

Y-хромосома рисует разную демографическую историю земледельцев и скотоводов

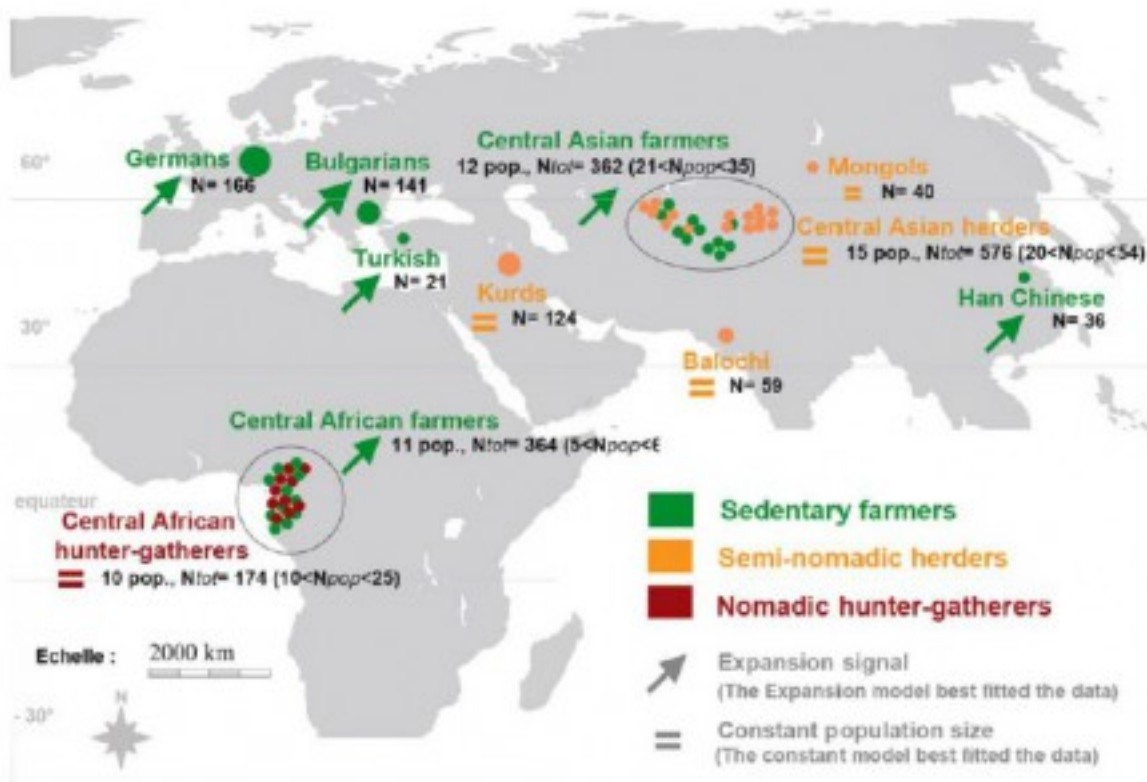
Надежда Маркина

Маркеры Y-хромосомы выявляют различия в демографической истории популяций разного хозяйственно-культурного типа на двух континентах

Анализируя разнообразие маркеров Y-хромосомы, генетики описали изменения эффективного размера популяции в истории оседлых земледельцев, кочевых скотоводов и охотников-собирателей, изучив популяции Африки и Евразии. Они делают вывод о большей чувствительности к демографическим событиям — в частности, к выходу из Африки — маркеров Y-хромосомы (отцовская линия наследования) по сравнению с митохондриальной ДНК (материнская линия) и аутосомными маркерами (обе линии, составляющие основную часть генома).

55 популяций двух континентов

Оценивая генетическое разнообразие современных популяций, ученые могут заглянуть в их древнюю историю и увидеть следы прошлых демографических событий. Для этого они анализируют разные маркеры, передающиеся по отцовской (Y-хромосомы) линии, или по материнской (митохондриальная ДНК, мтДНК) линии, или сразу от обоих родителей (аутосомные маркеры), хотя сейчас все чаще предпочитают возможности полного секвенирования генома. Французские генетики, авторы статьи, опубликованной в журнале *American Journal of Physical Anthropology*, исследовали Y-хромосомные маркеры — короткие tandemные повторы, или микросателлиты (STR), и однонуклеотидный полиморфизм (SNP), охватив этими, уже традиционными, панелями маркеров 55 популяций двух континентов. У них была особая цель — попробовать реконструировать демографическую историю популяций с разным типом отношений с природой: земледельцев, скотоводов, охотников-собирателей. Оказалось, что картина демографических событий отличалась в популяциях Африки и Евразии и зависела от типа хозяйственной деятельности: у оседлых земледельцев она оказалась иной, чем у полукочевых скотоводов и кочевых охотников-собирателей.



Географическое расположение изученных популяций, указано количество взятых из нее образцов. Каждая популяция обозначена кружком, его размер пропорционален количеству образцов.

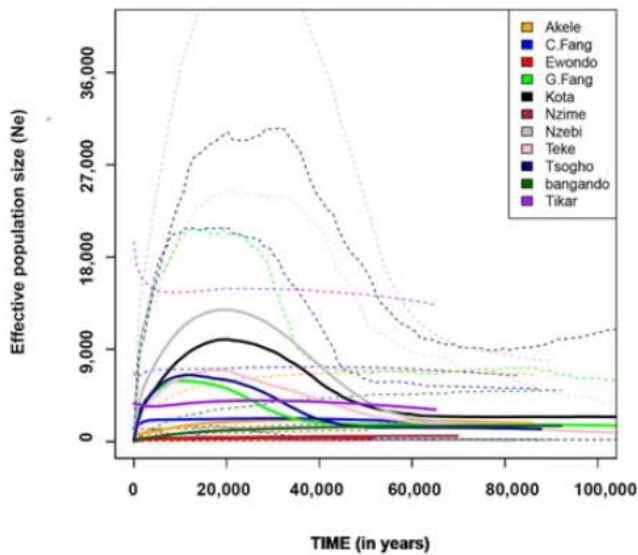
Для проведения исследования авторы использовали как ранее опубликованные, так и свои собственные данные. В Африке под прицелом генетиков оказалась 21 популяция: из них половина (11 популяций) были оседлыми земледельцами, а вторая половина (10 популяций) — кочевыми скотоводами. В общей сложности они проанализировали Y-хромосомы 538 мужчин, изучив пять четырехнуклеотидных STR (DYS389b, DYS391, DYS390, DYS393, DYS19). В разных регионах Евразии (Европа,

Ближний Восток, Памир и Восточная Азия) исходным материалом послужили опубликованные данные по семи популяциям, относящимся к земледельцам (турки, китайцы-хань, болгары, немцы) и скотоводам (курды, монголы, иранцы). В этих популяциях изучали шесть Y-хромосомных STR (DYS19, DYS389b, DYS390, DYS391, DYS392 и DYS393). Самая большая выборка — 27 популяций — была сделана в Центральной Азии: 576 человек из 15 полуоседлых популяций скотоводов и 362 человек — из 12 оседлых популяций земледельцев. При их анализе использовали девять STR маркеров и две базы по однонуклеотидному полиморфизму (18 и 38 SNP). Конечно, панели маркеров очень невелики, однако они охватывают географически и генетически контрастные популяции, и потому их можно считать пригодными для поставленной цели.

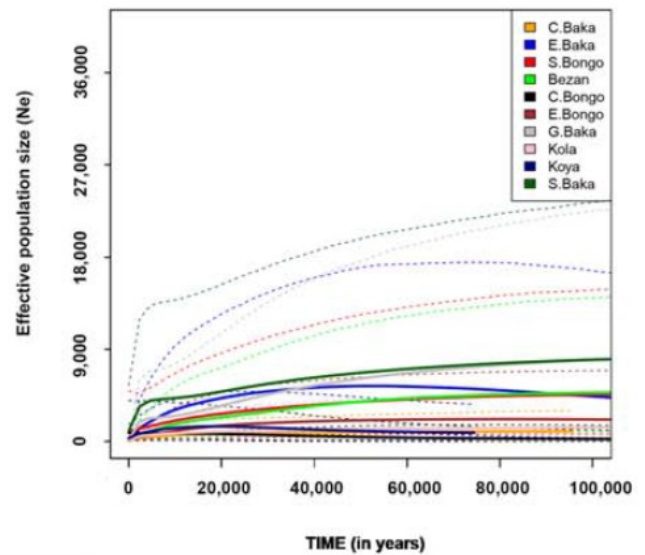
Для получения по этим данным демографической истории популяций генетики применили параметрический и непараметрический методы анализа, основанные на времени схождения (развилках на дереве Y-хромосомных гаплогрупп). В рамках параметрического подхода они проверили четыре модели, которые описывают изменения размера популяции со временем: 1) модель постоянной численности населения, 2) модель экспоненциального роста населения, 3) модель, когда экспоненциальный рост начался в недавнем прошлом, 4) модель где рост населения ограничен количеством ресурсов. В рамках непараметрического подхода для каждой популяции строили байесовские графики изменения [генетически эффективного размера популяции \(\$N_e\$ \)](#). Этот показатель зависит от того, какая доля членов популяции имеет возможность передать свои гены следующему поколению.

В Евразии все позже, чем в Африке

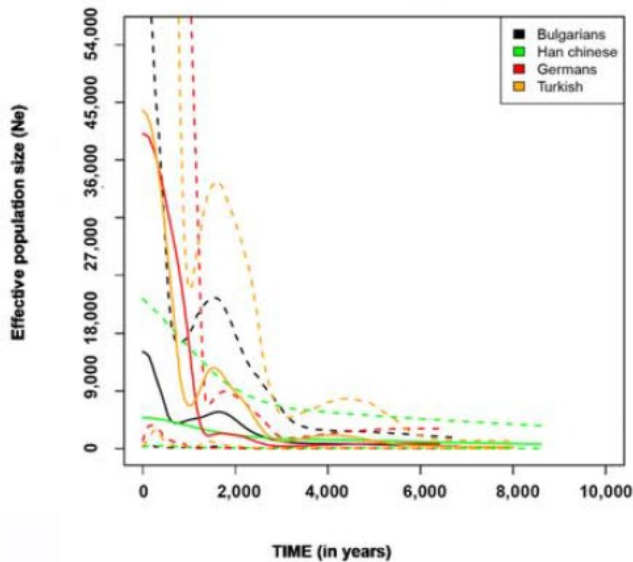
(a) African sedentary farmers



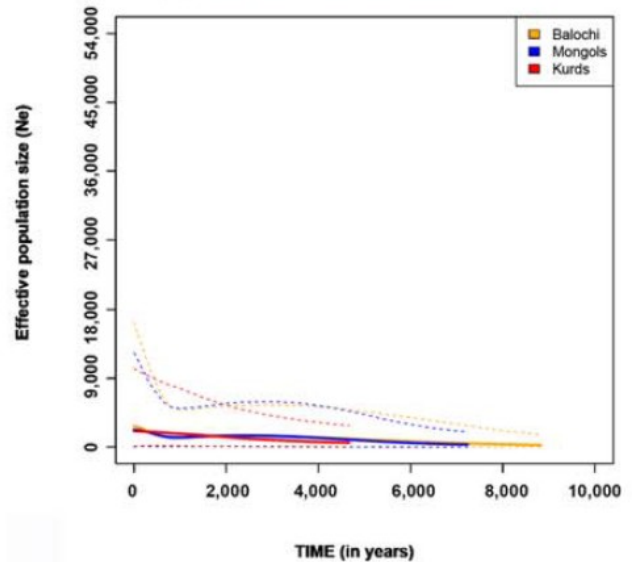
(b) African nomadic hunter-gatherers



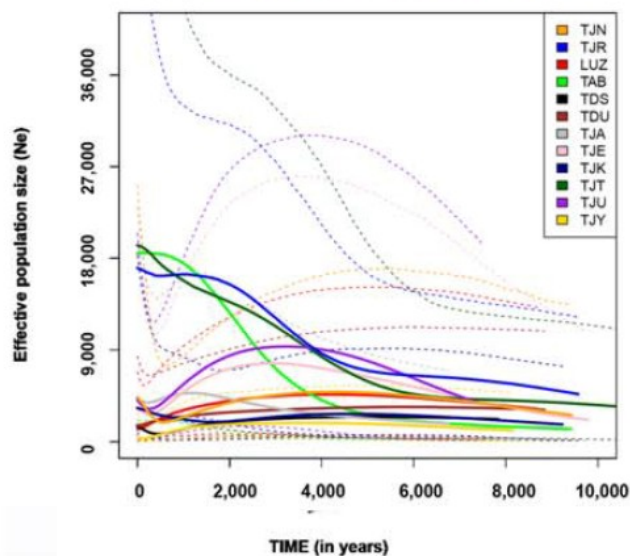
(c) Eurasian sedentary farmers



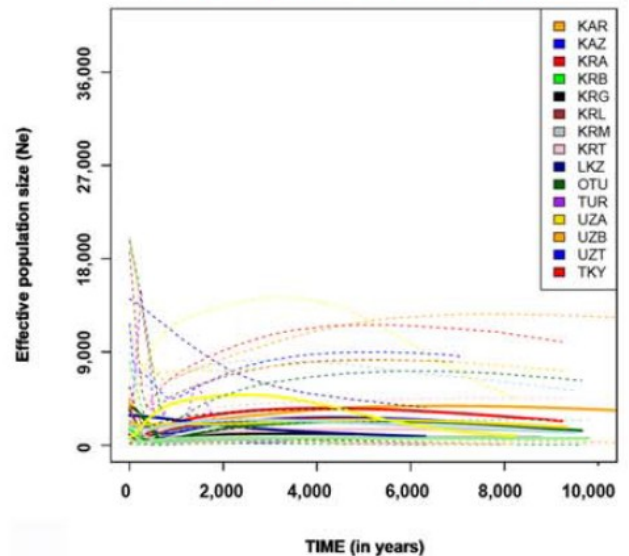
(d) Eurasian semi-nomadic herders



(e) Central Asian sedentary farmers



(f) Central Asian semi-nomadic herders



Байесовские графики, моделирующие динамику эффективного размера мужской части популяции (по Y-хромосоме): а) Африканские оседлые земледельцы, б) Африканские кочевые охотники-собиратели, с) Евразийские оседлые земледельцы, д) Евразийские полукочевые скотоводы, е) Центральноазиатские земледельцы, ф) Центральноазиатские полукочевые скотоводы.

Каждая популяция обозначена сплошной линией своего цвета. Пунктирные линии обозначают 95% доверительный интервал.

Обобщив результаты двух подходов, исследователи так описали события демографической истории в трех регионах – Африке, Евразии и Центральной Азии (авторы статьи именно так выделили регионы).

В Африке практически все оседлые популяции земледельцев демонстрировали явные признаки давнего демографического взрыва: их историю описывала «экспотенциальная модель». По результатам непараметрического подхода рост популяции пришелся на период между 80 и 60 тысячами лет назад, затем последовала стабилизация, а затем снижение размера популяции около 20 тысяч лет назад. Все это происходило задолго до неолитического перехода и появления в Африке земледелия. В кочевых популяциях скотоводов и охотников-собираателей не обнаружен сигнал прошлой динамики размера, они описывались «моделью постоянной численности».

В Евразии демографическая история похожа, если не смотреть на шкалу времени. Хотя ярко выраженный сигнал демографического роста здесь также наблюдается в оседлых популяциях земледельцев, но не в кочевых и полукочевых популяциях скотоводов, даты этих событий совершенно другие. Это на порядок более поздние события: по непараметрической модели рост датируется периодом от 8600 до 6400 лет тому назад. Популяции скотоводов и здесь ближе всего к модели неизменного демографического размера.

В наиболее подробно изученной Центральной Азии демографический рост также зарегистрирован в оседлых популяциях земледельцев (по параметрической модели он приходится на период от 10 тысяч до 7 тысяч лет назад, по непараметрической — от 11 тысяч до 9 тысяч лет назад). Однако у кочевых скотоводов и здесь не обнаружено увеличение размера популяций.

Авторы напоминают, что для генетических датировок событий они использовали «генеалогическую» скорость мутаций ($2,1 \times 10^{-3}$ на поколение на локус) — ту, которая получена в генеалогических исследованиях. Длину поколения они приняли равной 25 годам и уточняют, что если взять 29 лет, это, конечно, немного «удревнит» все события, но не изменит общих выводов: все соотношения останутся теми же.

В маркерах «мужской» хромосомы ярче отражены демографические события

В полученных результатах прослеживается несколько общих закономерностей.

Во-первых, в Евразии, как и ожидалось, демографический взрыв связан с неолитическим переходом к производящему хозяйству. А вот в Африке — что является неожиданным выводом — он обнаруживается в палеолите.

Во-вторых, демографический рост выявляется только в популяциях оседлых земледельцев. То, что он не обнаруживается в популяциях кочевых скотоводов — неожиданно, если вспомнить нашествие орд кочевников на Европу.

В-третьих, полученные данные по Y-хромосоме отличаются от данных, полученных ранее этими же авторами по митохондриальной ДНК (мтДНК) и аутосомным маркерам.

Объясняя эти различия, авторы говорят о том, что разные генетические маркеры по-разному отражают следы демографических событий. Маркеры Y-хромосомы, передающиеся по отцовской линии, более чувствительны к ним, чем маркеры мтДНК, передающиеся по материнской линии, или аутосомные маркеры, передающиеся от обоих родителей. В частности, Y-хромосомные маркеры оказались более чувствительными к «бутылочному горлышку», которым сопровождался выход человека из Африки. Исследователи объясняют это разницей в эффективном размере разных полов: эффективный размер мужской части популяции почти всегда меньше, чем женской. Поэтому «бутылочное горлышко» при выходе из Африки могло сильнее отразиться на генах, передаваемых по мужской линии, чем на передаваемых по женской или аутосомным маркерах, полученных от обоих родителей.

Практически везде демографический рост сопровождает историю популяций оседлых земледельцев, но не кочевых скотоводов. В наиболее хорошо изученной Центральной Азии такой результат дают именно Y-хромосомные маркеры (но не изученные ранее мтДНК и аутосомные маркеры, которые обнаружили сигнал роста в обоих типах популяций). Эту разницу авторы пытаются объяснить ярко выраженной патрилокальностью кочевников (жены переезжают на родину мужа, а не наоборот) — поток мужских генов между популяциями гораздо меньше, чем женских. Хотя сигнал демографического роста должен был появиться при освоении кочевниками обширных новых территорий, но из-за ограниченного потока генов по мужской линии этот сигнал может быть просто не виден в современном генофонде.

Источник:

Inference of Sex-Specific Expansion Patterns in Human Populations From Y-Chromosome Polymorphism

Carla Aime, Evelyne Heyer, and Frederic Austerlitz

Laboratoire d'Eco-Anthropologie et Ethnobiologie, UMR 7206 (Museum National d'Histoire Naturelle—Centre, National de la Recherche Scientifique—Universite Paris 7 Diderot), Museum National d'Histoire Naturelle, F-75231 Paris, France

<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ajpa.22707/abstract>

Статью можно скачать здесь [Aime et al. '15 — Y-chromosome & expansion time in farmers and herders](#)