

Брачную стратегию наших предков оценили по древним геномам

Специалисты предложили метод, позволяющий по анализу древнего генома оценить, состояли ли в родстве родители этого индивида. Метод основан на оценке степени гомозиготности (runs of homozygosity, ROH). Оказалось, что в древние времена в популяциях разных регионов близкородственные браки были распространены реже, чем в наше время. Авторы также выявили изменения, вызванные увеличением размера локальных популяций с неолитическим переходом от охоты и собирательства к земледелию.

Палеогенетики из Института эволюционной антропологии Общества Макса Планка (Германия) предложили метод, позволяющий по анализу древних геномов оценить распространенность близкородственных браков в древних обществах, эта работа [опубликована в журнале Nature Communications](#). По данным, которые приводят авторы статьи, более 700 миллионов ныне живущих людей являются потомками родственников (двоюродных братьев-сестер или более близких), а в некоторых регионах частота таких союзов достигает 20-60%. Исторически документировано, что близкородственные браки были распространены в античном Египте, среди правителей инков, в королевских династиях Европы и др. Но насколько эта практика была принята в широких слоях общества у наших предков? Палеогенетика дает возможность это узнать.

Степень родства между родителями индивида определяют по показателю его гомозиготности (runs of homozygosity, ROH). Он основан на поиске одинаковых последовательностей на гомологичных хромосомах, доставшихся человеку от отца и матери. Чем больше таких фрагментов и чем они длиннее, тем в более близком родстве состояли его родители. До сих пор специалисты применяли этот метод только для современных индивидов. Использование его для анализа древних геномов ограничено тем, что большая их часть секвенирована с низким покрытием (менее 1X).

В данной работе исследователи предложили подход, который позволил преодолеть эту трудность, он дает возможность выявлять участки ROH длиннее 4 сМ (сантиморганид) в геномах, секвенированных с покрытием 0,3X. Свой метод исследователи применили к древним геномам 1785 индивидов, их данные были взяты из опубликованной глобальной базы по древней ДНК (Allen Ancient DNA Resource v42.4). Изученные геномы охватывают последние 45 тысяч лет в населении Старого и Нового света.

Для изучения древней ДНК специалисты применили два типа анализа. Во-первых, они искали длинные гомозиготные участки (ROH > 20 сМ и среди них ROH > 50 сМ). Наличие последних указывает на родство второй степени у родителей (двоюродные братья-сестры). Во-вторых, подсчитывали число коротких гомозиготных участков (ROH 4–8 сМ). Это дает фоновый показатель родства в среднем по популяции. Для сравнения те же подсчеты провели по 1941 геному современных индивидов из разных популяций (по базе Human Origins).

Неожиданно для исследователей, анализ показал, что количество длинных гомозиготных участков в древних геномах в целом невелико. Среди 1785 древних индивидов нашлось только 54 (3%) с ROH > 50 сМ, что указывает на родство родителей второй степени. Примечательно, что эти люди не были сконцентрированы в каком-то конкретном регионе или периоде, а были разбросаны во времени и в пространстве. Длина ROH, говорящая о родстве первой степени (545 сМ), найдена только у одного индивида из популяции Леванта медного века. Таким образом, заключение близкородственных браков в древние времена было довольно редким явлением.

Интересно, что анализ современных геномов выявил значительно большую долю длинных гомозиготных участков (у 176 из 1941 индивида). Причем, в то время как древние индивиды с длинными ROH не группировались по кластерам, среди современных авторы выделили несколько кластеров: Ближний Восток, Северная Африка, Центральная и Южная Азия и Южная Америка. Иными словами, в популяциях этих регионов часто встречаются близкородственные браки.

В некоторых регионах оказалось возможным построить временной срез распространенности близкородственных браков. Так, в Леванте среди современных индивидов соответствующие признаки найдены в геномах 30 из 102 человек; а среди древних – в геномах лишь 2 из 28 индивидов, относящихся к бронзовому веку, римскому периоду и средним векам. Другой пример – в Пакистане, также говорит о росте частоты близкородственных браков сегодня по сравнению с древними временами.

Вместе с тем, исследователи показали, что в древних геномах средняя длина гомозиготных участков снижается с переходом от охоты и собирательства к земледелию. Так, в восьми региональных группах Западной Евразии она падает с 13-66 сМ в группах охотников —собирателей до 0-9 сМ в группах земледельцев. В южноамериканских Андах падает с 55,4 сМ у охотников-собирателей до 17,9 сМ у земледельцев. То есть появление производящего хозяйства в неолите снижает частоту близкородственных браков. Это можно было бы объяснить повышением мобильности людей, но переход к земледелию вряд ли этому способствует, либо увеличением размера популяции, что снижает вероятность даже случайной встречи родственников при образовании пары. Поскольку ранее было показано, что неолитическая революция привела к росту численности населения, то, очевидно, причина именно в этом. На показатели гомозиготности влияют также и локальные особенности образа жизни: так, у кочевых скотоводческих племен евразийской степи (культуры ямная, афанасьевская,

синташта, окуневская, срубная) средний RОН выше (17 – 24 сМ), чем у европейских земледельцев (4,2 сМ).

По мнению авторов исследования, разработанный ими метод анализа степени гомозиготности в древних геномах подходит для того, чтобы отслеживать изменение демографии и брачной стратегии в разные периоды истории человека.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Harald Ringbauer et al., Parental relatedness through time revealed by runs of homozygosity in ancient DNA // Nature Communications (2021) 12:5425, <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25289-w>

[Статья в свободном доступе.](#)