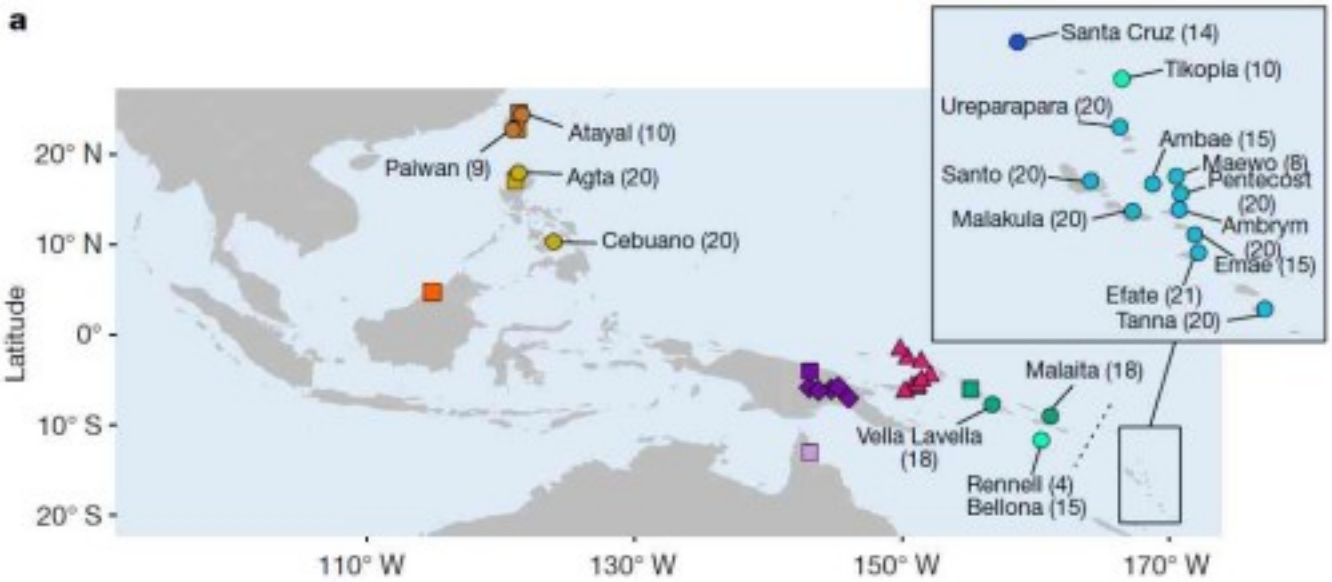
Геномная история заселения Океании

Проведено полногеномное исследование 317 индивидов из 20 популяций островов Тихоокеанского региона. Полученные данные указывают на заселение ближней Океании 35-40 тысяч лет назад. Заселение дальней Океании происходило сложнее, чем это представляет «тайваньская модель», оно включало несколько эпизодов смешения восточноазиатских групп с популяциями ближней Океании. Подтверждена высокая доля денисовских включений в геномах индивидов из популяций Тихоокеанского региона, причем в разных группах она отличается. Выявлены минимум два генетических потока от денисовцев, а метисация современного человека с обитавшим на Филиппинах *Homo luzonensis* остается под сомнением. Найдены сигналы отбора в генах адаптации к островной окружающей среде, некоторые из них были получены от денисовцев.

Тихоокеанский регион имеет важное значение в расселении человечества по планете, взаимодействии с древними видами человека и адаптации к окружающей среде. Вместе с тем демографическая история Океании изучена недостаточно. Считается, что регион ближней Океании, включающий Новую Гвинею, архипелаг Бисмарка и Соломоновы острова, был заселен вскоре после выхода из Африки, около 45 тысяч лет назад. Остальная часть Тихоокеанского региона, дальняя Океания – Микронезия, Санта Круз, Вануату, Новая Каледония, Фиджи и Полинезия стали обитаемы на 40 тысяч лет позже. Это связывают с распространением австронезийских языков и культурного комплекса Лапита, которое, согласно наиболее общепринятой гипотезе, началось на Тайване около 5 тыс. лет назад и через Филиппины и Индонезию достигло отдаленной Океании примерно 3,2 тыс. лет назад.

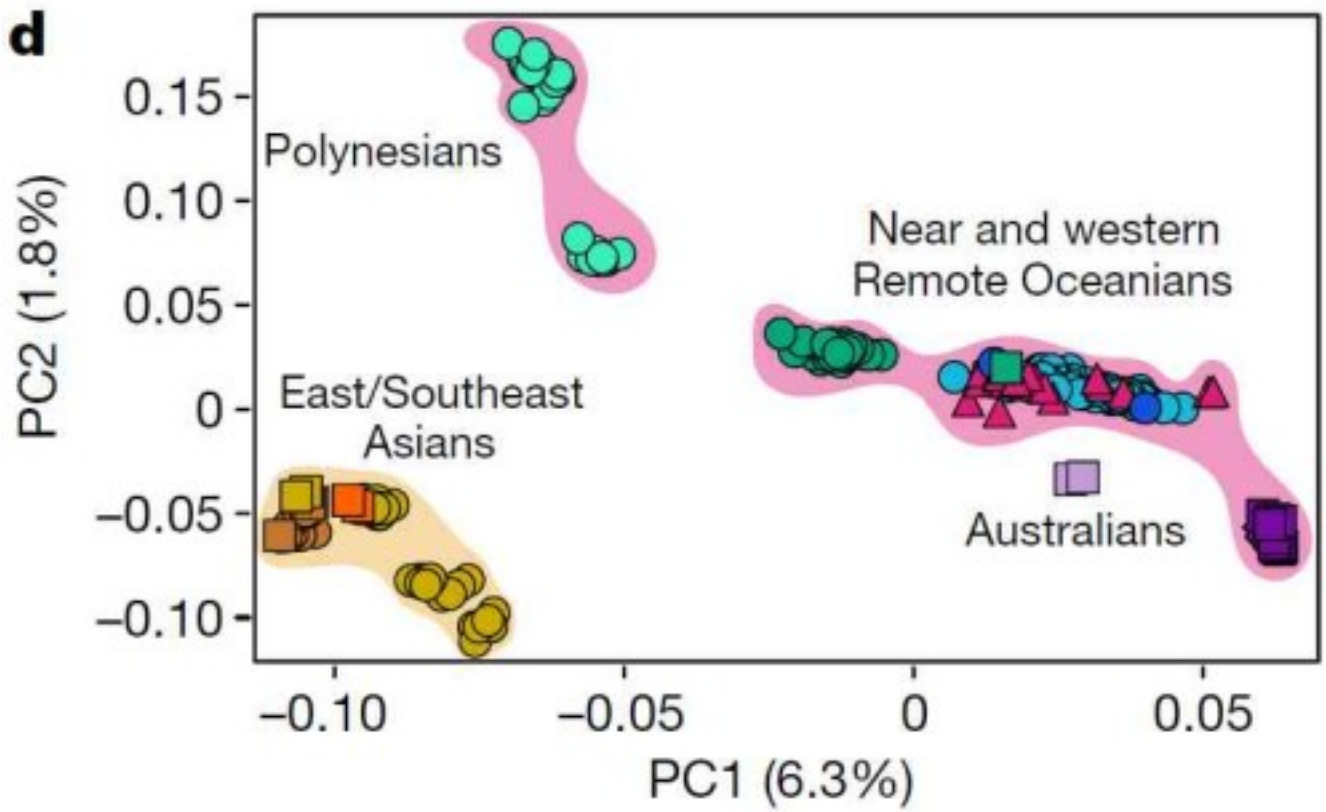
Для более точного понимания истории заселения и островной адаптации населения Тихоокеанского региона французские специалисты провели полногеномное исследование популяций Океании, его результаты опубликованы в журнале Nature, основные авторы статьи представляют Институт Пастера и CNRS. В этой работе секвенировали геномы 317 человек из 20 популяций, которые представляют собой географический срез по ближней и дальней Океании. Это популяции Тайваня, Филиппин, островов Бисмарка, Соломоновых островов, островов Санта-Круз и Вануату. Геномы были секвенированы с покрытием 36x, проанализировано более 35 миллионов SNP. Вместе с другими современными и древними геномами общая база для анализа составила 462 генома, включая 355 из Тихоокеанского региона.



Географическое положение изученных популяций. Во врезе показаны популяции островов Санта-Круз, Вануату и полинезийцев.

Обозначения популяций.

Анализы главных компонент, ADMIXTURE и метод генетических расстояний показали, что популяционную изменчивость в популяциях Океании можно разложить на четыре генетических компонента: (1) Восточная и Юго-Восточная Азия; (2) Папуа Новая Гвинея; (3) Острова Бисмарка, Соломоновы острова и Вануату; (4) Полинезия.



Анализ главных компонент по геномным данным популяций Тихоокеанского региона и Восточной Азии.

Для изучения истории заселения Океании авторы использовали несколько демографических моделей. Используя величину скорости мутаций для человека, они вычислили, что это заселение началось 30-45 тыс. лет назад, несколько позже, чем считали ранее. На раннем этапе (около 39 тыс. лет назад) произошло отделение популяций Папуа Новая Гвинея от популяций островов Бисмарка и Соломоновых. Последние разделились между собой около 20 тыс. лет назад. Филиппинцы и полинезийцы разошлись около 7,3 тыс. лет назад. Предки населения Вануату менее чем 3 тыс. лет назад получили поток генов с островов Бисмарка, от групп, родственных папуасам, и эти переселенцы заместили локальные группы, связанные с культурой Лапито. Модель показала, что вслед за заселением последовала генетическая изоляция между разными архипелагами; это говорит о том, что мореплавание и навигация в эпоху плейстоцена были возможны, но ограничены.

Исследование не подтверждает тайваньскую модель заселения дальней Океании, согласно которой ее заселение началось с неолитической экспансии с Тайваня около 5 тыс. лет назад. Новые данные говорят о том, что восточноазиатские предки тихоокеанских популяций отделились от коренных жителей Тайваня гораздо раньше. В популяциях дальней Океании восточноазиатский генетический компонент был унаследован от смешанных по происхождению популяций ближней Океании. Оценив время смешения между населением ближней Океании и восточноазиатскими популяциями, используя байесовский подход, авторы пришли к выводу, что самый древний поток генов из Восточной Азии случился 3,6 тыс. лет и 2,5 тыс. лет назад для островов Бисмарка и Соломоновых, соответственно. Это говорит о том, что экспансия австронезийских языков не была связана с ранними этапами заселения региона, носители этих языков пришли сюда уже на поздней стадии. Авторы пришли к выводу, что генетическое смешение с популяциями ближней Океании происходило не одним эпизодом, а несколько раз.

Население Тихоокеанского региона отличается значительным вкладом неандертальской и денисовской ДНК в свой геном. Авторы подтвердили это, используя анализ главных компонент, D-статистику и f4-статистику. Анализ показал, что неандертальские включения в геном не сильно отличаются по величине в разных популяциях (2,2-2,9%). Вместе с тем денисовские включения значительно различаются между популяциями (от 0 до 3,2%) и коррелируют с величиной вклада в геном компонента Папуа Новая Гвинея. Максимальный денисовский вклад отмечался в популяциях Восточной Азии, Тайваня, у филиппинцев себуано и полинезийцев.

Генетики пришли к заключению, что папуасы Новой Гвинеи получили два различных потока денисовских генов. Первый — около 46 тыс. лет назад от линии, которая отделилась от алтайских денисовцев 222 тыс. лет назад. Второй – около 25 тыс. лет назад от линии, отделившейся от алтайских денисовцев 409 тыс. лет назад. Эта модель больше соответствовала данным, чем предыдущая, согласно которой оба потока генов от денисовцев получены около 46 тыс. лет назад.

Не так давно было показано, что на Филиппинах обитал еще один вид древнего человека *Homo luzonensis.* Этот факт побудил генетиков к поиску и его возможных следов в современном геноме. Они отфильтровали неандертальские и денисовские гаплотипы из всех фрагментов генома древнего происхождения и получили в остатке 59 древних гаплотипов, составляющих в сумме 4 Mb. Около 1 Mb из этих последовательностей, как предполагают авторы, могли бы быть получены из генома *Homo luzonensis.* Но возможно и то, что эти люди были генетически сходны с неандертальцами либо денисовцами, и их генетическое наследие отследить невозможно.

Авторы исследовали вопрос адаптивности древних включений в геном жителей Океании. Для неандертальских сегментов признаки адаптивности найдены в генах, связанных с метаболизмом, иммунной системой, развитием центральной нервной системы и пигментацией. Что касается денисовских включений, то сигнал их адаптивности обнаружен в генах иммунитета и генах метаболизма. Возможно, денисовские последовательности обогащали геном современного человека аллелями устойчивости к патогенам. В целом, исследование показывает, что метисация современного человека с древними видами людей была довольно обычным явлением в Тихоокеанском регионе.

Наконец, в геномах жителей Океании ученые исследовали признаки их адаптации к островной среде. Они нашли 44 сигнала естественного отбора в разных генах (среди них был один генетический вариант, полученный от денисовцев). Наиболее сильные сигналы отбора несли ген, связанный с вынашиванием беременности, и ген, связанный с индексом массы тела и уровнем холестерина высокой плотности. У жителей Соломоновых островов под сильным отбором оказались ген, регулирующий клеточный ответ на ограничение питания, и ген, связанный с артериальным давлением.

Среди популяций с высоким генетическим вкладом Восточной Азии обнаружены 29 сигналов отбора, в том числе в аллеле непереносимости алкоголя и гене, связанном с долгожительством в японской популяции. Найден также сильный сигнал в гене, связанном с липидным профилем и защитой от лихорадки денге – считают, что он был получен от неандертальцев. Отмечен также вариант, связанный с толщиной макулы – желтого пятна на сетчатке, и обеспечивающий острое зрение, он достигает 80% у полинезийцев. Тот факт, что некоторые из адаптивных генетических вариантов унаследованы от древних видов, проясняет важность древних интрогрессий в геном как ресурса адаптации современного человека.

В общей сложности в работе выявлено более 100 тысяч не описанных ранее генетических вариантов, которые встречаются в популяциях Океании с частотой более 1% и ожидаемо должны влиять на фенотипические черты, в том числе связанные с различными заболеваниями. Дальнейшие геномные исследования в Тихоокеанском регионе позволят лучше понять причинную связь между генетическими адаптациями в прошлом и сегодняшними рисками для здоровья. Они будут полезны для трансляции генетических данных в медицину.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Jeremy Choin, Javier Mendoza-Revilla, Lara R. Arauna et al. Genomic insights into population history and biological adaptation in Oceania // Nature. 2021 Apr 14. doi: 10.1038/s41586-021-03236-5.

https://www.nature.com/articles/s41586-021-03236-5