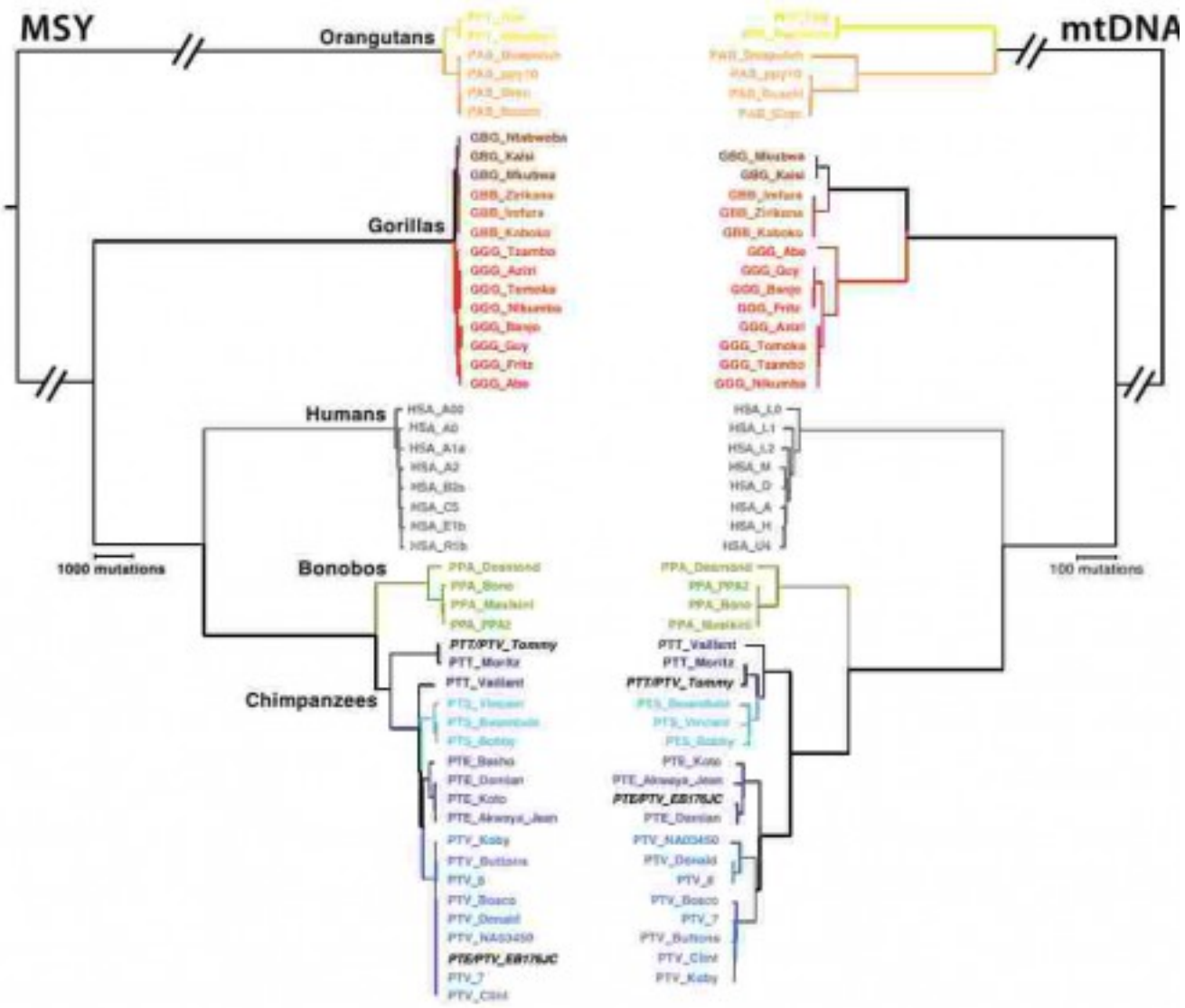
Изменчивость Y-хромосомы и мтДНК у человекообразных обезьян – связь со стилем жизни

Исследователи под руководством Марка Джоблинга (Mark A. Jobling) сравнили изменчивость Y-хромосомы и мтДНК у человека и человекообразных обезьян. Результаты их работы опубликованы в открытом доступе в журнале Genome Research. Они секвенировали Y-хромосому и мтДНК у 19 антропоидов (шимпанзе, горилла, бонобо, орангутан) и описали однонуклеотидный полиморфизм (SNP) у разных видов. У орангутана и гориллы Y-хромосомная изменчивость была гораздо ниже, чем у шимпанзе и бонобо. у шимпанзе и бонобо все самцы и самки не слишком различаются по числу детей, и изменчивость Y-хромосомы у этих видов выше. Авторы связывают эти различия с особенностями размножения разных видов. Для горилл типична полигиния («многоженство»), то есть все самки делают примерно одинаковый вклад в потомство, но вот самцы резко различаются — у одних много детей, а у других нет или мало. Как следствие, эффективный размер популяции по отцовской Y-хромосоме оказывается значительно меньше, чем по материнской мтДНК, и внутрипопуляционное разнообразие Y-хромосомы сокращается за счет дрейфа генов, а разнообразие мтДНК сохраняетсяна более высоком уровне. А у шимпанзе и бонобо все самцы и самки не слишком различаются по числу детей, и изменчивость Y-хромосомы у этих видов выше.

Отличие последовательности MSY (male-specific region)от референсной человеческой составило: 1,43% у шимпанзе, 1,48% у бонобо, 1,95% у гориллы и 4,34% у орангутана. Авторы вычислили время жизни общего предка по линиям Y-хромосомы и мтДНК для всех видов и реконструировали филогенетические деревья. На филогенетических деревьях и по мтДНК, и по Y-хромосоме четко видна гомогенность человечества. В пределах других видов приматов выделяются более разнообразные подгруппы (на рисунке это особенно четко видно для шимпанзе), тогда как в таком масштабе анализа все варианты человеческой Y-хромосомы очень похожи.



Филогенетические деревья Y-хромосомы и мтДНК, показывающие связь человека и антропоидов. Длина ветвей пропорциональна числу мутаций (см. калибровку).

Источник:

Great-ape Y-Chromosome and mitochondrial DNA phylogenies reflect sub-species structure and patterns of mating and dispersal

Pille Hallast, Pierpaolo Maisano Delser, Chiara Batini, Daniel Zadik, Mariano Rocchi, Werner Schempp, Chris Tyler-Smith, Mark A. Jobling

Статья в свободном доступе http://genome.cshlp.org/content/early/2016/02/16/gr.198754.115.full.pdf+html