

Две составные части генофонда индейцев

[Надежда Маркина](#), [Олег Балановский](#)

Геном образца из Сибири эпохи верхнего палеолита пролил свет на генетическую историю палеоамериканцев

Секвенировав геном мальчика с верхнепалеолитической стоянки Мальта, близ Байкала, исследователи выявили два потока генов, внесшие вклад в геном предков коренного населения Америки.

Секвенированный геном мальчика с позднепалеолитической стоянки Мальта, близ озера Байкал, возрастом 24 тысячи лет, помог уточнить детали генетической истории первых поселенцев Америки. Это результат работы международной команды, в которую входили исследователи из Дании (Университет Копенгагена), Швеции (Университет Упсалы), США (Техасский университет, Калифорнийский университет, Университет Чикаго), Эстонии (Тартусский университет) и России (Медико-генетический научный центр РАМН, Институт общей генетики РАН, Институт цитологии и генетики СО РАН в Новосибирске, Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, Северо-Восточный федеральный Университет в Якутске) и др. Результаты их работы [опубликованы в журнале Nature](#).

Части скелета под именем МА-1, принадлежащего мальчику со стоянки Мальта, расположенной на реке Белой близ озера Байкал, находились в коллекции музея Эрмитаж в Санкт-Петербурге. Мальта — это одна из самых известных стоянок человека позднего палеолита, место множества археологических находок. Например, именно там были найдены 30 «палеолитических Венер» — скульптурных женских изображений.



Географическое расположение стоянок Мальта (красный треугольник) и Афонтова гора (красный кружок) в Юго-Восточной Сибири...

Исследователи секвенировали митохондриальную ДНК (мтДНК), Y-хромосому и получили черновой вариант полного генома из образца МА-1. Полученные результаты они с применением разных методов сравнили с ДНК современных популяций человека. И вот что у них получилось.

Генетический портрет мальчика из Мальты

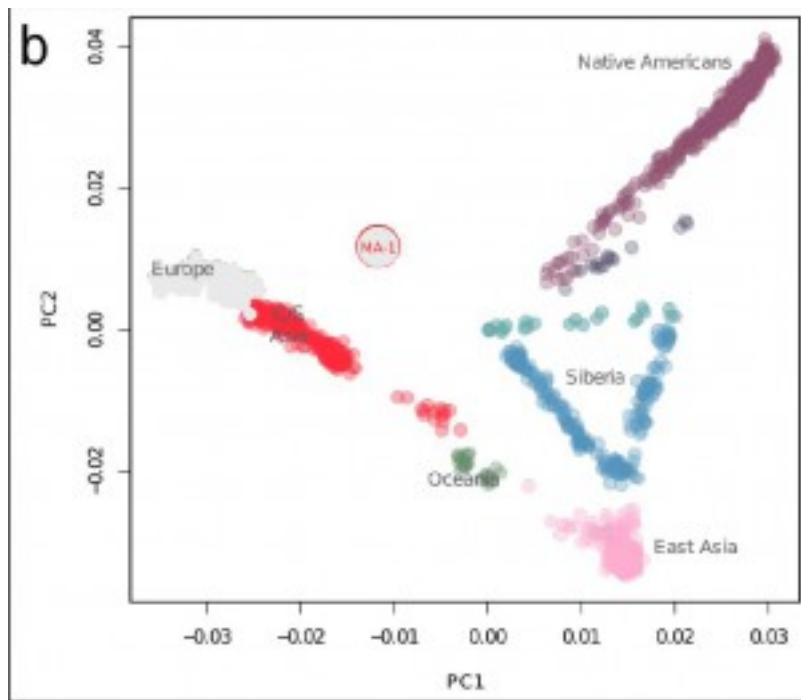
МтДНК образца МА-1 принадлежала к гаплогруппе U. По накопленным данным по древней мтДНК, эта гаплогруппа с высокой частотой (>80%) встречалась у европейских охотников-собирателей верхнего палеолита и мезолита. Это подсказало ученым вывод о том, что между Европой и Сибирью в эпоху верхнего палеолита существовал поток генов. Этот вывод согласуется с результатами изучения морфологии зубов мальчика со стоянки Мальта, проведенного три десятилетия назад. В современных популяциях гаплогруппа U распространена на обширных территориях, включая Ближний Восток, Южную и Центральную Азию, Западную Сибирь и Европу. В то же время она редка в том месте, где был найден палеолитический мальчик. При этом его мтДНК ученые не смогли отнести ни к одной из известных в настоящее время субклад гаплогруппы U.

Y-хромосому из образца МА-1 ученые отнесли к базальной линии гаплогруппы R, которая в наше время распространена в пределах западной Евразии, Южной Азии и также на Алтае и в Южной Сибири. Ее сестринская линия, гаплогруппа Q, распределена по нескольким популяциям Сибири, доминируя в генофонде кетов и селькупов (малочисленные коренные народы Сибири). Что важно, гаплогруппа Q доминирует у американских индейцев, и линии Q, близкие к индейским линиям, найдены на южном Алтае.

Реконструкция генетической реки в Америку

Для сравнения генотипа МА-1 с современным генофондом исследователи применили метод анализа главных компонент, используя генетическую базу популяций по всему миру. Оказалось, что по генетическому профилю палеолитический мальчик со стоянки Мальта имеет сходство с современным населением Западной Евразии и с современными индейцами, но далек от

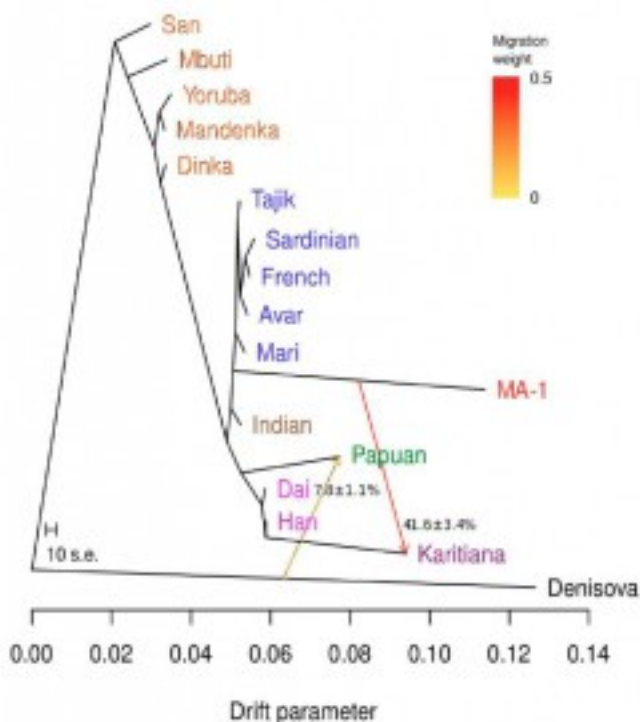
современных популяций Восточной Азии.



Метод анализа главных компонент...

Откуда взялся неожиданный европейский след в геноме мальчика из Мальты? Исследователи стали разбираться. Найденные у него линии мтДНК и Y-хромосомы, хотя и принадлежат к панъевропейским гаплогруппам, не встречаются в современных популяциях. Этот факт, подтвержденный данными проекта «1000 геномов», говорит о том, что европейский след не есть результат контаминации (загрязнения) древней ДНК современной ДНК. Ученые даже секвенировали геном сотрудника, выделявшего ДНК, и сравнили его с древним геномом, чтобы окончательно исключить возможность контаминации.

Раз европейский след это не контаминация современной ДНК, значит, это результат происходивших в прошлом эпизодов генетического смешения популяций Старого и Нового Света. Для реконструкции таких эпизодов исследователи применили несколько методов, в том числе программу *TreeMix* и *f*-статистику. Помимо генетических данных популяций коренного населения Америки (индейцев) и европейских популяций для сравнения они использовали ДНК денисовского человека.



Реконструкция вероятного родства 15 современных и 2 древних геномов...

При построении таких деревьев родства популяций программа требует указать количество допустимых слияний ветвей. В данном случае разрешено не более двух слияний.

Анализ показал, что все 48 изученных популяций коренного населения Америки в одинаковой степени сходны с МА-1. Наиболее показательна в этом отношении, считают ученые, популяция индейцев каритиана, живущих в Бразилии. В их генофонде 62-86% генов имеют восточноазиатское происхождение, а 14-38% — это гены западноевразийских предков; добавляя же в анализ популяцию Мальта, оказывается, что почти половина (42%) генофонда каритиана могла прийти оттуда. Исследователи попытались реконструировать эпизоды смешения генов в истории генофондов Старого и Нового Света. И пришли к выводу, что большую роль играли потоки генов между палеолитическими популяциями, родственными МА-1, предками коренных американцев и западными евразийцами.

Авторы статьи считают, что популяции, родственные современным западным евразийцам, в прошлом были распространены в северо-восточном направлении, и именно эта древняя линия дала вклад 14-38% в генофонд современных индейцев. По-видимому, смешение с западноевразийской линией происходило после отделения предков палеоамериканцев от восточноазиатских популяций, но до того, как мигрировавшие через Берингийский перешеек переселенцы стали расселяться по Американскому континенту.

Эта примесь западноевразийской ветви, на взгляд исследователей, может объяснить «парадокс черепов», который долгое время является предметом дискуссий антропологов. Дело в том, что некоторые ископаемые черепа палеоамериканцев не обладают восточноазиатскими чертами и не очень похожи на черепа современных индейцев.

Люди жили на максимуме оледенения

ДНК мальчика из Мальты сравнили с другой древней ДНК (AG-2) – из скелета возрастом 17 тысяч лет, найденного на стоянке позднего палеолита близ Афонтовой горы, на берегу Енисея. В отличие от МА-1, время жизни которого приходилось на последний ледниковый максимум (26-20 тыс. лет назад), AG-2 жил после прохождения пика оледенения. Исследование показало, что генетический профиль AG-2 сходен с МА-1, то есть за это время в населении Сибири не произошло больших генетических изменений. Из этого факта ученые делают вывод, что часть Сибири в течение последнего периода оледенения была заселена людьми постоянно.

Итак, проведенное исследование привело ученым к нескольким важным заключениям относительно генетической истории американских индейцев. Они генетически проверили гипотезу о заселении Америки выходцами из Восточной Сибири через перешеек на месте современного Берингова пролива. И реконструировали потоки генов из разных популяций, которые внесли вклад в геном предков нынешних индейцев. По-видимому, палеоамериканцы вобрали в себя два потока генов – из Восточной Азии и из Западной Евразии. Именно таким путем у индейцев появилась, например, митохондриальная гаплогруппа Х, которая распространена в Европе, но отсутствует в Восточной Азии. Тем самым отвергается альтернативная гипотеза, считающая европейские генетические черты у индейцев результатом позднего смешения – после открытия Америки Колумбом и европейской колонизации. Антропологические европейские черты в строении черепа, в соответствии с выводами статьи, были также получены из Старого Света через путь из Берингии, а не через Атлантический океан.

Еще один важный вывод – совпадение генетических профилей жителей Восточной Сибири до и после последнего ледникового максимума, что предполагает, что эта территория была заселена людьми даже в течение самого холодного климатического периода.

Источник: Upper Palaeolithic Siberian genome reveals dual ancestry of Native Americans
<http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/nature12736/metrics/news>

Авторы и аффилиация — по ссылке.

Nature 505, 87–91 (02 January 2014), doi:10.1038/nature12736