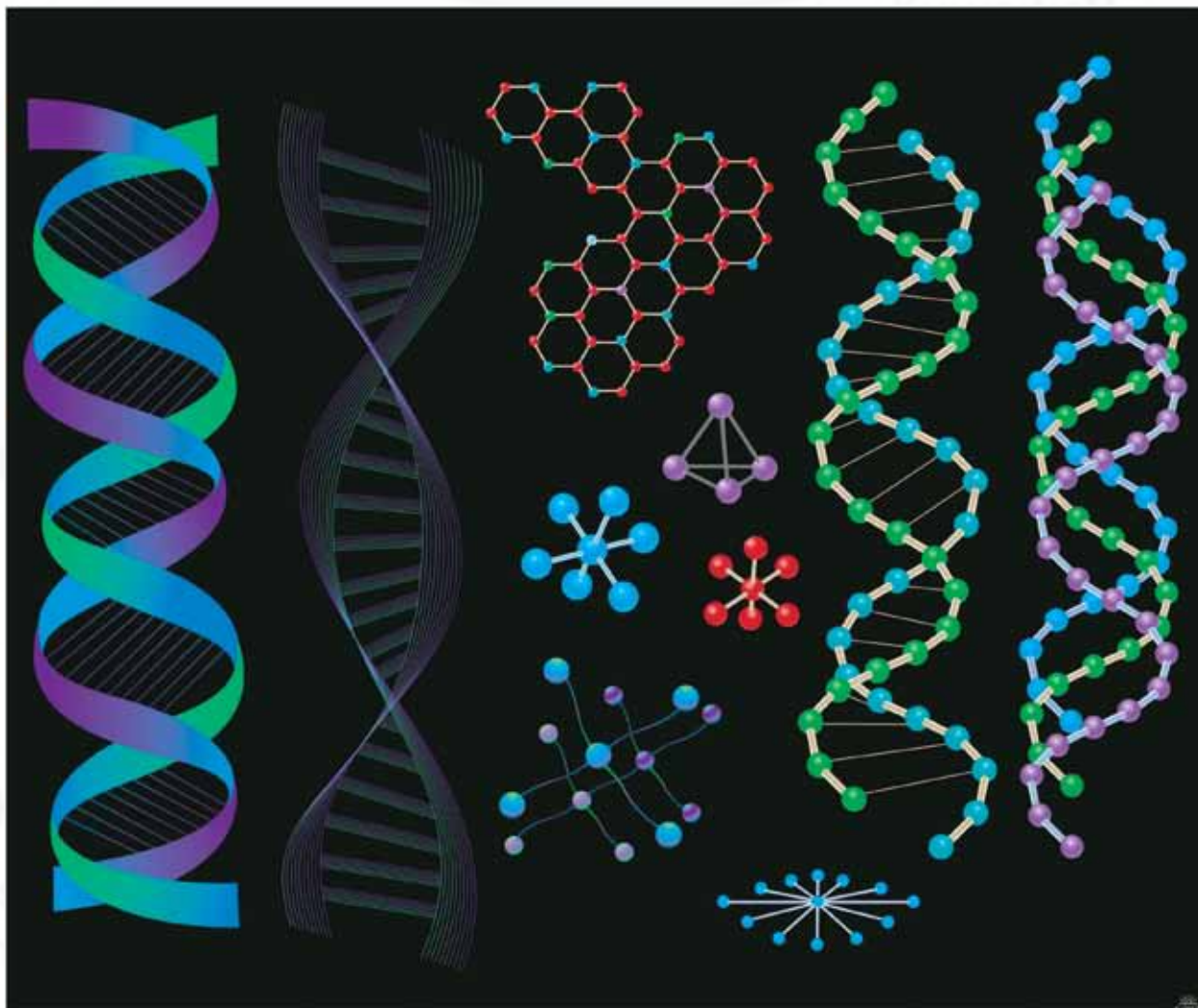


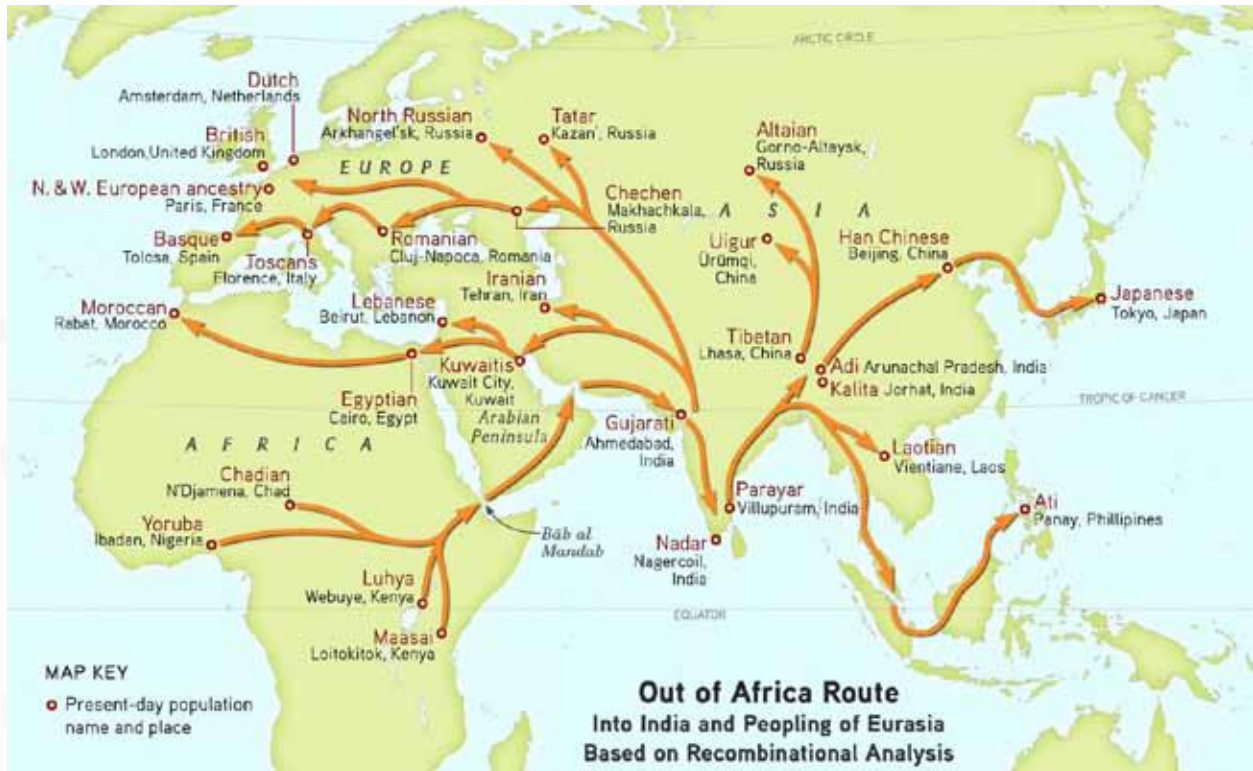
# Генетика и происхождение народов

**Куват МОМЫНАЛИЕВ,**  
доктор биологических наук

**О**ткуда я родом? Очень часто задаем мы себе этот вопрос, но отнюдь не всегда можем на него ответить. Как правило, мы знаем своих родителей, чаще всего также бабушек и дедушек; и только немногим известно хоть что-то о более отдаленных предках. Но оказывается, **каждый из нас несет послание из глубины веков, причем послание это содержится в каждой клеточке нашего тела. Оно зашифро-**

**вано в ДНК - генетическом материале, который передается из поколения в поколение.** В ДНК записаны не только наши индивидуальные истории-родословные, но и история всего человеческого рода. Научные и технологические достижения последних лет позволяют прочесть эти данные. «ДНК не может выцвести, как древний пергамент, или покрыться ржавчиной, подобно лежащему в земле мечу давно погибшего





Генетики подтвердили, что человек современного типа – кроманьонец появился в Восточной Африке около 200 тысяч лет назад, а около 60 тысяч лет назад начал расселяться на другие континенты. Так что все разнообразие современных генов возникло из одной предковой африканской популяции. Image credit: IBM

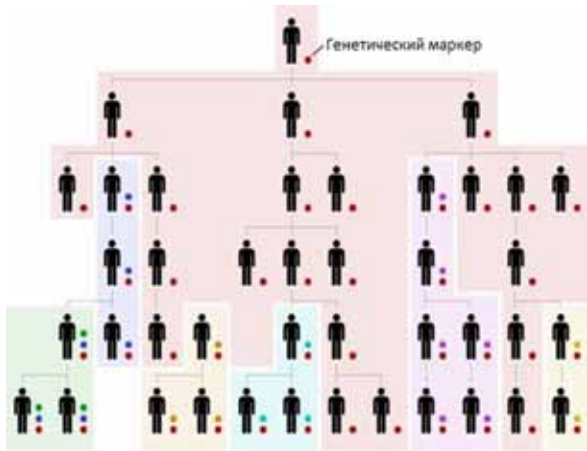
воина. Ее не развеет ветер и не смочит дождь, ей не страшен ни огонь, ни землетрясение. Эта путешественница во времени укрывается внутри каждого из нас... Гены поведают историю, начавшуюся сотни тысяч лет назад» - пожалуй, эти слова Брайна Сайкса, автора книги «Семь дочерей Евы», наиболее точно отражают цели и мотивы молекулярной генеалогии, изучающей родственные связи между людьми на основе данных исследований ДНК человека. Эта область тесно связана с географией (наукой, объединяющей антропологию, географию и генетику), позволяющей узнать историю расселения тех или иных групп людей по нашей планете.

Благодаря успехам современной науки стало возможным детальное изучение ДНК человека. Скажем, в Книге Бытия упоминаются трое детей Адама и Евы: Каин, Авель и Сиф. Но генетики, изучив образцы ДНК от разных людей из различных уголков планеты, пришли к выводу, что человечество ведет свою родословную от 10 сыновей генетического Адама и 18 дочерей Евы (рис.1.).

Каким же образом генетики изучают летопись

народа, родословную человека и пути расселения его предков? ДНК-генеалогия занимается исследованием Y-хромосомы и митохондриальной ДНК, потому что их генетические тексты значительно короче и информативнее прочих генов. Почему Y-хромосома? Основания для такой дискриминации женского пола заложила сама природа. Все дело в том, что **у женщин в каждой клетке среди набора из 23 пар хромосом имеются две X-хромосомы, одна из которых была передана ей при зачатии матерью, а вторая – отцом.** Выяснить, какая именно из X-хромосом отцовская, а какая материнская – достаточно сложная и дорогая задача, требующая отдельной научной работы. **У мужчин же клетки содержат пару из X-хромосомы и Y-хромосомы, причем последняя передана мужчине его отцом, отцу – дедом, деду – прадедом и так далее. Таким образом, Y-хромосома передается «основателем рода» всем своим потомкам по мужской линии на протяжении примерно 80 тысяч лет.** Исследовав особенности строения некоторых участков Y-хромосомы, не кодирующих никаких белков, но удивительно точно копирующихся от





Наследование генетического маркера через мужских потомков одного предка

отца к сыну из поколения в поколение, можно установить родственные связи и найти общего предка у огромного числа мужчин.

А как исследовать родство по женской линии? Помимо ДНК хромосом, которые хранятся в ядре каждой клетки, молекулы ДНК содержатся также в митохондриях. Митохондрии – это образования, плавающие во внутриклеточной жидкости, в цитоплазме клетки. Их число колеблется от нескольких сотен до десятков тысяч на каждую клетку. Митохондрии передаются ребенку только от матери, причем все митохондрии человека – потомки митохондрий яйцеклетки, а митохондрии сперматозоида погибают при зачатии. Каждая митохондрия содержит короткую молекулу ДНК (мтДНК), в которой особый интерес вызывают два гипервариабельных участка, в наибольшей степени различающиеся у родственных групп людей. Это значит, что, сравнивая множество этих участков, можно выяснить родственные связи людей по материнской линии.

**Основным критерием сравнения и поиска родственных связей при исследовании мтДНК является так называемая кембриджская последовательность**, которая была установлена в 1981 году. Определив некоторые участки в митохондриальной ДНК, ученые устанавливают индивидуальную генетическую характеристику (гаплотип) исследуемого человека.

Каким же образом исследование Y-хромосомы и мтДНК позволяет строить родословную человека и определять пути миграции его предков? **Определив строение Y-хромосомы**

**или мтДНК у группы людей, можно далее сравнить их строение у разных людей и построить так называемое филогенетическое древо отношений между их предками.** Чем больше сходства в строении Y-хромосомы (мтДНК) у двух людей, тем ближе, то есть на одной ветви находятся их предки. Наоборот, чем больше отличий между ними, тем дальше они будут отстоять друг от друга, находясь на разных ветвях. Естественно, что встречаются и промежуточные варианты.

Поясним это на примере. Поскольку генетические особенности (так называемые маркеры) передаются по наследству, путем их изучения можно проследить историю генеалогического древа. Например, на рисунке 2 показано **наследование генетического маркера (красный круг) через мужских потомков одного человека. Каждое поколение наследует уникальный маркер этого человека.** Если у этого человека есть три сына (первое поколение), каждый из них наследует его маркер, передаваемый через Y-хромосому. Во втором поколении появляются два новых маркера Y-хромосомы (обозначены синим и фиолетовым кругами). Они могут быть вызваны естественными генетическими мутациями. Третье поколение наследует также эти новые маркеры, которые произошли с их отцов. В четвертом поколении появляются новые уникальные маркеры (голубой и зеленый круги). После пяти поколений в потомстве появляются шесть комбинаций маркеров (гаплотипов). **Зная, с какой скоростью происходит образование одного маркера, можно рассчитать время их формирования у потомков. Далее, сравнив эти данные с данными археологов, этнографов и др., можно узнать, где и когда жили ваши предки. Кроме того, накапливая данные от многих людей, можно реконструировать отношения между ближайшими генетическими родственниками - так называемое филогенетическое древо.** В основании этого древа будет находиться прародитель, от которого отходят ветви-потомки.

Таким образом, ДНК-генеалогия оперирует тысячелетиями. Нельзя определить, где жили ваши предки 100 лет назад, но вы можете узнать, откуда они пришли в тот или иной регион. Вы узнаете также, к какому народу принадлежит ваш род (именно ваш – ведь Y-хромосома передается от отца к сыну тысячелетиями). Если вы



Положение изученных популяций Кавказа в генетическом пространстве (степень родства). Обозначения: ОСЕТИНЫ: 1 – дигорцы (Дигорский р-н), 2 - дигорцы (Ирафский р-н), 3 – Южная Осетия, 4 - алагирцы, 5 - туалыцы, 6 – куртатинцы и тагаурцы. ЧЕЧЕНЦЫ: 1- Ингушетии, 2- Чечни, 3 – Дагестана.

наложите на карту миграции ваших предков исторические события, то сможете представить историю вашей семьи более наглядно.

Во многих странах мира генетики изучают Y-хромосомы и митохондриальную ДНК. В 2005 году по инициативе Национального географического общества США начала разрабатываться программа, получившая название «Генографический проект». Исследования проводятся десятком научными центрами в десяти географических регионах - Северная Евразия; Западная Европа; Восточная и Юго-Восточная Азия; Индия; Ближний Восток и Северная Африка; Африка южнее Сахары; Австралия и Океания; Северная Америка; Южная Америка. Еще один центр проводит исследования древней ДНК.

Как составляется **генетический портрет народа? Для этого изучаются генетические тексты видных представителей народа из разных популяций. Ученые обследуют лиц, все бабушки и дедушки которых относились к данному народу и данной местности.** Гены такого человека могут достойно представить генофонд его народа и конкретной популяции. Изучаются Y-хромосома и митохондриальная ДНК. Чем раньше две популяции отделились друг от друга, тем больше за это время накопилось различий в их генетических текстах. Сравнивая друг с другом несколько популяций, можно с помощью компьютерного анализа построить древо их родства. А потом – своими глазами увидеть на кар-

те, как перемещались наши гены (а значит, наши предки) по странам и континентам.

### ДНК-генеалогия и история народов

К настоящему времени общее представление о полиморфизме Y-хромосомы получено практически для всех крупных регионов Евразии, и **популяционно-генетические исследования переходят на новый уровень – детального исследования этнических генофондов на основе обширных тщательно собранных выборок из разных частей этнического ареала, анализа взаимосвязей между этносами и реконструкции истории формирования их генофондов.** Подробно изучена структура генофонда Балкан, Средиземноморья, Западной и Восточной Европы, Передней Азии. В этом плане заслуживает детального анализа уникальный генофонд Кавказа, находящегося на стыке Европы и Азии. Именно в этом русле было проведено исследование под руководством российского профессора Елены Балановской, в котором основной задачей стало не только создание генетических портретов народов Кавказа, но и анализ генетических процессов, сформировавших генетическое разнообразие и региональную структуру кавказского генофонда (рис.3).

В работе был сделан вывод, что генетическая структура Кавказа развивалась параллельно с формированием многообразия языков Северного Кавказа, и выдвинута **гипотеза о том, что связующим звеном между генетической и языковой эволюцией служили демографические события в истории популяций, связанные с дроблением на дочерние группы.** Горный рельеф чрезвычайно способствовал процессу географического подразделения популяций - благодаря изоляции в горных ущельях дочерних популяций кластеры гаплотипов, возникавшие в одной из популяций, не распространялись на другие. Если же эта популяция по мере роста численности и расселения на смежные территории делилась на несколько дочерних, то генофонды последних наследовали характерный кластер гаплотипов. Новые возникающие кластеры оказывались специфичными для этих популяций уже третьего порядка. Те же самые демографические события, которые приводили к изоляции генофондов популяций, вызывали и изоляцию их языков. Таким образом, одни и те

же, демографические в своей основе события в истории популяций оставляли следы в двух независимых регистрирующих системах: генофонде и языке. Поэтому совпадение генетических и лингвистических датировок свидетельствует о корректности генетического и лингвистического анализа дифференциации популяций. Проведенный дополнительный анализ ряда популяций по данным о полиморфизме митохондриальной ДНК подтверждает роль демографических факторов в формировании генетического своеобразия популяций.

При всей схематичности предложенной модели она объясняет и описывает **важнейшие особенности народонаселения Кавказа: высокую степень подразделенности генофонда, высокое лингвистическое разнообразие, наличие популяционно-специфичных кластеров гаплотипов, сходство генетических датировок этих кластеров и лингвистических датировок обособления языков, на которых говорят соответствующие популяции.**

*Следует подчеркнуть, что по генетическим маркерам невозможно определить национальную принадлежность. Новые исследования лишь раз подтвердили давно известную антропологам истину: этническая принадлежность не связана с какими-либо биологическими особенностями. Проще говоря, никаких русских, немецких, еврейских или японских генов в природе не существует. Принадлежность к тому или иному народу определяется не генетикой, а культурой, и в первую очередь родным языком. А ассимиляция одного этноса другим, как теперь выясняется, идет не столько за счет «поглочительных» межэтнических браков, сколько путем постепенного перенимания языка и культурных стереотипов.* 🌱

## Литература

1. Дибирова Х.Д., Балановская Е.В., Кузнецова М.А., Фролова С.А., Васинская О.А., Почешхова Э.А., Запороженко В.В., Дружинина Е.Г., Пшеничнов А.С., Раджабов М.О., Теучеж И.Э., Схалыхо Р.А., Захарова Т.А., Евсеева И.В., Дубинецкая Е., Балановский О.П. Генетический рельеф Кавказа: четыре лингвистико-географических региона по данным о полиморфизме Y хромосомы. // Медицинская генетика. - 2010. Т.9. №10, с. 9-18.
2. Haak W, Balanovsky O, Sanchez JJ, Koshel S, Zaporozhchenko V, Adler CJ, Der Sarkissian CS, Brandt G, Schwarz C, Nicklisch N, Dresely V, Fritsch B, Balanovska E, Villems R, Meller H, Alt KW, Cooper A; Members of the Genographic Consortium. Ancient DNA from European early neolithic farmers reveals their near eastern affinities. PLoS Biol. 2010 Nov 9;8(11):e1000536.
3. Zhong H, Shi H, Qi XB, Duan ZY, Tan PP, Jin L, Su B, Ma RZ. Extended Y chromosome investigation suggests postglacial migrations of modern humans into East Asia via the northern route. // Mol Biol Evol. 2011 Jan; 28(1):717-27. Epub 2010 Sep 13.
4. Gomes V, Sánchez-Diz P, Amorim A, Carracedo A, Gusmão L. Digging deeper into East African human Y chromosome lineages. Hum Genet. 2010 Mar; 127(5):603-13. Epub 2010 Mar 6.
5. Rasmussen M, Li Y, Lindgreen S, Pedersen JS, Albrechtsen A, Moltke I, Metspalu M, Metspalu E, Kivisild T, Gupta R, Bertalan M, Nielsen K, Gilbert MT, Wang Y, Raghavan M, Campos PF, Kamp HM, Wilson AS, Gledhill A, Tridico S, Bunce M, Lorenzen ED, Binladen J, Guo X, Zhao J, Zhang X, Zhang H, Li Z, Chen M, Orlando L, Kristiansen K, Bak M, Tommerup N, Bendixen C, Pierre TL, Grønnow B, Meldgaard M, Andreassen C, Fedorova SA, Osipova LP, Higham TF, Ramsey CB, Hansen TV, Nielsen FC, Crawford MH, Brunak S, Sicheritz-Pontén T, Villems R, Nielsen R, Krogh A, Wang J, Willerslev E. Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo. // Nature. 2010 Feb 11; 463(7282):757-62.
6. Bíró AZ, Zalán A, Völgyi A, Pamjav H. A Y-chromosomal comparison of the Madjars (Kazakhstan) and the Magyars (Hungary). // Am J Phys Anthropol. 2009 Jul; 139(3):305-10.
7. Finney B. Anthropology. Tracking Polynesian seafarers. // Science. 2007 Sep 28; 317(5846):1873-4.

The article summarizes the achievements of modern genetic science in the field of paternity testing and determination of the family tree for many generations by means of DNA tests. The author provides information on determining the pedigree along the male and female lines and finding out the history of the family tree by studying genetic characteristics called the markers. He also emphasizes that genetics has no relation to national and ethnic differences, which represent more of a cultural factor. Information is provided about a research on the history of ethnic gene pool by regions, in particular the Caucasus.