Уйгуры: между Азией и Европой

Максат Жабагин

Генетики исследовали популяцию уйгуров, по одной из версий являющихся генетическими потомками тохаров. Через ареал уйгуров проходил Великий Шелковый путь, соединявший Восточную Азию с Центральной Азией и Европой. Результаты, полученные по STR маркерам Y-хромосомы, подтверждают гипотезу, что в формировании современного генофонда уйгуров сыграли почти равную роль как европейские так и восточноазиатские популяции, но все же с преобладанием вклада генофондов Западной Евразии.

На днях в Scientific Report (Bian et al., 2016) были представлены новые результаты исследования популяции уйгуров из западного Китая.

Уйгуры – коренной народ Восточного Туркестана численностью около 11 млн человек, говорящий на языке тюркской группы. Наиболее крупная субпопуляций уйгуров проживает в Синьцзянь-Уйгурском автономном районе (СУАР) западного Китая, другая (около 200 тыс.) — на территории Казахстана в Уйгурском районе Алматинской области. Через ареал уйгуров проходил Великий Шелковый путь, соединявший Восточную Азию с Центральной Азией и Европой. Предыдущие исследования показали, что в антропологических и генетических портретах уйгуров есть черты и восточных, и западных популяций Евразии (*Ai et al., 1993; Wells et al., 2001; Yao et al., 2004*).

Что же показало изучение Y-хромосомы? В статье исследованы 100 неродственных между собой мужчин, представляющих коренное население уйгуров в третьем колене, по 26 STR маркерам Y-хромосомы (быстро мутирующие короткие тандемные повторы, то есть повторяющиеся короткие последовательности нуклеотидов).

Для решения вопроса о месте популяции уйгуров в генетическом пространстве Евразии привлечены данные об опубликованных STR гаплотипах 7696 индивидов из 23 популяций Европы, Центральной Азии и Восточной Азии (рис.1). Однако большинство этих популяции изучены по панелям 17 STR, реже — 23 STR маркеров Y-хромосомы, и поэтому сравнение проводится по этим панелям. Степень сходства генофонда уйгуров с другими популяциями оценивалась с помощью генетических расстояний (pairwise RST).

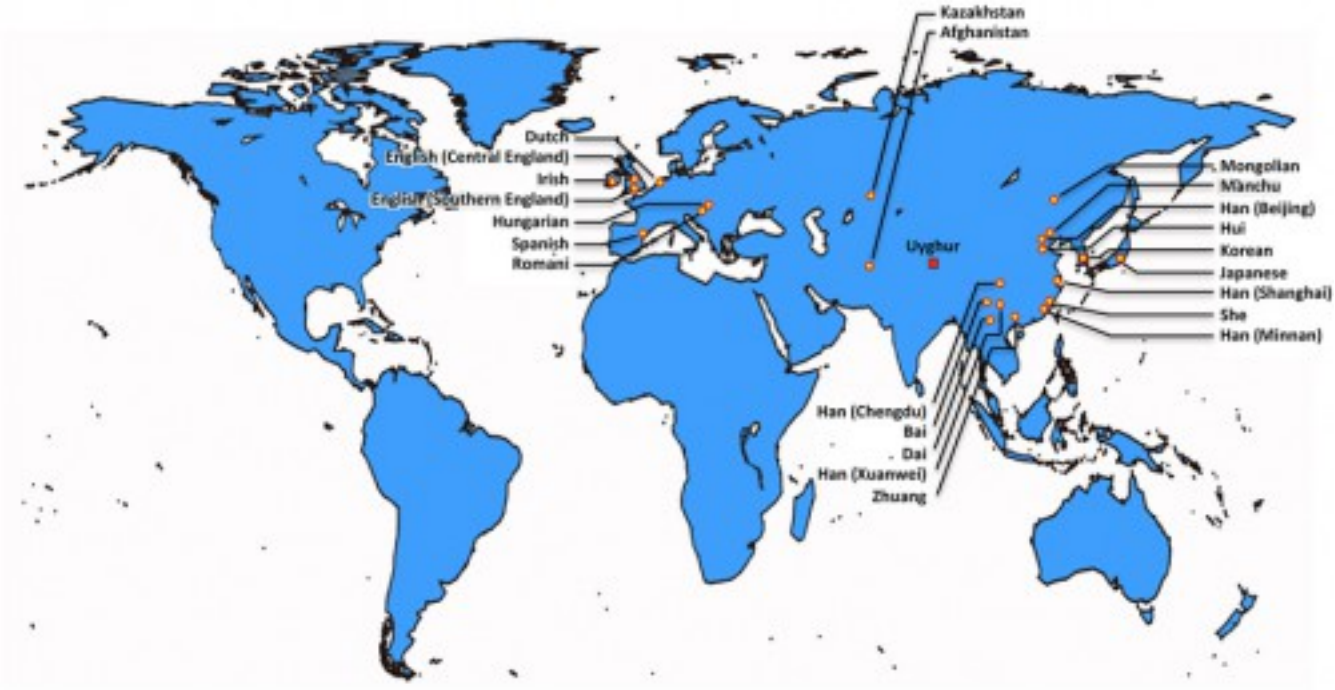

Рис. 1. Географическое положение популяций, включенных в анализ. Расположение популяции уйгуров обозначено красным квадратиком.

На графике многомерного шкалирования (рис. 2) представлены генетические расстояния между всеми популяциями по панели 17 STR маркеров Y-хромосомы. Популяция уйгуров на графике расположилась между европейскими (кластер синего цвета) и восточноазиатскими популяциями (кластер розового цвета), вблизи от популяций Центральной Азии (популяции пуштунов и казахов выделены зелеными точками), отражая взаимосвязь за счет географической близости, шелкового пути и генетической экспансии монголов (*Tarlykov et al., 2013; Lacau et al., 2011; Dulik et al., 2011; Di Cristofaro et al., 2013*). При этом популяции хань Китая (кластер желтого цвета) генетически далеки от уйгуров, в то время как другие народы Китая близки к генофонд уйгуров и других восточноазиатских популяций (кластер розового цвета).

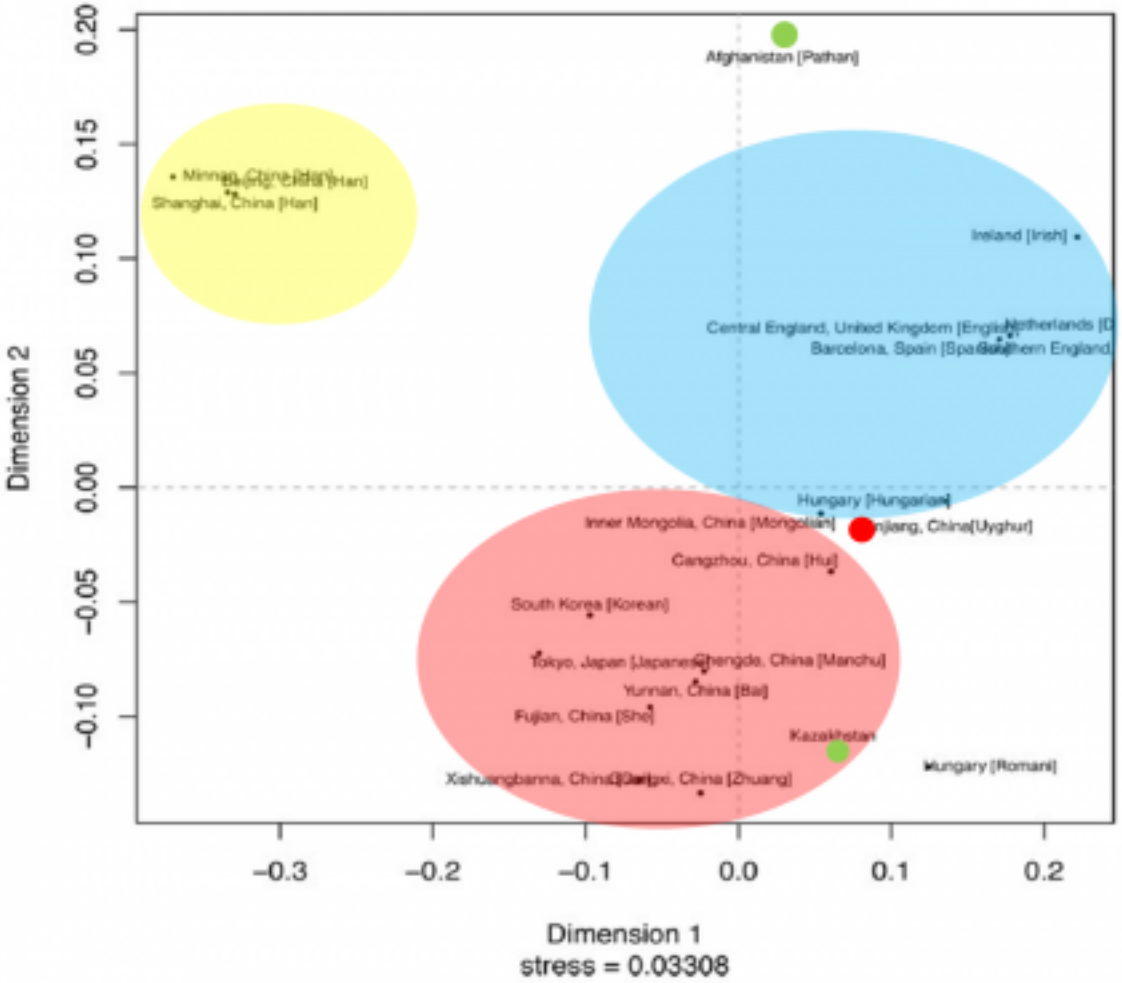

Рисунок 2. Положение изученных популяций в пространстве многомерного шкалирования на основе матрицы генетических расстояний по панели 17 STR маркеров. Популяция уйгуров обозначена красной точкой. Голубым цветом обозначен европейский кластер, розовым — восточноазиатский кластер; популяции хань Китая обозначены желтым. Популяции пуштунов и казахов выделены зелеными точками.

Однако при построении графика по панели 23 STR маркеров (рис. 3) положение популяций несколько изменилось. Конечно, во многом это связано с тем, что число популяций, изученных по 23 STR маркерам намного меньше. Однако популяции китайцев-хань по 23 STR маркерам оказались генетически ближе к уйгурам. Авторы считают, что это связано с большой точностью большей панели маркеров. Во всяком случае, для криминалистики Китая, это, возможно, так и есть. Однако для интерпретации генетической истории народов все же лучше полагаться на широкую панель SNP маркеров, а панели STR маркеров использовать как дополение.

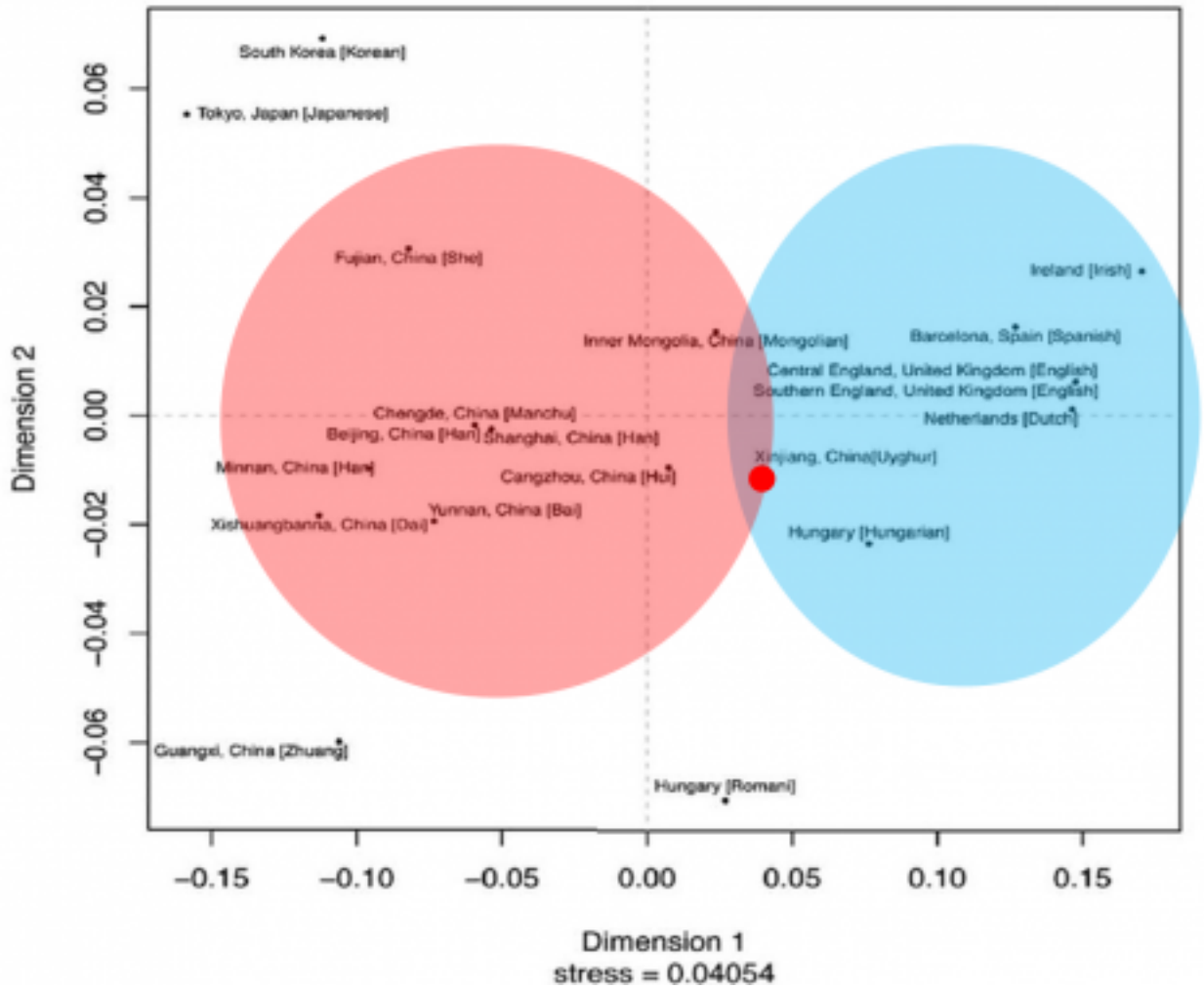

Рисунок 3. Положение изученных популяций в пространстве многомерного шкалирования на основе матрицы генетических расстояний по панели 23 STR маркеров. Популяция уйгуров обозначена красной точкой. Голубым цветом обозначен европейский кластер, розовым — восточноазиатский кластер.

Второй способ представления результатов – это построение филогенетического дерева (neighbor-joining tree). Взаимоотношения популяций на филогенетическом дереве демонстрируют картину, схожую с графиками многомерного шкалирования, однако для вариантов, построенных для панели из 17 STR маркеров и панели из 23 STR маркеров, отмечаются особенности в длине ветвей и кластеризации (Рис.4).

На обоих деревьях популяция уйгуров находиться между европейскими и восточноазиатскими. Такое положение характерно для смешанных популяций, которые всегда располагаются на дереве между исходными популяциями (*Kopelman et al., 2013*). На дереве по данным панели из 23 STR маркеров (рис. 4А) популяция уйгуров кластеризуется с популяциями хуэй, венгров, монголов. Авторы статьи объясняют это тем, что население хуэй сформировалось в XIII веке в ходе смешения популяций Центральной Азии — монголов, ханьцев и уйгуров. Близость уйгуров с венграми, по мнению авторов, согласуется с предположением об азиатской прародине мадьяров (*Biro et al., 2009, 2015; Csanyi et al., 2008; Nagy et al., 2011; Pentelenyi et al., 2014*). Тесную связь с монголами, авторы спекулятивно объясняют миграцией орхонских уйгуров (Orkhon Uyghurs), предполагаемых предков современных уйгуров, которые смешались с коренным населением Синьцзяня, таким, как тохары (Tocharians), в свою очередь генетически близки к популяциям Северной Евразии (*Cui et al., 2004; Mallory et al., 2008; Zhang et al., 1982*). Этот же аргумент авторы используют в качестве объяснения того, что исследованная популяция уйгуров ближе к европейским популяциям, нежели к восточноазиатским, как это представлено в их результатах анализа AMOVA.

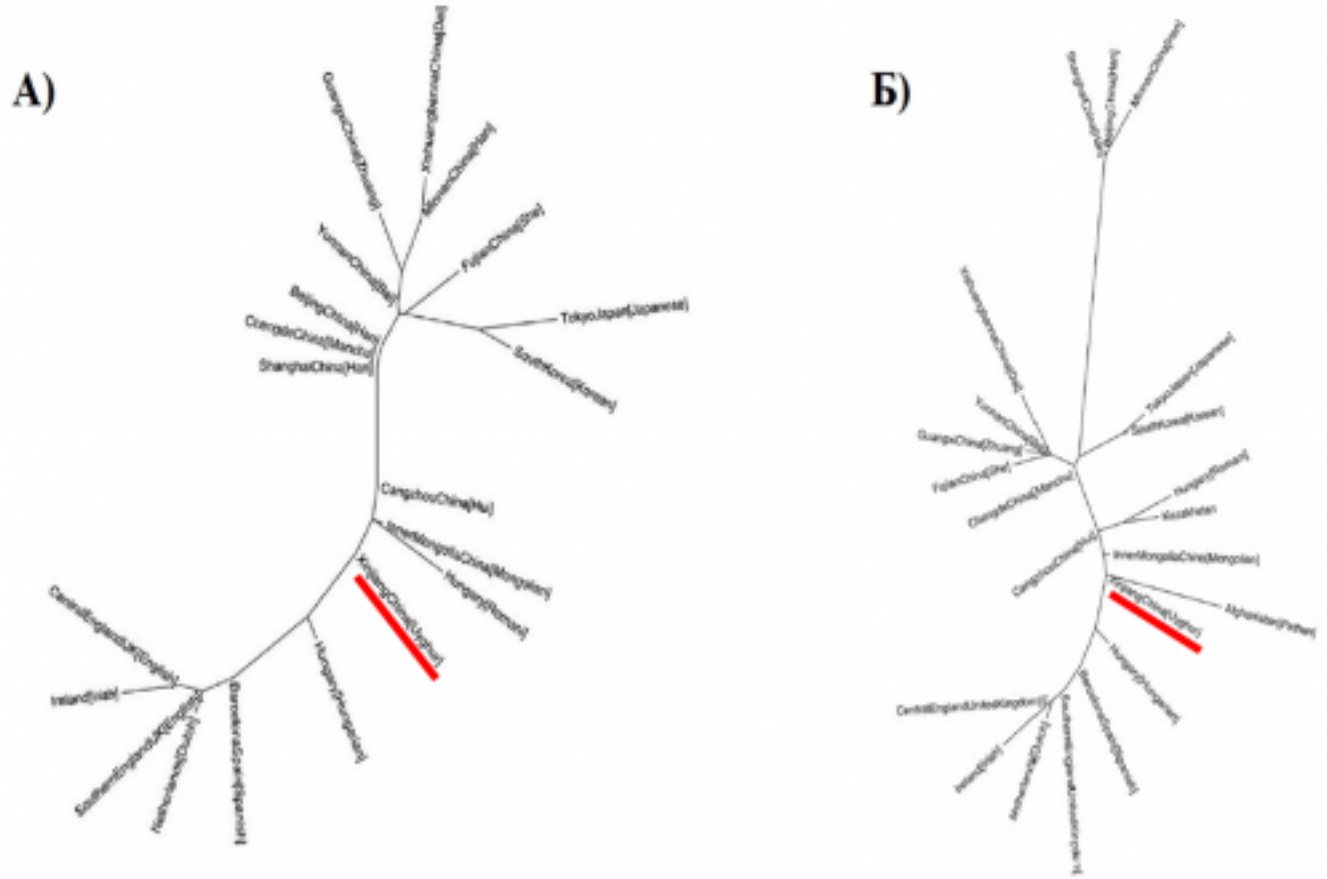

Рисунок 4. Филогенетические деревья. А) По панели 23 STR маркеров. Б) По панели 17 STR маркеров. Популяция уйгуров обозначена красным.

Третий метод — AMOVA — оценивает средние генетические различия между группами популяций. Он подтвердил, что популяция уйгуров более генетически ближе к европейским популяциями, нежели к восточноазиатским. Этот вывод согласуется с исследованиями по классическим маркерам (Zhao et al., 1989), SNP маркерам (Xu et al., 2008) и мтДНК (Comas et al., 1998). Тем не менее, авторы ссылаются на ряд иных исследований, в которых обнаруживалась более тесная связь уйгуров с восточноазиатскими популяциями (Li et al., 2009; Cui et al., 2004; Su et al., 1999). Одной из возможных причин расхождения результатов авторы указывают исследование различных географических субпопуляций. В данной статье, как и в работе (Xu et al., 2008) исследовалось население уйгуров южной части Синьцзяна, которое меньше подвергалось влиянию недавних миграций популяции китайцев хань (Fan et al., 2005; Liu et al., 2014).

Четвертый метод — линейный дискриминантный анализ (LDA) — проведен для поиска «предковых» (ancestry-informative) маркеров, отделяющих уйгуров от других популяции. Для этого из всей изученной панели STR маркеров были удалены те, которые имели нулевые или дуплицированные аллели. В результате для анализа было оставлено 9 STR маркеров, и индивидуальные гаплотипы по этим 9 STR маркерам были визуализированы на графике двух LDA факторов. Однако график LDA не выявил очевидного отделения образцов уйгуров от других популяций (красный цвет), хотя восточноазиатские образцы хорошо отделяются от европейских. Рассмотренная мультилокусная панель STR маркеров в анализе LDA не позволила выявить «предковые» ancestry-informative маркеры.

Полученные данные еще раз склоняют чашу весов в пользу того, что генофонд уйгуров сформировался в результате взаимодействия восточноазиатских популяций и миграций из западной Евразии.

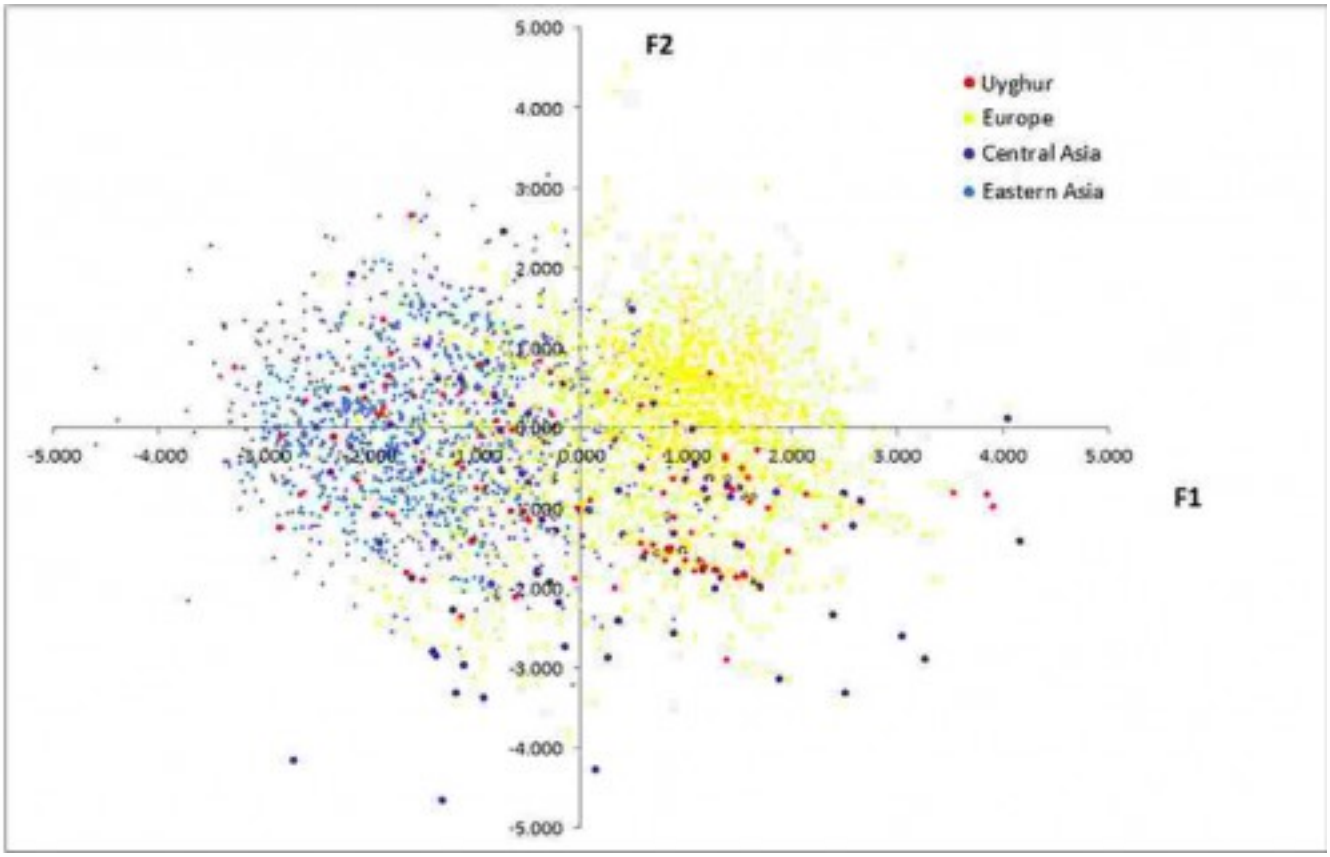

Рисунок 5. Положение индивидуальных образцов уйгуров (красные точки) среди индивидуальных образцов из Европы (желтые точки), Центральной Азии (фиолетовые точки) и Восточной Азии (синие точки) по 9 STR маркерам Y-хромосомы (метод LDA).

Помимо выводов, имеющих отношение к генетической истории уйгуров, авторы продемонстрировали параметры разрешающей способности собственной панели из 26-STR маркеров Y-хромосомы в решении задач криминалистической генетики (Forensic genetics), с которой можно подробнее ознакомиться в статье *Bian, Y. et al. Analysis of genetic admixture in Uyghur using the 26 Y-STR loci system. Sci. Rep. 6, 19998; doi: 10.1038/srep19998 (2016).*