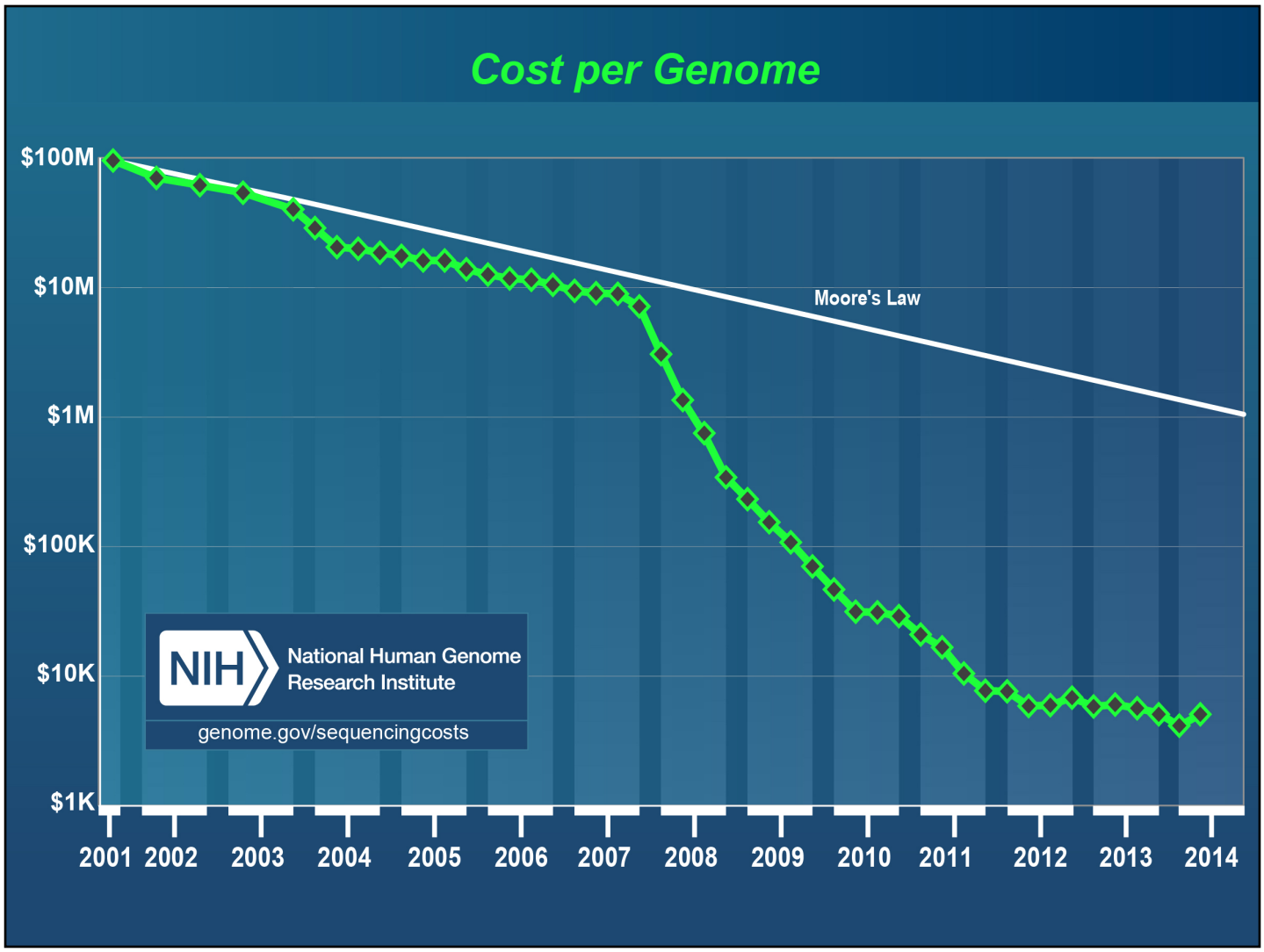
Гены в Новом свете

Александра Брутер. Опубликовано на сайте Полит.ру**.**

Проанализировав и сравнив геномы жителей Центральной и Северной Америки с геномами современного населения Европы и Африки, оксфордские ученые смогли прояснить некоторые темные моменты в истории заселения Нового Света. Статья об этом вышла в журнале ***Nature Communications*** **через неделю после того, как в журнале** ***Nature*** **вышла очень похожая статья, содержащая сделанные на основе анализа генетической информации выводы об истории заселения Великобритании.**

Популяционные генетические исследования последнее время переживают настоящий бум. Причина этого – резкое удешевление секвенирования (чтения последовательности) ДНК. В свое время Гордон Мур сформулировал эмпирический принцип для вычислительных машин (известный как закон Мура): каждый год вычислительная мощность (число транзисторов, которое можно разместить на одном кристалле) таких машин удваивается. Этот принцип еще совсем недавно любили люди, занимавшиеся секвенированием геномов. В их формулировке принцип звучал так: каждый год стоимость чтения тысячи пар оснований уменьшается вдвое. Это соотношение выполнялось до 2008 года, пока цена не начала падать со скоростью гораздо выше предсказанной.



Другая материалистическая особенность геномных исследований заключается в том, что приобретение дорогого прибора окупится тем быстрее, чем больше исследований будет проведено. Все это делает анализ и сравнение геномов популярным инструментом среди ученых.

Чтобы выяснить направление и масштабы миграции людей за последнее тысячелетие, нет необходимости секвенировать геномы целиком. Достаточно определенного набора SNP (однонуклеотидных полиморфизмов). Наличие характерного набора полиморфизмов определяет принадлежность к определенному гаплотипу. Набор SNP для определенного гаплотипа подбирается таким образом, чтобы вероятность рекомбинации (обмена частями хромосом) для него была минимальна. Это обеспечивает очень высокую вероятность того, что все обладатели одного гаплотипа имеют общего предка. По разным фрагментам генома человек может обладать разными гаплотипами.

Описываемое исследование касалось афро-американцев, живущих в США, и всего населения Центральной Америки: Барбадоса, Колумбии, Доминиканской Республики, Мексики, Пуэрто-Рико и Эквадора. Авторы обработали около двух с половиной тысяч геномов таких людей. Чтобы было с чем сравнивать, были обработаны еще полторы тысячи геномов людей, живущих в местах, из которых осуществлялась миграция в Америку: Европы, Китая и Африки.

В ходе исследования выяснились дополнительные подробности о ходе миграции, которые скрывались от взгляда ученых, имевших дело только с историческими источниками. Довольно очевидно, что предками белого населения в изучаемом регионе были испанцы. Примечателен тот факт, что жители разных областей Испании внесли разный вклад, потомков жителей некоторых областей и вовсе не удалось обнаружить среди населения Центральной Америки. При этом у чернокожего населения из всех европейских гаплотипов шире всего оказались представлены британские.

Особняком здесь стоит баскское наследство. Баски – ни на кого не похожий народ, живущий на северо-востоке Испании и на юго-западе Франции. Басков сейчас около 2,5 миллионов, их язык не похож ни на какие другие европейские языки, и, хотя генетически они не особенно выделяются на фоне остальных западноевропейцев. Историки, лингвисты и генетики до сих пор спорят об их происхождении, и какой-либо основной гипотезы нет. Миграция басков вместе с испанцами в Мексику, Перу, Колумбию и на Кубу в XVI – XVII веках была задокументирована, а теперь нашла подтверждение в генетических исследованиях. Баскские корни нашлись даже у майанского населения Центральной Америки.

Оказалось, что до сих пор возможно провести границу между испанскими колониями и всеми остальными, ориентируясь на генетические маркеры темнокожего населения. Дело в том, что рабов из Сенегала и Гамбии, представителей народа мандинка, завозили, в основном, испанцы. При этом рабов, принадлежащих к народу йоруба с территорий нынешних Нигерии, Того, Бенина и Ганы или к многочисленным племенам банту с территории нынешних Кении и Южной Африки, привозили все колонисты. Вклад народности мандинка в генотип мезоамериканцев в некоторых популяциях достигал 30%, а остальных западно-африканских народов иногда доходил и до 100%.

Жители Карибских островов оказались очень похожи друг на друга, и совсем не похожи на остальное мезоамериканское население. Возможно, это объясняется чисто физической изоляцией островов. При этом африканский вклад в геном на Карибских островах выше, чем на континенте. На Барбадосе он достигает 87%, а на континенте, например, в местах, где живут индейцы майя, равен нулю.

Кроме испанцев, басков и англичан, европейский вклад привнесли итальянцы с сицилийцами и французы. Соответствующие волны миграции хорошо задокументированы историками.

С помощью геномных исследований удается достаточно точно восстанавливать историческую картину развития событий и прояснять те детали, где историки сомневаются. Есть надежда, что с развитием технологий удастся проникнуть и в те эпохи, о которых молчат исторические источники.

Источник:

Unravelling the hidden ancestry of American admixed populations

Francesco Montinaro, George B.J. Busby, Vincenzo L. Pascali, Simon Myers, Garrett Hellenthal, Cristian Capelli

Nature Communications 6, Article number: 6596 doi:10.1038/ncomms7596 Published 24 March 2015