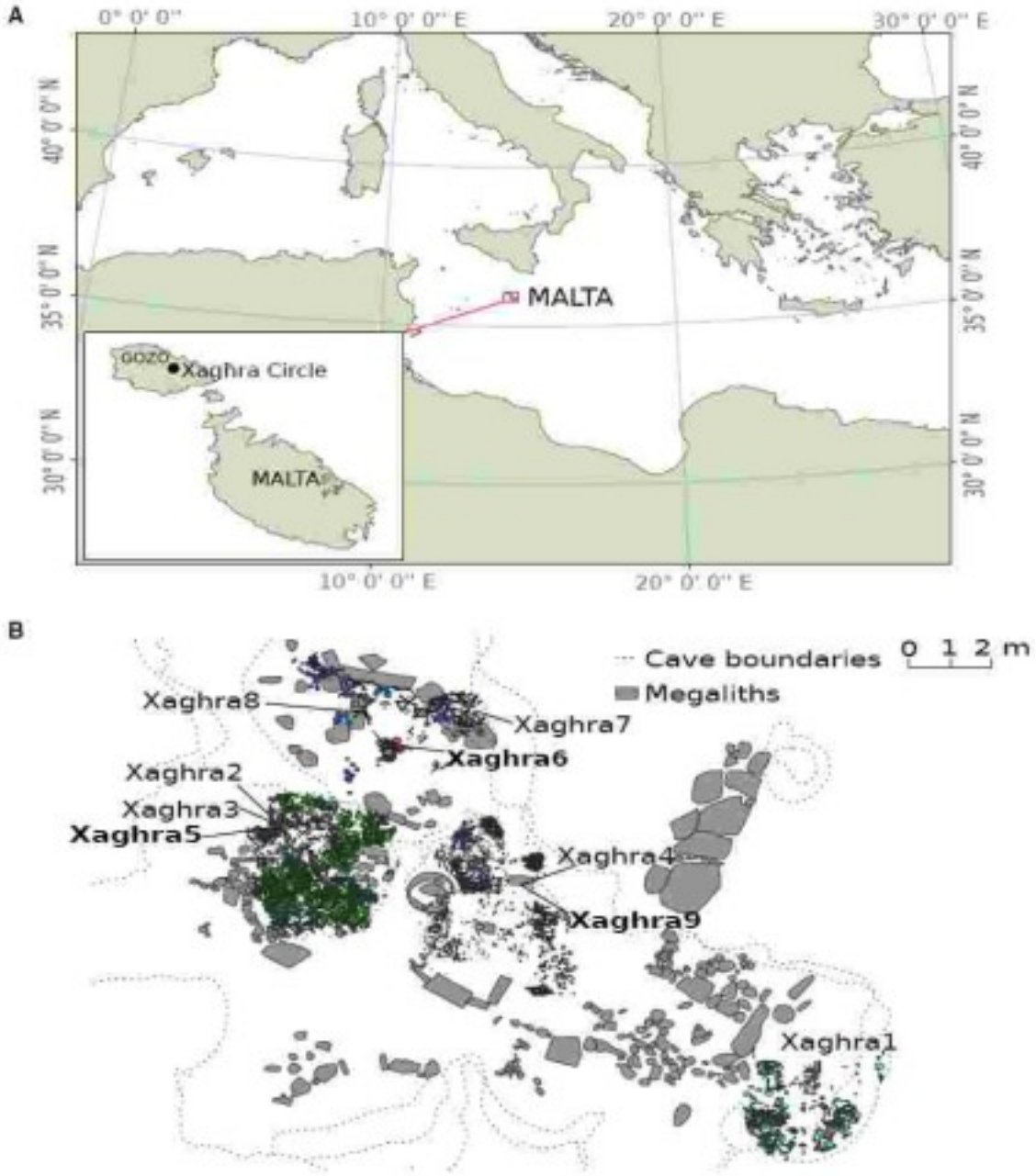
Древние геномы с Мальты продемонстрировали роль моря в формировании генетического ландшафта

Исследование древних геномов с Мальты эпохи позднего неолита показало, что мальтийская популяция, как и другие островные популяции, испытала длительный период генетической изоляции, что привело к повышению гомозиготности и инбридингу. Авторы продемонстрировали, что генетический ландшафт неолитической Европы довольно точно отражает географическую карту. В процессе миграций людей в неолите морские пространства играли, скорее, барьерную роль, чем роль транспортных путей, и в итоге способствовали геномной дифференциации.

При реконструкции истории народонаселения специалисты рассматривают море либо как барьер для генетических потоков между популяциями, либо, напротив, как морской путь для межпопуляционных контактов. Чтобы разобраться в этой проблеме, палеогенетики изучили древние геномы эпохи позднего неолита с острова Гоцо Мальтийского архипелага. Статья с результатами этой работы опубликована в журнале Current Biology.

Мальта – один из регионов Европы, заселенных в последнюю очередь. Первые поселения людей возникли здесь лишь в неолите, в шестом тысячелетии до н.э. Островное население отличалось культурными особенностями, так, начиная с 3600 годов до н.э., керамика и архитектура приобретают другие черты, например, появляются многокамерные захоронения, вмещающие несколько сотен человек. Пример такого монументального захоронения — Xagħra circle (Круг Брошторффа), подземный храм на мальтийском острове Гоцо.

Предметом исследования стали геномы индивидов, захороненных в Круге Брошторффа. Из-за неблагоприятного для ее сохранности климата ДНК, пригодную для анализа, удалось извлечь из останков трех (из девяти) индивидов. Геномы секвенировали шотган методом с покрытием 1,24x, 0,98x и 7,52x.



Расположение Мальтийского архипелага и схема захоронения Xagħra circle (Круг Брошторффа) (Ariano et al., 2022).

По результатам генетического анализа мальтийские индивиды позднего неолита оказались наиболее близки к популяциям раннего неолита из Италии и Греции. Ранее было показано, что в геномах европейского неолита различается уровень компонента западных охотников-собирателей (WHG), причем его доля повышается с течением времени. Мальтийские геномы продемонстрировали самую низкую долю компонента WHG среди всех геномов позднего неолита.

С учетом ранее опубликованных данных авторы суммарно проанализировали 271 неолитический геном и 86 геномов охотников-собирателей Западной Евразии. Большое внимание они уделили оценке степени гомозиготности по методу ROH (runs of homozygosity). По числу длинных гомозиготных фрагментов мальтийские геномы среди всех европейских неолитических оказались на втором месте (на первом месте геномы из ирландского захоронения Newgrange10). Это говорит о высоком коэффициенте инбридинга, который подразумевает частые близкородственные браки. Такой вывод подтверждается и напрямую – среди индивидов обнаружен один потомок от родственников второй степени родства.

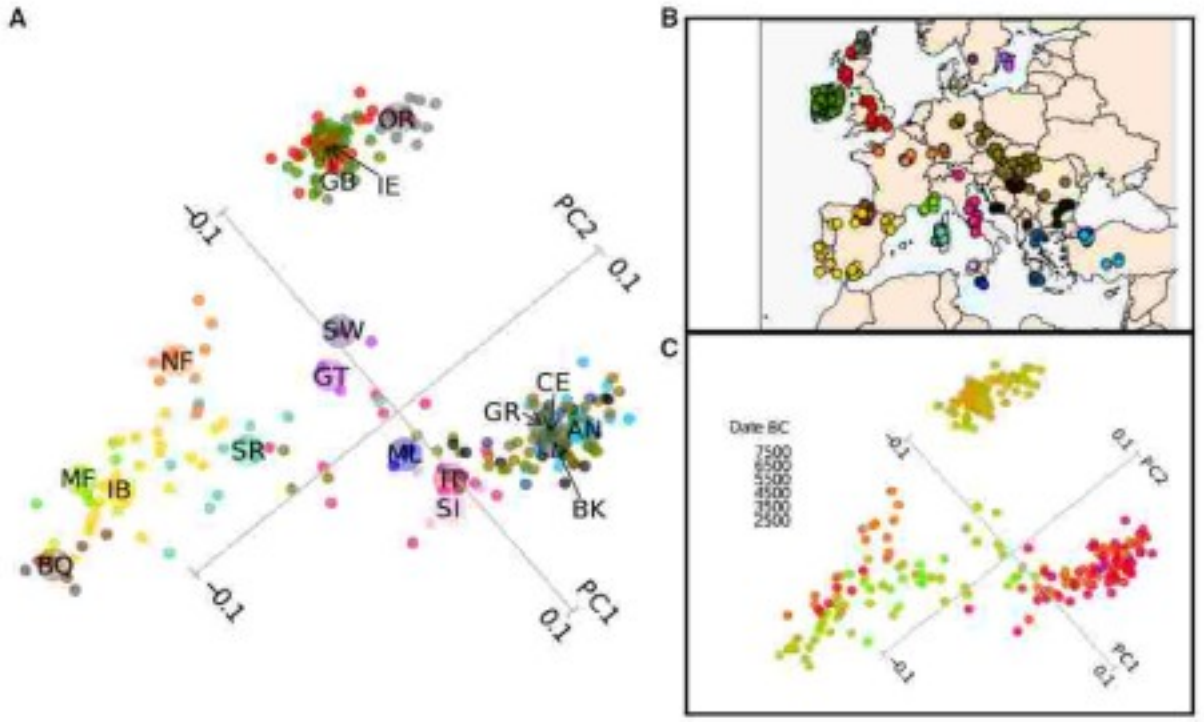
Авторы полагают, что высокая степень гомозиготности мальтийских геномов – это результат как недавнего инбридинга, так и исторически малого размера популяции. По анализу гомозиготных фрагментов они оценили ее численность в 515 человек. О размере популяции можно судить и на основании другого метода — анализа — фрагментов генома общего происхождения (IBD сегментов). Из подсчета числа и длины таких фрагментов генетики получили оценку численности популяции в 382 человека.

Итак, налицо все признаки длительной (по меньшей мере 400 лет) изоляции островной мальтийской популяции малой численности. Авторы отмечают, что у наиболее поздних индивидов (2450 лет до н.э.) наблюдаются признаки, говорящие об ухудшении питания. Причиной того, по-видимому, был длительный тренд на повышение засушливости климата и истощение почвы, начавшийся 5500 до н.э. Соотношение возрастов и полов в захоронении говорит о высокой детской смертности и относительно равном гендерном балансе в популяции.

Судя по археологическим данным, внешние контакты мальтийской популяции имели место (предметы из завезенного обсидиана и некоторых друг их материалов), но не достигали большого объема. Характер островного земледелия и скотоводства не обнаруживает внешних влияний.

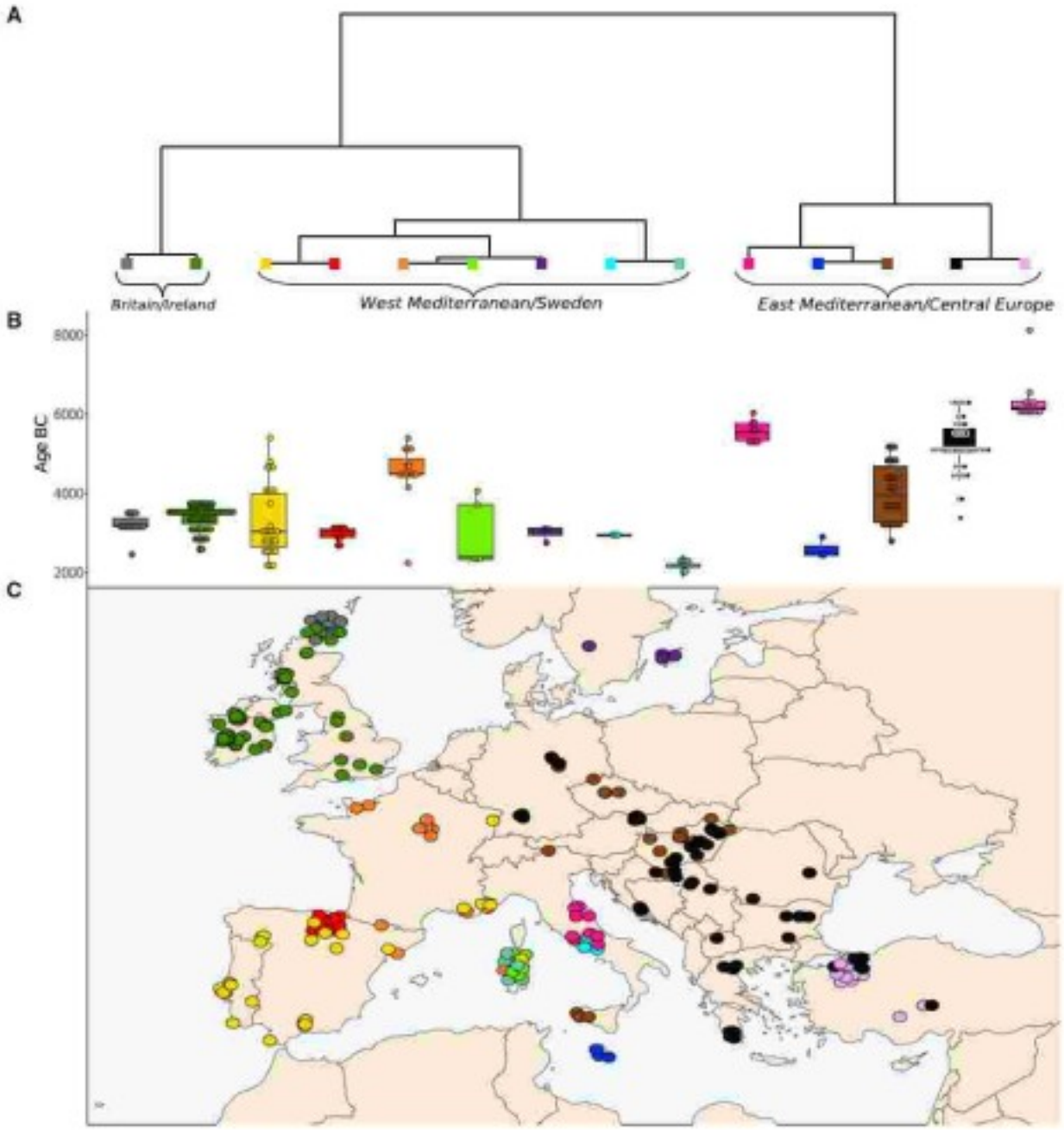
Методом анализа IBD сегментов (общего происхождения) в геномах авторы сравнили несколько европейских неолитических популяций, как островных, так и материковых. По средней длине IBD сегментов, общих между членами одной популяции, Мальта оказалась на первом месте, следом идут неолитические популяции шведского острова Готланд в Балтийском море и Оркнейских островов (архипелага в Шотландии). При сравнении IBD сегментов между популяциями баски оказались близки к Испании, жители Ирландии — к Великобритании, северная Франция – к средиземноморской Франции, Мальта – к Италии и Сардинии. То есть близость по этому показателю отражает географическую близость и историю заселения островов и других изолированных регионов.

По данным сравнения IBD сегментов провели анализы главных компонент, ChromoPainter и fineSTRUCTURE, основанные на анализе гаплотипов. Все эти методы продемонстрировали, что генетический ландшафт неолитического населения Европы довольно точно отражает географию.



А. График анализа главных компонент, построенный по данным IBD анализа (по длине IBD сегментов). Цвет точек отражает регион. В. Географическое положение образцов. С. Анализ главных компонент тех же образцов, но цвет зависит от датировки (Ariano et al., 2022).

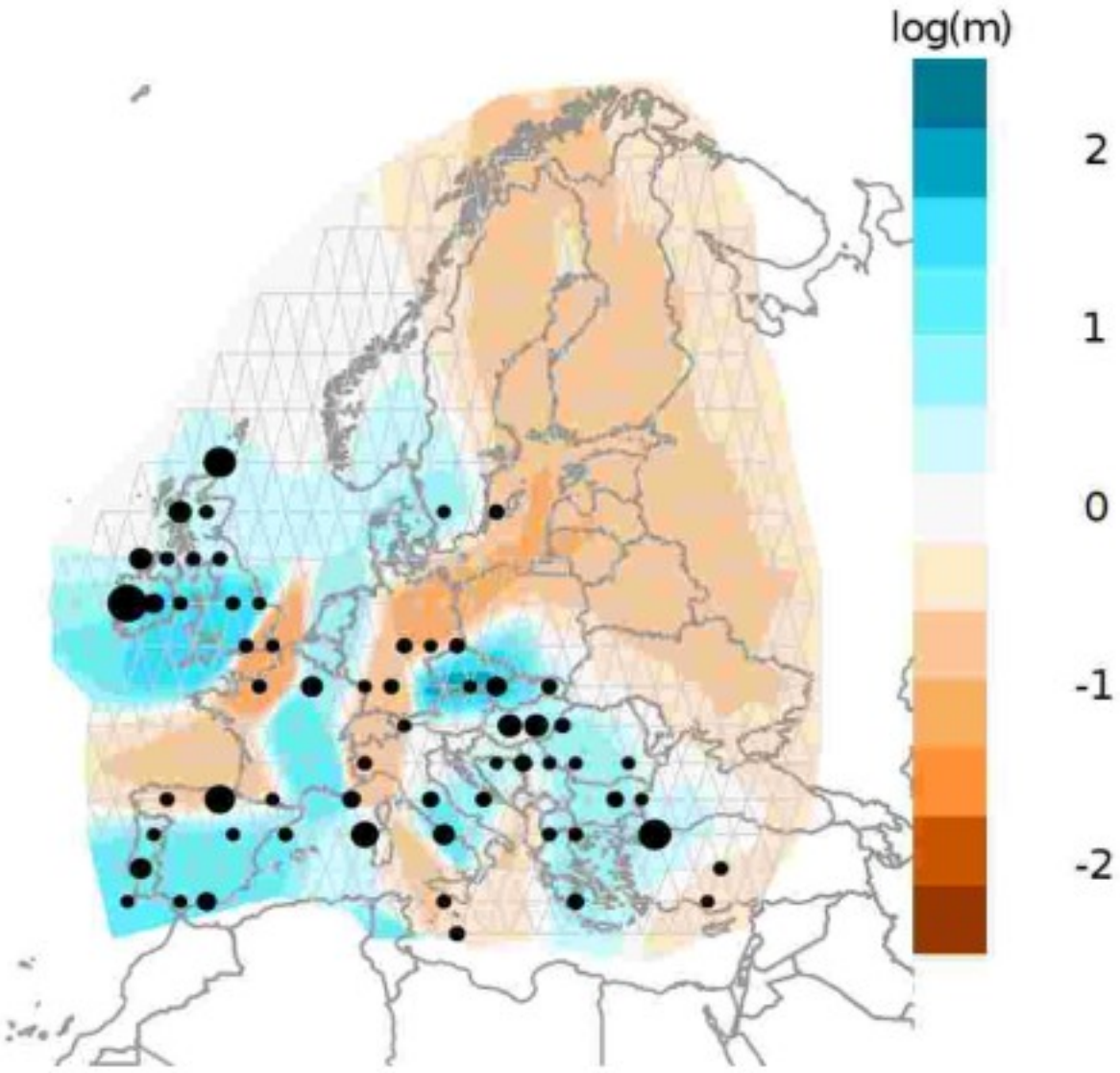
Результаты всех методов выявили сходную картину. Они показали существование трех кластеров: первый – западное Средиземноморье, включая Иберию, Францию и Сардинию; второй – восточное Средиземноморье, включая Грецию, Балканы и Анатолию, и Центральную Европу; третий – Британию и Ирландию. Образцы, находящиеся между географическими регионами, расположились также между генетическими кластерами.



А. Дерево, построенное по анализу fineSTRUCTURE для европейских неолитических популяций. Основные ветви: Британия/Ирландия, Западное Средиземноморье, Восточное Средиземноморье. Образцы с Мальты группируются с неолитическими образцами из Италии и Центральной Европы. В. Показан возраст (в годах до н.э.) для каждой группы. С. Расположение образцов, цвет соответствует цвету группы по анализу fineSTRUCTURE (Ariano et al., 2022).

Как отмечают авторы, неолитические популяции перемещались по Европе по двум основным путям. Один путь был сухопутным – миграции в Центральную Европу; другой – вдоль средиземноморского побережья, предполагал морские перемещения. Анализ выявил контрастные генетические итоги этих двух процессов. Между индивидами Центральной Европы и исходными для них популяциями Балкан и Анатолии генетические различия минимальны; вместе с тем налицо генетическая дифференциация между западным и восточным Средиземноморьем.

Для уточнения этого вопроса применили еще один метод — EEMS, метод оценки пространства эффективных миграций и генетических барьеров неолитической Европы. На карте зоны эффективных миграций (зоны генетического обмена) показаны голубым цветом, а генетические барьеры – коричневым. Авторы отмечают коммуникационный коридор между Анатолией, Балканами и Центральной Европой и вместе с тем восточно-западные барьеры в Средиземноморье, альпийском регионе и далее к северу.



Оценка пространства эффективных миграций в неолите методом EEMS. Голубые зоны обозначают регионы эффективного генетического обмена, коричневыми тонами обозначены генетические барьеры. Точки указывают на местоположение образцов, размер зависит от числа образцов (Ariano et al., 2022).

Возвращаясь к вопросу о том, какую роль в перемещениях людей в неолите играли морские пространства, авторы предполагают, что они в большей степени разделяли группы людей, чем связывали. Море служило, скорее, для замедления, чем для ускорения генетического обмена. Заселение островов сопровождалось их изоляцией, что по механизму генетического дрейфа вело к геномной дифференциации в неолите. Результатом этого явления стала генетическая изоляция островных популяций, приводящая к повышению гомозиготности и инбридингу, что видно на примере Мальты, Готланда и Оркнейских островов.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Bruno Ariano et al. Ancient Maltese genomes and the genetic geography of Neolithic Europe // Current Biology, 2022, 32, 1–13, June 20, https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.04.069

текст статьи в свободном доступе