Древние геномы уточнили картину генетической мозаики Великобритании

Надежда Маркина

Секвенирование древних геномов прояснило роль исторических миграций на Британские острова за последние два тысячелетия

Две статьи с данными по секвенированным древним геномам дополнили представления о том, какую роль играли исторические миграции – римского времени и англосаксонская – в формировании современного генофонда Великобритании. Так, выяснилось, что в период Римской империи население было очень мобильным, и на территорию Британии мог попасть уроженец Ближнего Востока. А уточненный генетический вклад англосаксонских переселенцев составляет около 40% в восточной Англии и 30% — в Уэльсе и Шотландии.

Сразу две статьи, опубликованные в одном номере журнала Nature Communication, проясняют детали генетической истории популяций Великобритании. Мы уже писали про реконструкцию исторических миграций, полученную при изучении разнообразия современного генофонда британцев. Теперь же, благодаря изучению древней ДНК с территории Великобритании, получены прямые ответы на вопросы, возникшие при реконструкции истории по современной генетической картине.

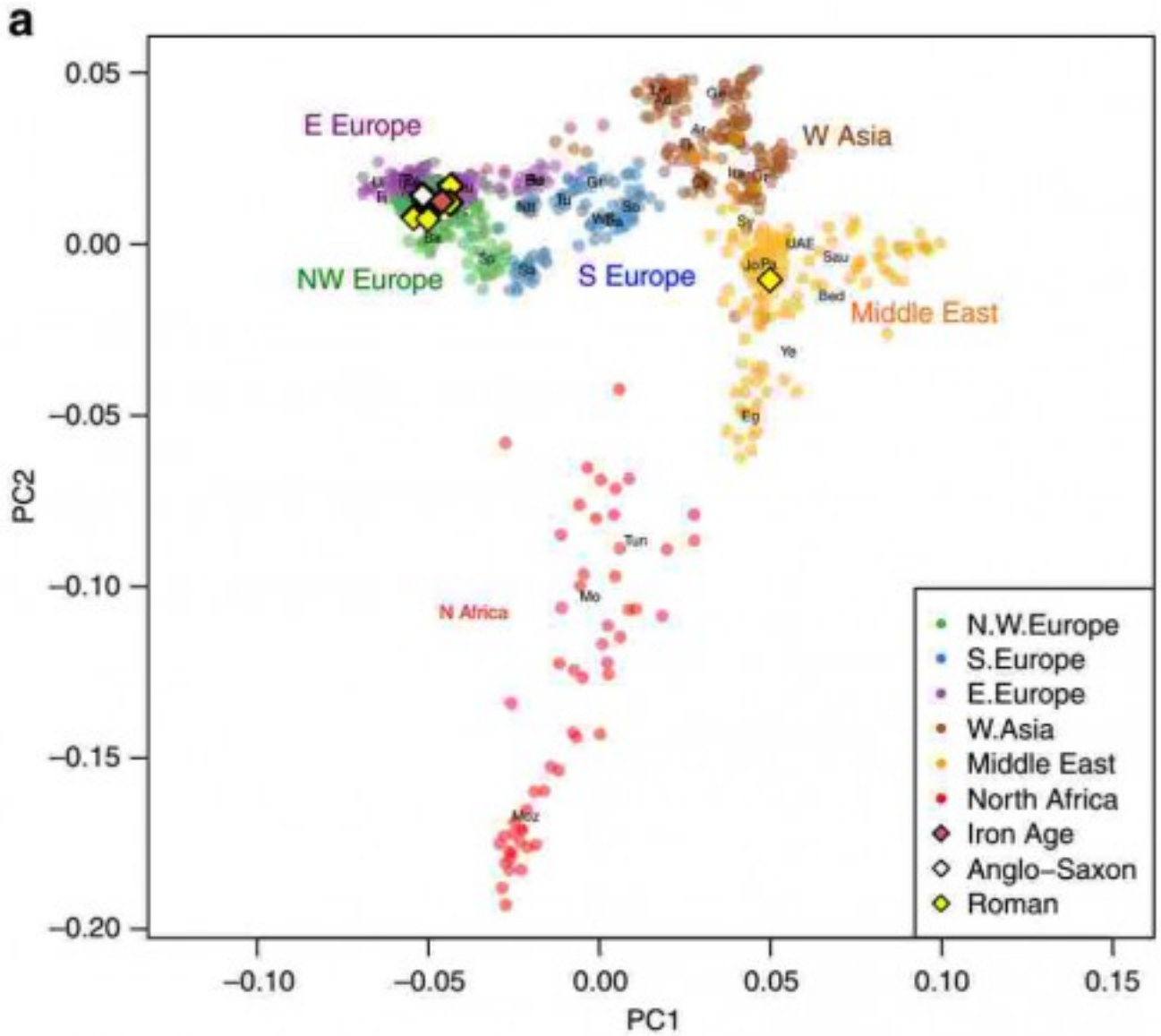
История заселения Британских островов складывалась из многочисленных миграций. В числе последних, исторических миграций — военные вторжения и поселения римлян в I веке н.э., англосаксонская миграция – между 400 и 650 гг. н.э., вторжения викингов – 800-1000 гг. н.э. и норманнов (нормандцев) в 1086 г. н.э. Дискуссионный вопрос — какой генетический след оставили эти миграции в генофонде современных популяций Великобритании? — впервые решается с помощью анализа древней ДНК. Что же касается более древних миграций – в неолите и бронзовом веке, то их вклад в формировании генетической картины Британских островов рассматривался в недавней статье с анализом древних геномов ирландцев.

Обезглавленные британцы Римской империи

В первой статье, Martiniano et al., 2016 , представлены результаты секвенирования девяти древних геномов жителей северной Британии. Семь из них получены из останков, откопанных в Йорке из захоронения периода Римской империи (его датировка — между II и IV веками н.э.). Йорк (Эборакум) был основан в 71 г. н.э. и с 200 г. стал фактически столицей северной провинции Римской империи. Все скелеты из этого захоронения (всего числом 80) принадлежат мужчинам в возрасте до 45 лет и имеют характерную особенность – признаки отсечения головы. У археологов есть несколько объяснений на этот счет: либо обезглавленные люди были гладиаторами, либо воинами, павшими в сражении, либо казненными преступниками. Кроме семи останков из этого захоронения исследовали один геном женщины периода железного века из Йоркшира (210 г. до н.э.–40 г. н.э.) и один геном мужчины из позднего англосаксонского захоронения (650–910 гг. н.э.).

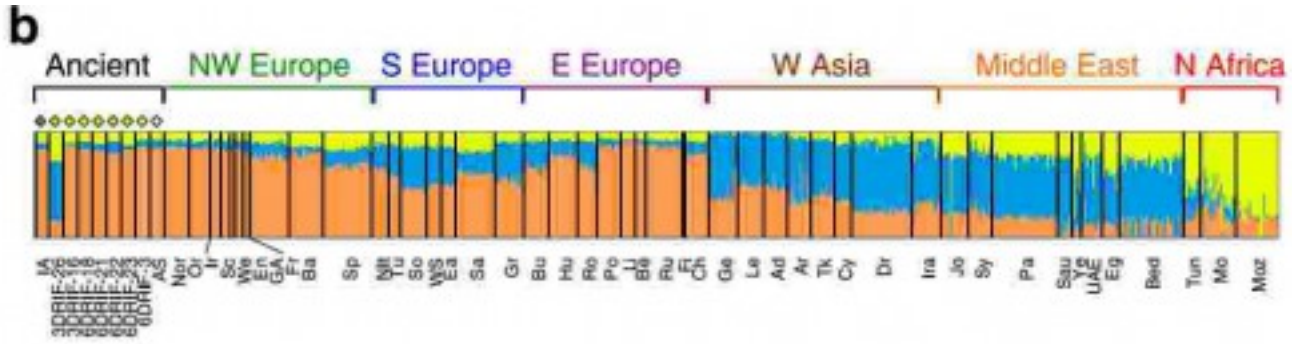
Девять древних геномов секвенировали с покрытием около 1x (цифра означает, сколько раз был прочитан каждый нуклеотид). Используя до 400 тысяч маркеров однонуклеотидного полиморфизма (SNP), древние геномы сравнили с современными: 780 человек из Европы, Восточной Азии, Северной Африки и Ближнего Востока.

Анализ главных компонент (PCA) показал, что восемь из девяти древних геномов всех трех временных периодов входят в кластер с современными геномами северо-запада Европы (см. рисунок). Но один образец римского периода из Йорка резко отличается от остальных и входит в ближневосточный кластер, обнаружив сходство с геномами из Палестины, Иордании и Сирии.



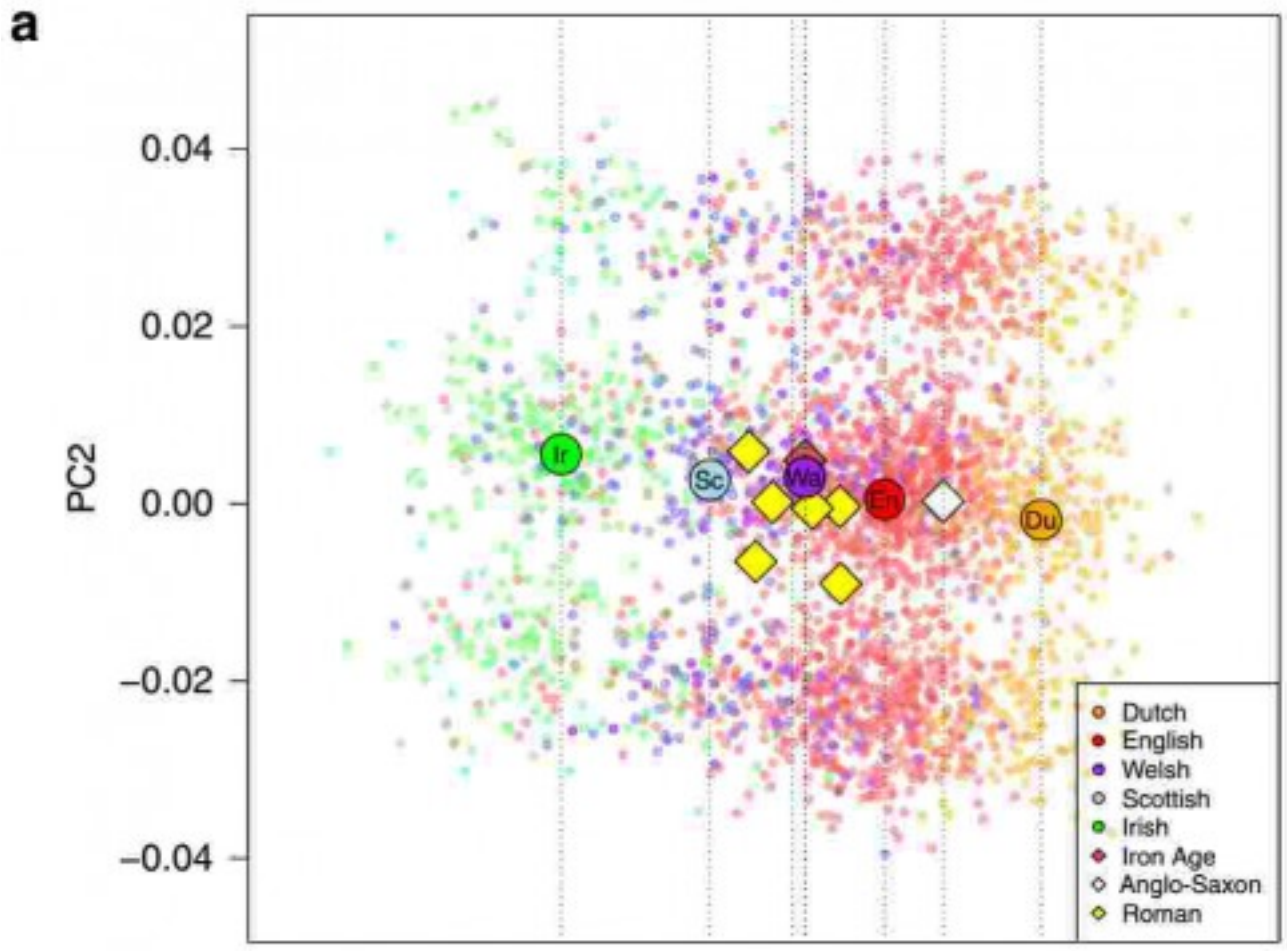
Анализ главных компонент (PCA) древних геномов (обозначены ромбиками: розовый ромбик – железный век, белый ромбик – англосаксонский период, желтые ромбики – римский период) и геномов современных популяций Европы, Азии и Африки.

То же самое показал и анализ предковых компонентов (ADMIXTURE) при задании условного числа предковых популяций k=3. На рисунке видно, что цветной спектр одного из древних геномов (обозначающий долю трех предковых компонентов в нем) резко отличается от остальных.



Анализ предковых компонентов ((ADMIXTURE) при k=3. Древних геномов и современных геномов из Европы, Азии и Африки. Желтый, голубой и розовый цвета в спектре обозначают три условных предковых популяции.

Чтобы определить место древних геномов в контексте современных геномов Великобритании, авторы провели анализ главных компонент 3075 опубликованных генотипов из Британии, Ирландии и Нидерландов. Современные образцы были генотипированы по 250 тысячам SNP. Результаты представлены на рисунке. Хотя между региональными группами отмечалось существенное перекрытие, но если взять средние значения, то на одном полюсе располагается Ирландия, на другом — Нидерланды. Древние образцы римского периода из Йорка, так же как и образец железного века на этом пространстве, попадают наиболее близко к современным образцам из Уэльса, между Англией и Шотландией. Англосаксонский образец расположился отдельно, попав между Англией и Нидерландами.



Анализ главных компонент (PCA) восьми древних геномов и 3075 современных геномов из популяций Ирландии, Шотландии, Уэльса, Англии и Нидерландов (древние геномы обозначены ромбиками: розовый ромбик – железный век, белый ромбик – англосаксонский период, желтые ромбики – римский период).

По данным анализа полных геномов авторы смогли предположить, как выглядели древние британцы. Исследованные мужчины римского периода из Йорка, все, за исключением одного, вероятно, были темноволосыми и с карими глазами. Этот один, так же как и мужчина англосаксонского периода, имел аллели голубых глаз и светлых волос. Что касается группы крови, то в образцах римского периода наиболее распространена была первая группа крови (0), а в англосаксонском образце обнаружена третья группа крови (B). Наконец, в пяти исследованных образцах (в числе которых и образец из железного века) найден аллель толерантности к лактозе.

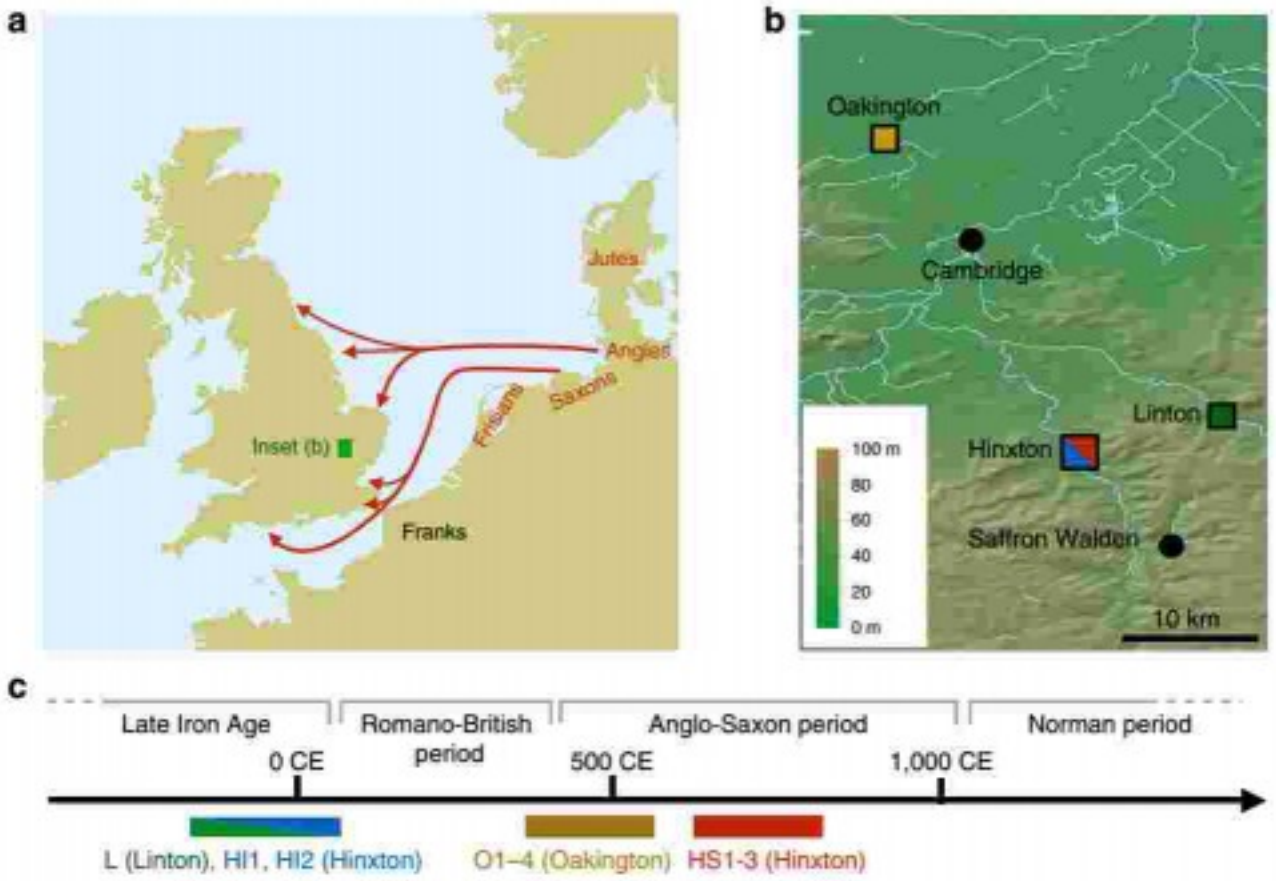
Один из скелетов периода Римской империи, откопанных в Йорке. Фото: York Archaeological Trust.

Помимо генетического, в данном исследовании был проведен и изотопный анализ. Он подтвердил, что один из «римских» образцов, в отличие от всех остальных, происходит не из Британии, а с Ближнего Востока. Это указывает на то, что население Британии римского периода было достаточно мобильным и этнически неоднородным.

Поскольку образец железного века оказался генетически сходен с римскими, можно предположить генетическую непрерывность между этими периодами. И этот, более древний, генофонд, оказался ближе всего к современному Уэльсу, но значительно отличался от популяций Йоркшира и других из восточной Англии. С другой стороны, англосаксонский образец генетически иной. Сравнение с современными британскими геномами подтверждает географию англосаксонских поселений V-VII веков и тот вывод, что культурные и лингвистические изменения, принесенные англо-саксонской миграцией, отразились и в генетической картине.

Англосаксонская миграция оставила 30-38% в генофонде

Во второй статье по геномам древних британцев, Schiffels et al., 2016 представлен анализ большего числа древних геномов англосаксонского периода. Так что ее результаты дополняют картину влияния этой миграции на генофонд Великобритании. В этом исследовании секвенированы геномы десяти человек из нескольких захоронений на востоке Англии недалеко от Кембриджа. Они принадлежали разным эпохам: – три образца относились (по определению авторов) к позднему железному веку, а точнее, к предримскому периоду (170 г. до н.э. — 80 гг. н.э.), четыре образца – к раннему англосаксонскому периоду (V-VII века н.э.) и три образца – к среднему англосаксонскому периоду (VII-IX вв н.э.) . Геномы секвенировали с покрытием от 1x до 12x (цифра показывает, сколько раз был прочитан каждый нуклеотид и характеризует степень надежности).



Справа: места археологических сайтов, из которых получены образцы древних геномов. Внизу: временная шкала показывает примерную датировку образцов из этих захоронений. Слева: примерные пути миграций из континентальной Европы на Британские острова.

В этом исследовании древние геномы также анализировали вместе с сотнями современных образцов из Великобритании и континентальной Европы (Финляндии, Испании, Италии, Нидерландов и Дании). Авторы сделали ставку на прослеживание не обычной панели SNP- маркеров, а редких генетических вариантов (с частотой менее 1% в популяции), и разработали для этого новый метод, который назвали rarecoal. Метод позволяет вычленить генетический след у отдельных индивидов.

Археологи и генетики вместе работают над исследованием англосаксонских скелетов в Окингтоне, близ Кембриджа. Фото: Duncan Sayer.

С помощью этого метода они нашли, что древние образцы англосаксонского периода генетически близки к современным голландским и датским популяциям, в то время как образцы железного века имеют общих предков с североевропейскими популяциями, включая британцев.

Авторы уточнили вклад англосаксонской миграции в современный генофонд Великобритании, оценив его в 38% на востоке Англии и в 30% в Уэльсе и Шотландии. Поскольку первые англосаксонские поселения располагались по юго-восточному побережью, генетические результаты хорошо согласуются с археологическими данными об англосаксонской миграции.

Скелет из захоронения V-VI в. в Окингтоне, Восточная Англия. Фото: Duncan Sayer.

Тот факт, что англосаксонские мигранты генетически смешивались с коренным кельтским населением, хорошо продемонстрирован на примере одного англосаксонского захоронения в Окингтоне. Генетический анализ четырех индивидов из этого захоронения показал, что два из них принадлежали к англосаксонским мигрантам, один – к коренному населению, и еще один имел смешанное происхождение. Несмотря на разное происхождение, все четыре человека были захоронены в одинаковых могилах, скелеты лежали в одинаковом положении. Это указывает на то, что между коренным и пришлым населением в культурном отношении уже не было разницы.

Интересно, что выводы этих двух исследований древней ДНК не противоречат, а во многом подтверждают выводы, сделанные в упоминавшемся в начале исследовании современных популяций Великобритании. Экстраполяция современной генетической картины вглубь времен показала, что вклад англосаксонской миграции в современный генофонд на большей части Великобритании составляет от 10 до 40%. Оценка по древней ДНК оказалась схожей. Помимо этого, совпадает вывод о том, что наиболее древний генофонд, хранящий следы самого раннего заселения Британских островов, сохранился в Уэльсе.

Источники:

Genomic signals of migration and continuity in Britain before the Anglo-Saxons

Rui Martiniano, Anwen Caffell, Malin Holst, Kurt Hunter-Mann, Janet Montgomery, Gundula Mu ̈ldner, Russell L. McLaughlin, Matthew D. Teasdale, Wouter van Rheenen, Jan H. Veldink, Leonard H. van den Berg, Orla Hardiman, Maureen Carroll, Steve Roskams, John Oxley, Colleen Morgan, Mark G. Thomas, Ian Barnes, Christine McDonnell, Matthew J. Collins & Daniel G. Bradley

http://www.nature.com/ncomms/2016/160119/ncomms10326/full/ncomms10326.html#t1

Iron Age and Anglo-Saxon genomes from East England reveal British migration history

Stephan Schiffels, Wolfgang Haak, Pirita Paajanen, Bastien Llamas, Elizabeth Popescu, Louise Loe, Rachel Clarke, Alice Lyons, Richard Mortimer, Duncan Sayer, Chris Tyler-Smith, Alan Cooper & Richard Durbin

http://www.nature.com/ncomms/2016/160119/ncomms10408/full/ncomms10408.html