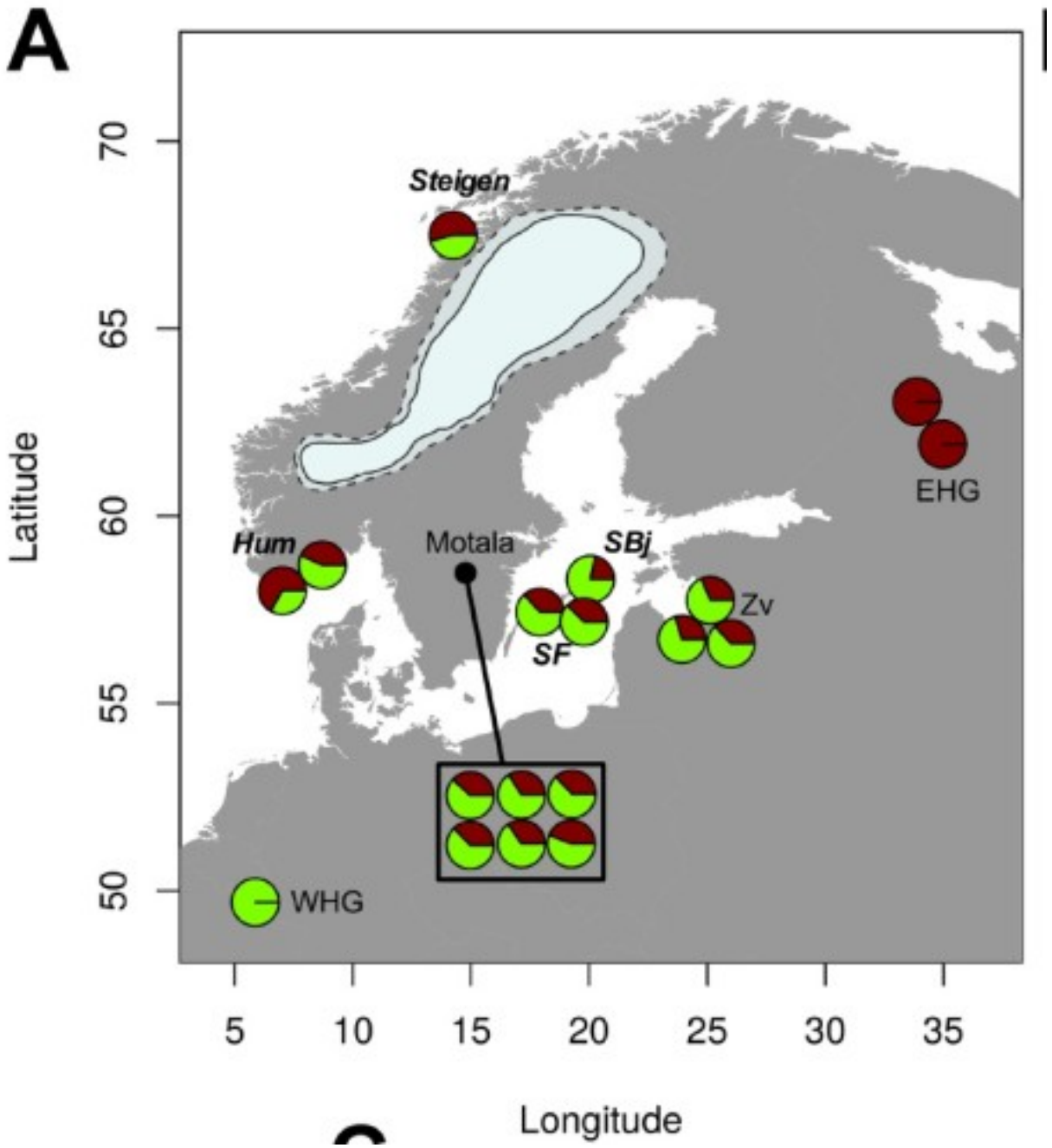
Люди заселили Скандинавию по двум путям

Секвенирование семи новых геномов охотников-собирателей из Скандинавии с учетом археологических и климатических данных позволили реконструировать пути постледникового заселения полуострова. Авторы исследования считают, что миграции проходили по двум путям: южному и северному. Миграция с юга принесла в Скандинавию генетический компонент западноевропейских охотников-собирателей, а миграция с севера – вдоль атлантического побережья Норвегии – генетический компонент восточноевропейских охотников-собирателей. В геномах древних жителей Скандинавии нашли также признаки генетической адаптации к высоким широтам.

В Европе, освобождающейся от ледяного щита после окончания последней ледниковой эпохи, Скандинавия была заселена в последнюю очередь. Археологические следы присутствия человека на атлантическом побережье севера Норвегии и на юге Скандинавии датируются временем около 11 тыс. лет назад, в это время центральная часть полуострова была еще покрыта льдом. Откуда пришли сюда люди и какими путями они достигли Скандинавии – эти вопросы до сих пор оставались нерешенными.

Данные археологии, климатологии и генетики допускают несколько вариантов постледниковых миграций на полуостров: с юга, с юго-востока, с северо-востока или комбинацию нескольких вариантов. Реконструировать наиболее вероятные пути заселения Скандинавии авторам статьи в журнале PLOS Biology помогло секвенирование семи геномов мезолитических охотников-собирателей из разных областей.

ДНК была извлечена из останков, найденных на юго-востоке Норвегии (Hum1, Hum2), в северной Норвегии (Steigen) и на островах Балтийского моря Стора-Карлсё и Готланд (SF9, SF11, SF12, и SBj). Их возраст составляет от 9500 до 6000 лет. Исследователи секвенировали геномы с разным покрытием – от 57.8x до 0.1x на геном (цифра указывает на число прочтений каждого нуклеотида). Четыре генома были прочитаны с покрытием больше 1x, наиболее детально прочитанный геном (с покрытием 57.8x) –SF12 с балтийского острова.



Древние геномы из Скандинавии на карте; геномы, изученные в данной работе, указаны курсивом. «Пироги» показывают в каждом образце долю западноевропейских охотников собирателей WHG (зеленый цвет) и восточноевропейских охотников собирателей EHG (коричневый цвет). Показан ледниковый щит, покрывавший внутренние области Скандинавии.

4 из 7 изученных геномов принадлежали мужчинам, 3 – женщинам. Все индивиды с запада и севера Скандинавии и один с востока Скандинавии (с островов) имели митохондриальную гаплогруппу U5a1, в то время как остальные индивиды с востока — U4a. Y-хромосомные гаплотипы были определены для 3 из 4 мужчин, все они принадлежали к гаплогруппе I2, обычной для Европы до неолита.

Данные по семи мезолитическим геномам проанализировали вместе с шестью ранее изученными мезолитическими геномами из Моталы, Швеция, и 47 древними геномами из разных частей Евразии, а также сравнили с геномами современных людей из 203 популяций.

На графике главных компонент (PCA), построенном по мезолитическим геномам, видно, что все геномы скандинавских охотников-собирателей (SHG) располагаются посередине между западноевропейскими охотниками-собирателями (WHG) и восточноевропейскими охотниками-собирателями (EHG) и близки к охотникам-собирателям из Латвии. Отсюда ясно, что генетически SHG образовались при смешении WHG и EHG.

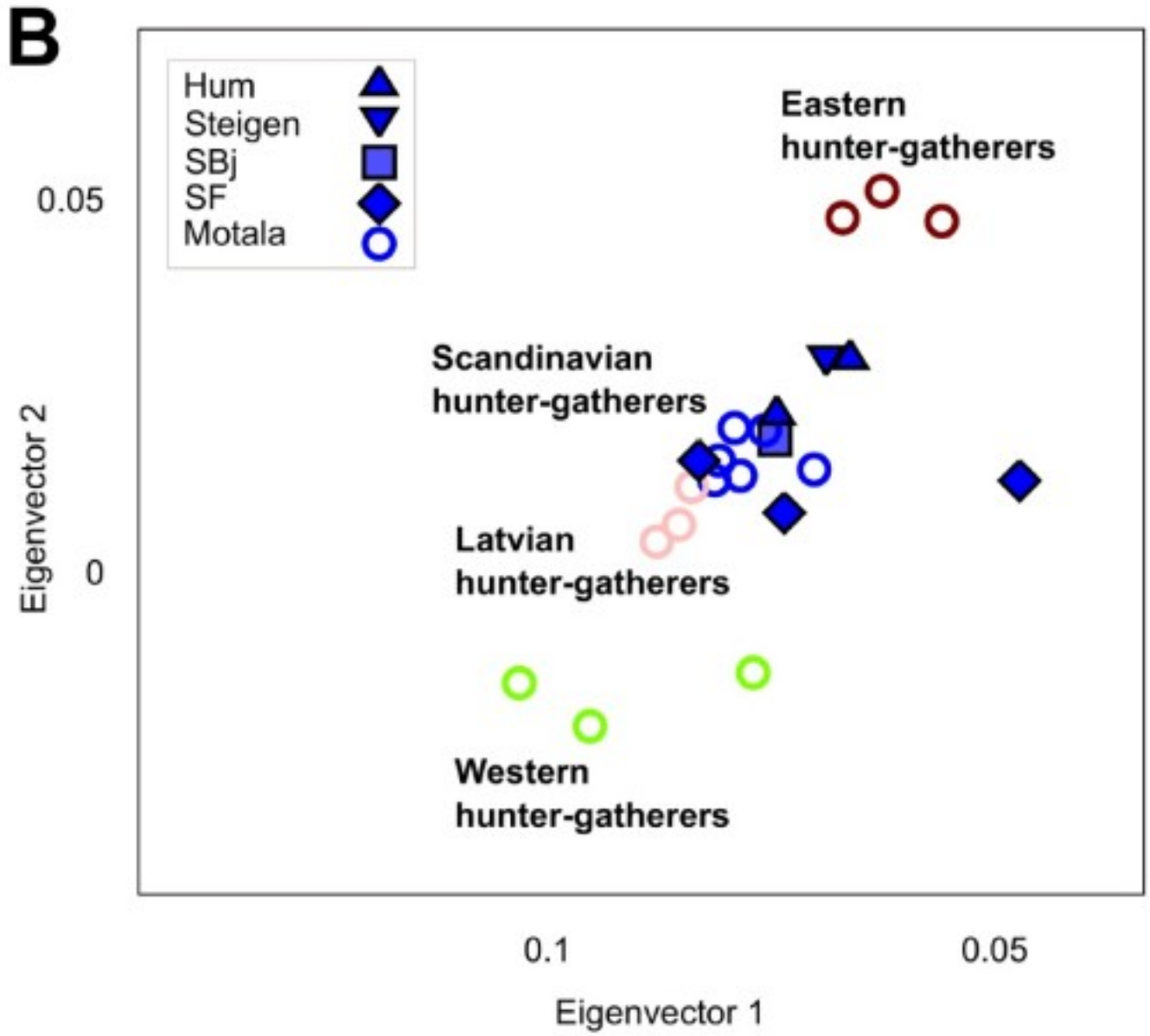
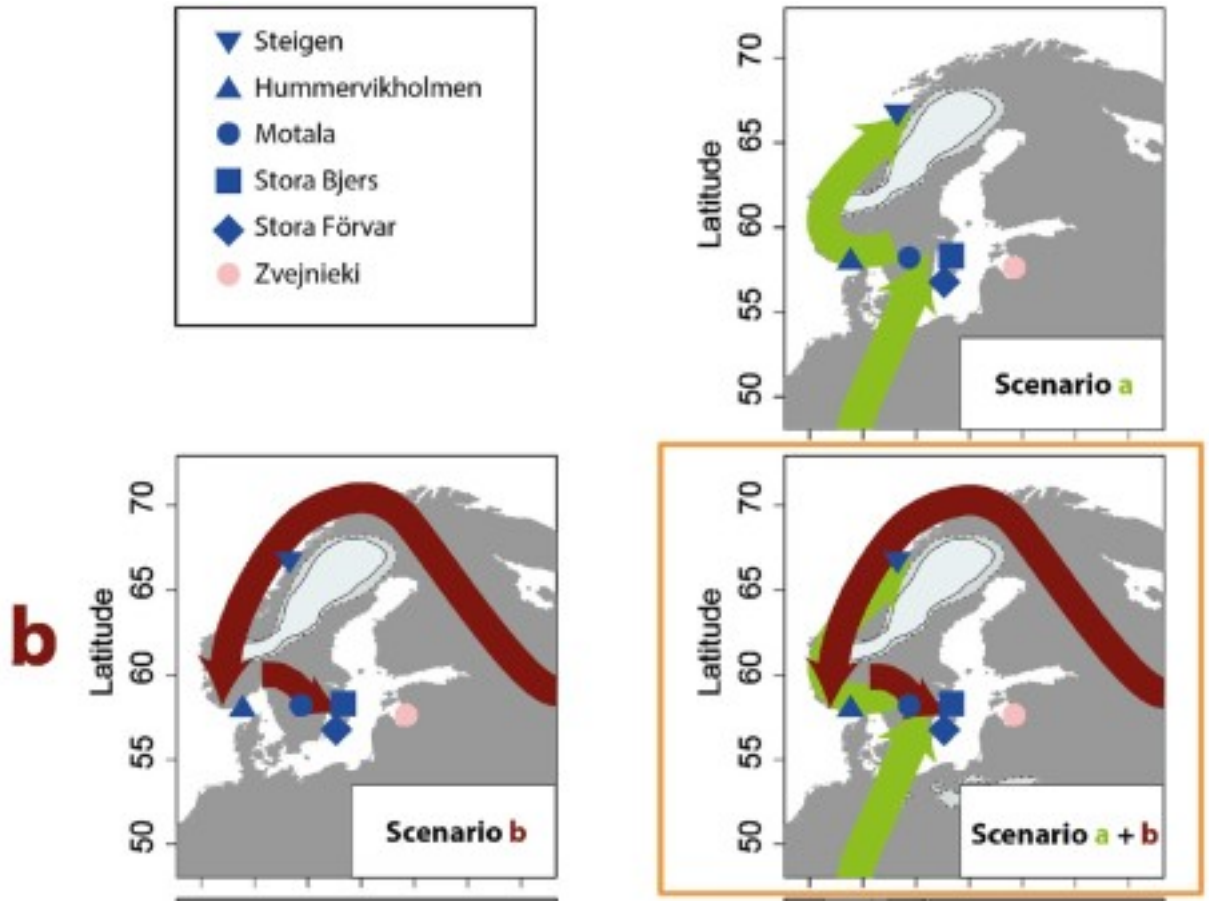


График анализа главных компонент по данным о мезолитических геномах.

Далее, когда авторы оценили доли генетических вкладов WHG и EHG в древних геномах из разных точек Скандинавии, выяснилась удивительная вещь. Индивиды с севера и запада Скандинавии оказались генетически более близки к восточноевропейским охотниками-собирателями, и в их геномах относительно выше доля генетического вклада от EHG. Напротив, индивиды с востока Скандинавии, а также из центральных областей (образцы Мотала) более близки к западноевропейским охотниками-собирателями, и в их геномах выше доля генетического вклада от WHG. То есть, генетический градиент направлен противоположно географическому положению. Доли WHG и EHG в геномах показаны на «пирогах» на карте (зеленый и коричневый цвета, соответственно). Эта же закономерность проявляется и при анализах ADMIXTURE и TreeMix.

Археологические данные говорят о присутствии человека на юге Скандинавии около 11 700 лет назад. По артефактам обнаруживается сходство мезолитических стоянок в Скандинавии с аренсбургской культурой в Северной и Центральной Европе (сходство технологии изготовления каменных орудий – путем скалывания пластин). Это указывает на возможность ее заселения с юга из Западной Европы, таким образом, эти мигранты принесли с собой генетический компонент WHG. С другой стороны, на севере Скандинавии около 10 200 лет назад возникает другая технология – отжима пластин, что указывает на миграцию с северо-востока. Именно эта миграция, считают авторы, принесла в Скандинавию генетический компонент EHG.

Таким образом, из нескольких вариантов заселения Скандинавии авторы статьи склоняются к варианту, в котором сочетаются южный и северный миграционные потоки (на рисунке это сценарий a + b).



Наиболее вероятный сценарий (в рамке) заселения Скандинавии – сочетание южного (зеленая стрелка) и северного (коричневая стрелка) миграционных потоков.

Южный поток миграции двигался на север, а северный – на юг вдоль побережья. Затем два потока встретились, частично перекрылись и генетически смешивались на протяжении какого-то времени. Это и привело к появлению генетического градиента в долях EHG и WHG в геномах мезолитического населения. Этот градиент впоследствии был размыт более поздними миграциями.

Описанные пути миграций подтверждаются и анализом стабильных изотопов N и C. Он выявил у северных и западных скандинавских охотников-собирателей преобладание диеты из морепродуктов, а у центральных и восточных – наземной и пресноводной диеты.

Мезолитические охотники-собиратели, мигрировавшие в Скандинавию, должны были приспособиться к жизни в высоких широтах – к низким температурам и сезонной смене освещенности – полярному дню и поляной ночи. Чтобы найти у древних скандинавов соответствующие генетические адаптации, исследователи сравнили их геномы с геномами современных жителей Северной Европы. Они обратили внимание на те участки генома, которые у древних и современных североевропейцев одинаковы, а у южных европейцев а тех же участках наблюдается разнообразие. Именно здесь, по мнению авторов, нужно искать гены-кандидаты адаптации к высоким широтам. Среди них ген *TMEM131,* который ассоциирован с чертами внешности и входит в систему адаптации к холоду. Также в этом списке несколько генов, связанных с метаболизмом, регуляцией сосудов и другими физиологическими особенностями.

Исследовали также частоту аллелей генов пигментации: *SLC24A5, SLC45A2* (связанных с цветом кожи) и *OCA2/HERC2* (связанных с цветом глаз). Частота аллелей в этих локусах — одна из наиболее различающихся в популяциях человека, это говорит о том, что отбор на цвет кожи и глаз происходил в ходе адаптации к природным условиям. У скандинавских охотников-собирателей все варианты этих генов, связанные с низкой пигментацией, встречаются с более высокой частотой, чем у WHG и EHG. Что касается, собственно, внешности скандинавских охотников-собирателей, то, как пишут авторы, они сочетали в себе светлую кожу с разнообразным цветом глаз – от голубых до светло-коричневых. Для сравнения, у западноевропейских охотников-собирателей преобладали голубые глаза и темная кожа, а у восточноевропейских охотников-собирателей — коричневые глаза и светлая кожа.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Population genomics of Mesolithic Scandinavia: Investigating early postglacial migration routes and high-latitude adaptation

Torsten Guenther et al.

PLOS Biology, Published: January 9, 2018

doi.org/10.1371/journal.pbio.2003703