

О.П. Балановский

Россия, Москва

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН,

ФГБНУ «Медико-генетический научный центр»

Восток и Запад: разнообразие народов Евразии глазами геногеографии

1. Геногеография и этническая антропология.

Отечественная научная школа геногеографии, сформированная трудами Ю.Г. Рычкова и Е.В. Балановской, имеет своим предтечей и вдохновителем Георгия Францевича Дебеца. Именно его идея и мечта о картографировании разнообразия населения была унаследована и воплощена его учеником Ю.Г. Рычковым. И задача создания первого геногеографического атласа целиком следовала плану и разработкам Г.В. Дебеца. Такая «общность происхождения» геногеографии и этнической антропологии - далеко не единственное, что их тесно связывает. Ведь популяционная генетика человека первоначально называлась антропогенетикой, то есть ветвью антропологии, отличающейся лишь спецификой используемых признаков, как и дерматоглифика, и одонтология. Да и сам картографический подход, ставший символом отечественной геногеографии, был сначала применен к антропологическим признакам: данные Русской антропологической экспедиции были картографированы (причем вручную); затем рассчитаны различия между среднерусскими значениями признаков и значениями в каждой точке карты; в итоге проявились разбросанные по ареалу зоны повышенных отличий от средних значений – «ядра», интерпретированные как следы генофонда (антропофонда) летописных славянских племен [Рычков, Балановская, 1988]. И в дальнейшем популяционная генетика человека во многом шла по пути, которым прошла физическая антропология - но прошла так давно, что совместные работы представителей этих наук, к сожалению, редки. Хочется надеяться на новые, частые и плодотворные встречи столь родственных друг другу научных дисциплин. Местом встречи может быть, например, большой вопрос о подтверждении (или "опровержении") генетикой концепции рас человека.

2. Восток и Запад в генофонде Евразии.

Классические маркеры. Уже первые работы отечественной школы геногеографии, посвященные генофонду Северной Евразии (в границах СССР) и основывавшиеся на данных по классическим генетическим маркерам, выявили четкое деление генофонда на западную (европейско-кавказскую) и восточную (сибирскую и центральноазиатскую) зоны. Эти различия проявляются и на карте первой главной компоненты, и на карте гетерозиготности, и по уровню межпопуляционных различий (в Сибири он на порядок выше).

Митохондриальная ДНК. Позже и совершенно независимо многочисленные исследования зарубежных специалистов, основывавшиеся на данных о митохондриальной ДНК, привели к появлению устойчивых терминов "западно-евразийские" и "восточно-евразийские" гаплогруппы (варианты) митохондриальной ДНК. Правда, отнесение конкретных гаплогрупп к тому или иному типу оставалось на усмотрение исследователя, что приводило, например, к тому, что генофонд Индии рассматривался то как западно-евразийский, то как восточно-евразийский (в Индии много гаплогрупп, которые более нигде не встречаются, поэтому все зависело от того, к какому типу отнести эти специфично индийские гаплогруппы - к западному или к восточному). Для большей объективности я решил применить метод главных компонент для классификации не популяций, а гаплогрупп. Результат оказался на удивление четким: все множество гаплогрупп сгруппировалось всего в несколько типов (в каждый тип попали гаплогруппы со сходным паттерном географического распространения). Это подтвердило реальность западно-евразийских и восточно-евразийских генофондов, хотя и показало, в частности, наличие двух разных восточно-евразийских типов - североазиатского и восточноазиатского. И я не могу считать случайностью, что объективно выделенные по генетическим данным ареалы западно-евразийского, североазиатского и

восточноазиатского генофондов напоминают (чтобы не сказать совпадают) ареалы, соответственно, европеоидов, северных монголоидов и южных монголоидов.

Y-хромосома. Третья генетическая система - Y-хромосомы - тоже четко выявляет деление на западно-евразийский и восточно-евразийский генофонды. Еще важнее, что, наследуясь по отцовской линии, Y-хромосома словно создана для того, чтобы изучать историю генофондов народов с сильной патронимической традицией и родоплеменной структурой, фиксируемой по отцовской линии. Таковы, например, многие народы Центральной Азии, Дальнего Востока, Сибири и даже Урала. И сейчас начался бум исследований, приносящих информативные в плане этногенеза результаты по связи структуры генофонда с родовой структурой.

Весь геном. Четвертая генетическая система - широкогеномный и полногеномный анализ - конечно, тоже выявила деление на западные и восточные генофонды. Еще важнее, что к этим данным можно применить метод ADMIXTURE и объективно выделить "предковые компоненты", имеющие четкую географическую приуроченность.

3. Генетические компоненты и большие расы.

Логика метода ADMIXTURE проста: если все современные популяции сформировались в результате смешения некоего числа предковых популяций (оно задается исследователем, перебирающим разные варианты), то можно определить, каков был генофонд этих предковых популяций, и в каком именно соотношении они соединились в генофонде каждой современной популяции. Модель, конечно, условна, но результаты ее применения на редкость разумны. Достоинство метода в том, что произвол сведен до минимума - исследователь указывает только число предковых популяций и загружает данные о современных генофондах. А уже и сами предковые генофонды, и то, в каком соотношении эти предковые компоненты представлены в современных генофондах, рассчитывается автоматически и потому объективно. Каждый из предковых компонентов имеет свой основной географический ареал (где он составляет основную часть генофонда, нередко достигая 100%), ареал постепенного убывания (территории, в генофонде которых он составляет лишь небольшую часть) и ареал его практически полного отсутствия.

При анализе в масштабе мира, если задать число предковых компонентов равным трем ($k=3$), то выделяются африканский (Африка южнее Сахары), западно-евразийский и восточно-евразийский компоненты. При $k=4$ выделяется еще компонент, доминирующий у американских индейцев, но также составляющий половину генофонда Сибири (остальная часть сибирского генофонда приходится на восточно-евразийский и отчасти на западно-евразийский компоненты). При $k=5$ население Сибири приобретает свой собственный компонент, вбирающий основную часть сибирского генофонда. При $k=6$ население Сахула (австралийские аборигены и папуасы) приобретает свой собственный компонент.

Эта картина удивительно схожа (чтобы не сказать совпадает) с традиционной расовой классификацией. Ведь при $k=3$ мы видим деление на три большие расы - негроидов, европеоидов и монголоидов. При $k=4$ из состава монголоидов выделяются америнды, при $k=5$ оставшиеся монголоиды делятся на северных и южных. Небольшое отличие от антропологических классификаций состоит в том, что австралоидная раса приобретает свой собственный компонент лишь начиная с $k=6$, тогда как в традиционных расовых классификациях она имеет более высокий иерархический статус.

Возникает вопрос: достаточно ли констатировать совпадение новейших генетических данных с традиционными представлениями антропологов о больших расах, или же этот вопрос заслуживает более глубокого изучения? Мне представляется, что тут большое поле для совместной работы антропологов и генетиков и для совместного осмысления ее итогов. Как минимум, хотелось бы основывать утверждение о совпадении на результатах некоего статистически корректного анализа, а не только на узнавании антропологического образа в его геногеографическом отражении.