и M). Это указывает на то, что археологически и исторически зафиксированные миграции тюрков и монголов на Южный Кавказ в 11-14 вв. не оставили след в генофонде армян по материнской линии. По-видимому, контакты между древним населением Армении и пришельцами из Центральной Азии ограничивались как географическими (горы), так и религиозными (христианство – ислам) барьерами. Напротив, у тюркоязычных мусульман, географических соседей армян – азербайджанцев и турков – центральноазиатские гаплогруппы присутствуют, что говорит об их контактах с мигрантами.



Спектр гаплогрупп мтДНК в современных армянских популяциях (Арарат, Арцах, Эрзрум), в группе древних армян в группе Европы (популяции: Италия-Тоскана, Польша, Болгария) и Центральной Азии (Таджикистан, Киргизстан, Узбекистан).

Авторы вычислили генетические расстояния между разными популяциями. Помимо изученных в него включили также семь других популяций с Южного Кавказа и Ближнего Востока. Их взаимное расположение в генетическом пространстве представлено на рисунке ниже.

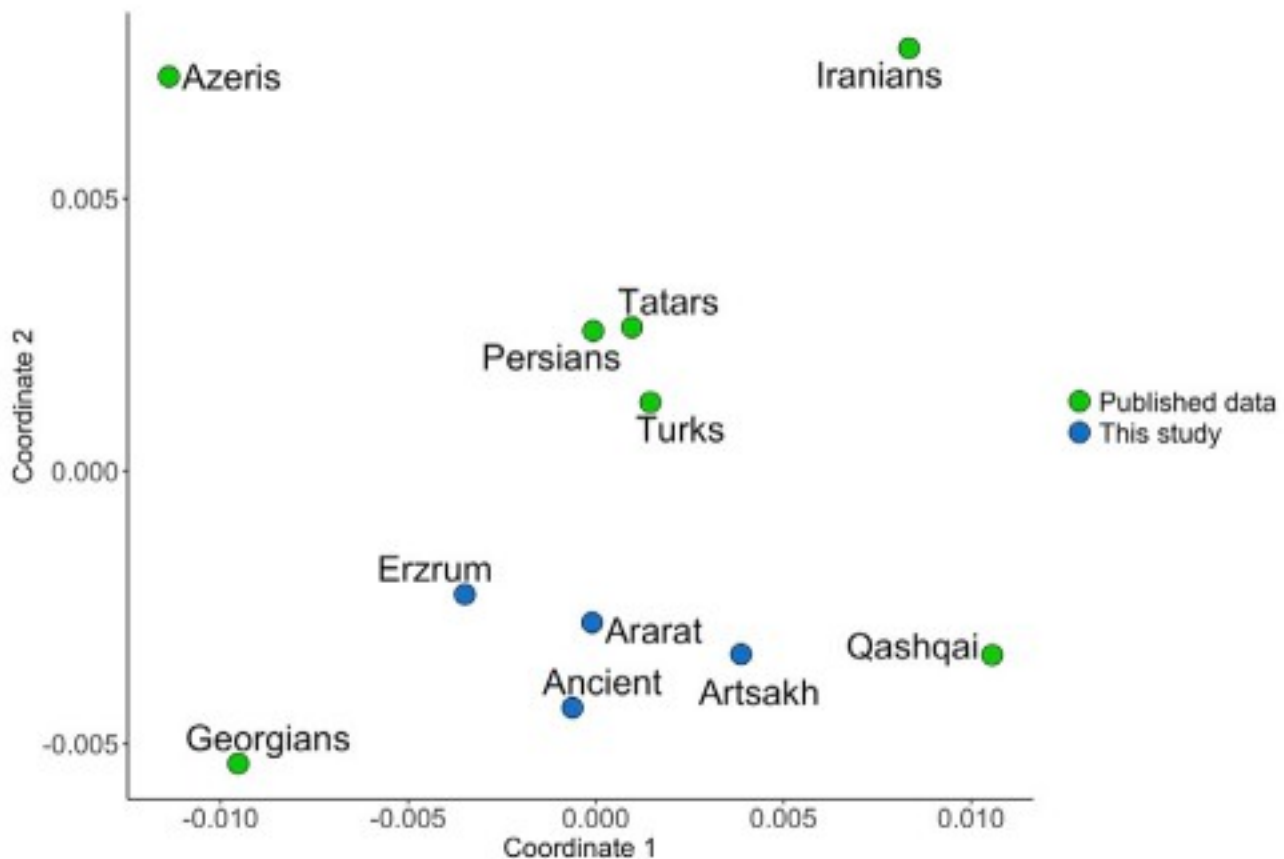
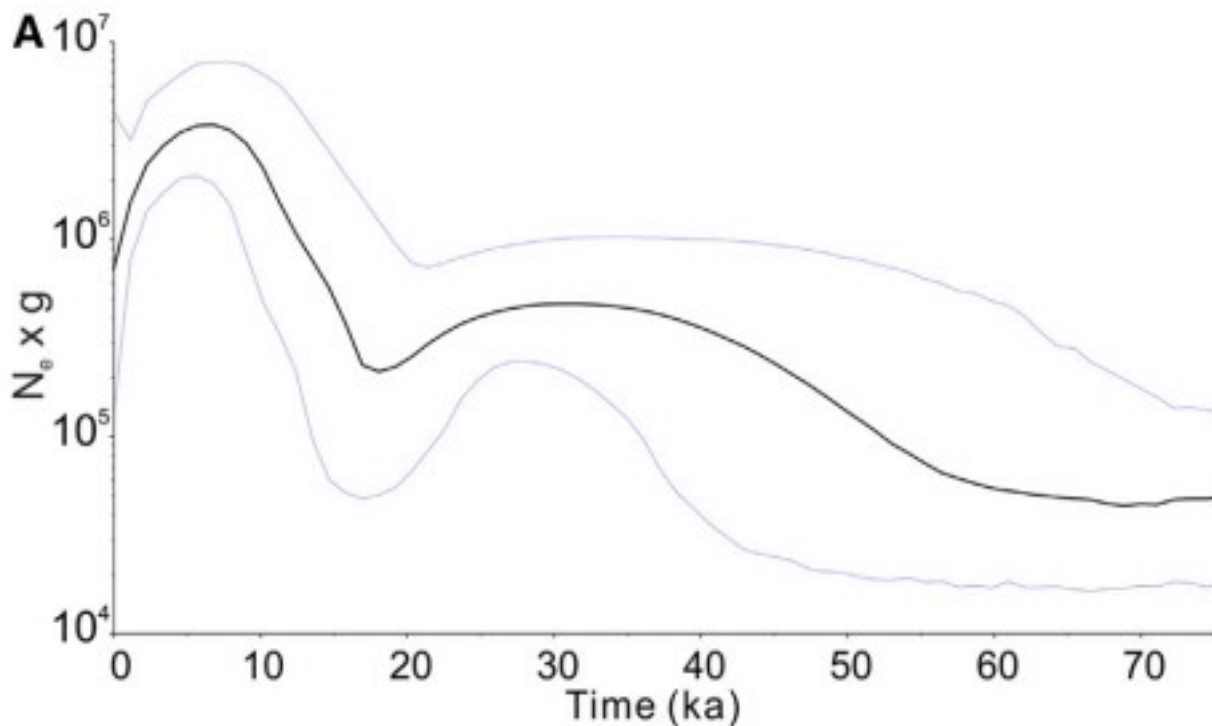


График многомерного шкалирования, основанный на генетических расстояниях  $F_{st}$  по данным секвенирования мтДНК в группах древних и современных армян (синий цвет) и соседних популяций Южного Кавказа и Ближнего Востока (зеленый цвет).

На графике видно, что древние и современные (Арарат, Арцах Эрзрум) армянские популяции расположены близко между собой и недалеко от популяции грузин и кашкайцев. Из близости древней и современных армянских популяций авторы делают вывод об их генетической преемственности по материнским линиям. Этот вывод подтвержден и другими методами статистического анализа.

Используя байесовский подход, авторы реконструировали демографическую историю армянской популяции (точнее, ее женской части) и вычислили четыре основных демографических события. График показал небольшое снижение численности, начавшееся около 25 тыс. лет назад, в период Последнего ледникового максимума, а с 18 до 10 тыс. лет назад численность резко возросла. Около 5 тыс. лет назад, как указала статистика, численность опять несколько снизилась. У авторов есть несколько гипотетических объяснений, почему это произошло в период бронзового века. Одно связывает его с эпидемией чумы. Другое объяснение состоит в том, что развитие технологического общества бронзового века могло сопровождаться гендерным дисбалансом, в результате которого снизился эффективный размер женской популяции. Возможно, структура популяции стала более сложной, и это привело к такому эффекту.



Байесовский график, показывающий изменение эффективного размера армянской популяции по материнским линиям наследования (по оси ординат). По оси абсцисс – время в тыс. лет назад.

Наконец, авторы протестировали пять демографических сценариев истории армянской популяции. Наиболее вероятной оказалась модель генетической преемственности между древним и современным населением. Поскольку модели основаны на анализе мтДНК, то речь идет о преемственности по материнским линиям наследования. Это означает, что за последние 7800 лет в армянском митохондриальном генофонде не было больших генетических изменений.

Но авторы распространяют этот вывод на митохондриальный генофонд всего Южного Кавказа на основании генетической близости популяций. Поскольку в распоряжении авторов не было ни древних, ни современных образцов мтДНК из других популяций Южного Кавказа, они использовали армян как репрезентативную группу этого региона. Надо сказать, что это обобщение противоречит тому, что авторы ранее отмечали для мтДНК азербайджанцев (наличие центральноазиатских гаплогрупп). Тем не менее, вывод сформулирован так: за последние 7800 лет в митохондриальном генофонде Южного Кавказа не было больших генетических изменений.

Таким образом, на стабильность женского генофонда на Южном Кавказе не повлияли многочисленные культурные изменения в регионе. Совсем иная картина сложилась в Центральной Европе, где в это же время радикально поменялся весь генофонд. Возможно, на Южном Кавказе механизм культурных преобразований был иным, чем в Центральной Европе. Возможно, происходил преимущественно обмен идеями (культурная диффузия) или же миграции затрагивали только мужскую часть населения.

*текст Надежды Маркиной*

**Источник:**

Eight Millennia of Matrilineal Genetic Continuity in the South Caucasus

Ashot Margaryan, ..., Eske Willerslev and Morten E. Allentoft