Генетическая карта Великобритании открыла окно в прошлое

Надежда Маркина

Ученые описали генетические различия населения разных регионов Великобритании и обнаружили следы древних миграций

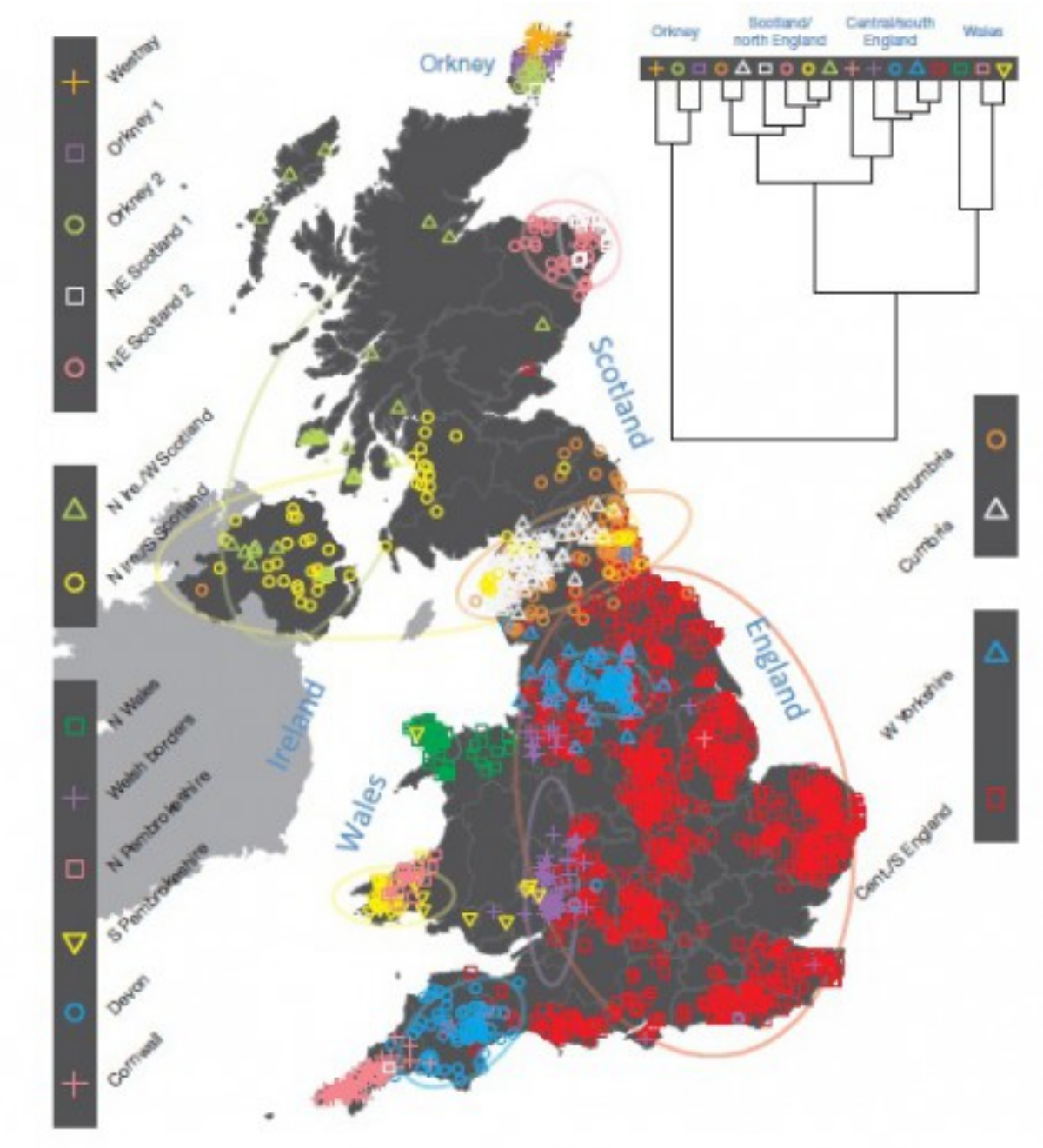
Исследователи впервые создали подробную карту генетической структуры популяций Великобритании. Оказалось, что население кельтской территории вовсе не однородно генетически, а самый древний генофонд сохранился в Уэльсе. Сравнение ДНК британцев и континентальных европейцев указало на генетический профиль предков для каждого региона. В генофонде современной популяции удалось увидеть отражение важнейших событий в истории заселения Британских островов.

Изучение генетических различий между современными популяциями помогает заглянуть вглубь истории и увидеть следы миграций групп населения, благодаря которым сформировался современный генофонд. Такую работу провела международная группа исследователей под руководством британских специалистов из Оксфордского университета и Университетского колледжа Лондона, их статья опубликована в журнале Nature 19 марта. Уолтер Бодмер, Питер Доннели и их коллеги детально проанализировали генетическую структуру населения Великобритании. Они не только построили очень точную генетическую карту современной британской популяции, но и нашли следы важнейших исторических миграций и уточнили характер заселения Британских островов.

Генофонд отражает географию

Исследователи собрали ДНК 2039 человек из разных областей Великобритании. При выборе они руководствовались таким правилом: все предки человека в третьем поколении (обе бабушки и оба дедушки) должны были жить не далее чем в 80 км друг от друга. Это условие позволило получить «моментальный снимок» генетической структуры британской популяции конца XIX-начала XX века.

Для сравнения ДНК ученые использовали 500 с лишним тысяч однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), разбросанных по всему геному. Их анализ проводили с помощью статистических методов fineSTRUCTURE и GLOBETROTTER. Этими методами образцы ДНК распределялись по кластерам на основании их сходства, причем вне зависимости от того, в какой части Великобритании они собраны. А поместив образец каждого человека в точку, находящуюся посередине от мест рождения его бабушек и дедушек, они получили возможность увидеть, насколько генетическое сходство коррелирует с географическим расположением.



Генетические кластеры, в которые сгруппировались 2039 образцов ДНК из популяций Великобритании.

Совпадение оказалось поразительным. Как видно на рисунке, 17 генетических кластеров распределились на карте в соответствии с географическим расположением взятых образцов. Разные кластеры практически не перекрываются. А поскольку эти кластеры формировались из всех образцов, без учета их географии, значит, это соответствие отражает реальное генетическое разнообразие популяции, подчеркивают авторы.

Наиболее генетически разнообразна оказалась популяция графства Оркни на Оркнейских островах севернее Шотландии, она включает три кластера. Генетические различия четко выявляются между разными областями Великобритании: северная Англия, Шотландия и Северная Ирландия вместе отличаются от южной Англии, северный Уэльс отличается от южного, а Корнуолл формирует отдельный кластер. Границы кластеров зачастую совпадают с современными границами исторических провинций, например, на границе Корнуолла и Девона, на границе Англии и Уэльса. Самый большой кластер (обозначенный на карте красными квадратиками) охватывает большую часть центральной и южной Англии и восточное побережье. Он объединяет почти половину включенных в исследование образцов ДНК.

Авторы построили филогенетическое дерево британский популяций, показывающее, как формировались кластеры, как происходило разделение основных ветвей. Как видно на дереве, на самой ранней стадии отделилась ветвь населения Оркнейских островов, на следующем этапе отделился Уэльс. Последующие развилки дерева привели к разделению северного и южного Уэльса, отделению северной Англии, Шотландии и Северной Ирландии от остальной Англии и отделению

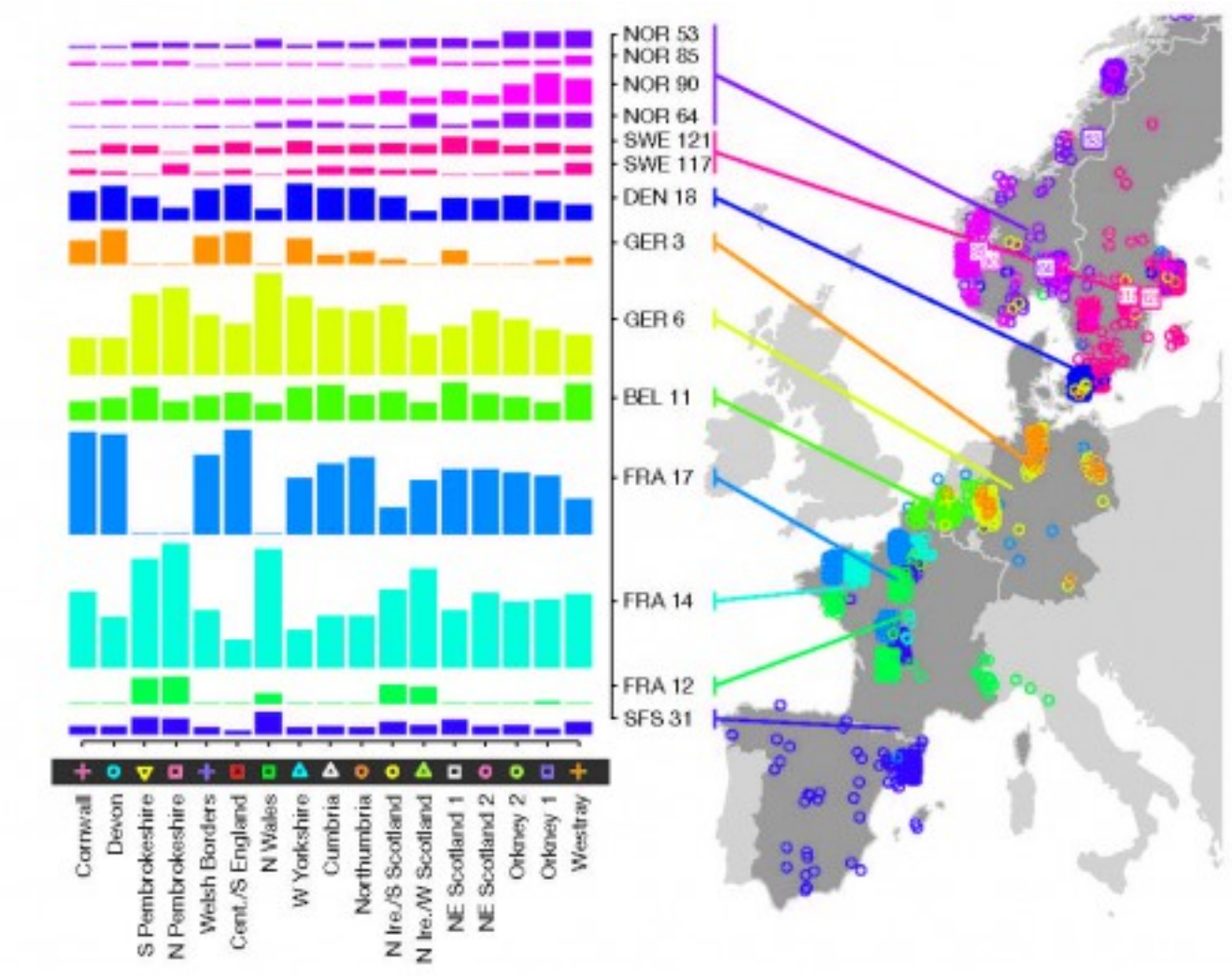
Корнуолла от остальных кластеров.

Таким образом, не подтвердилось представление о генетической однородности кельтских популяций Великобритании как наиболее древних, не испытавших влияния саксонской миграции. Наоборот, кельтская часть Великобритании (Шотландия, Северная Ирландия, Уэльс и Корнуэл) оказалась куда более генетически разнообразна, чем остальная территория.

Несмотря на то, что кластеры в пределах британской популяции так четко выделились, когда ученые измерили генетическое расстояние между ними, оно оказалось маленьким (среднее 0,002, максимальное 0,007). Это означает, что наблюдаемые различия очень тонки, их можно увидеть только при помощи сильного «увеличения», который и создали исследователи при помощи мощного статистического метода. Для сравнения, они проанализировали свои данные стандартными методами – анализа главных компонент (PCA) и ADMIXTURE. Оба метода показали отделение ветвей Оркни и Уэльс, но не выявили более тонкой генетической структуры популяции.

Континентальный след в геноме британцев

Генетические различия внутри британской популяции могут быть результатом изоляции отдельных групп населения друг от друга, а кроме того – отражать вклад различных миграций и процесс смешивания мигрантов с коренным населением. Чтобы разобраться с последним, исследователи применили тот же самый метод для сравнения образцов ДНК британской популяции с образцами более 6 тысяч жителей континентальной Европы из 10 стран. Эти образцы по генетическому сходству были разделены на 51 группу.



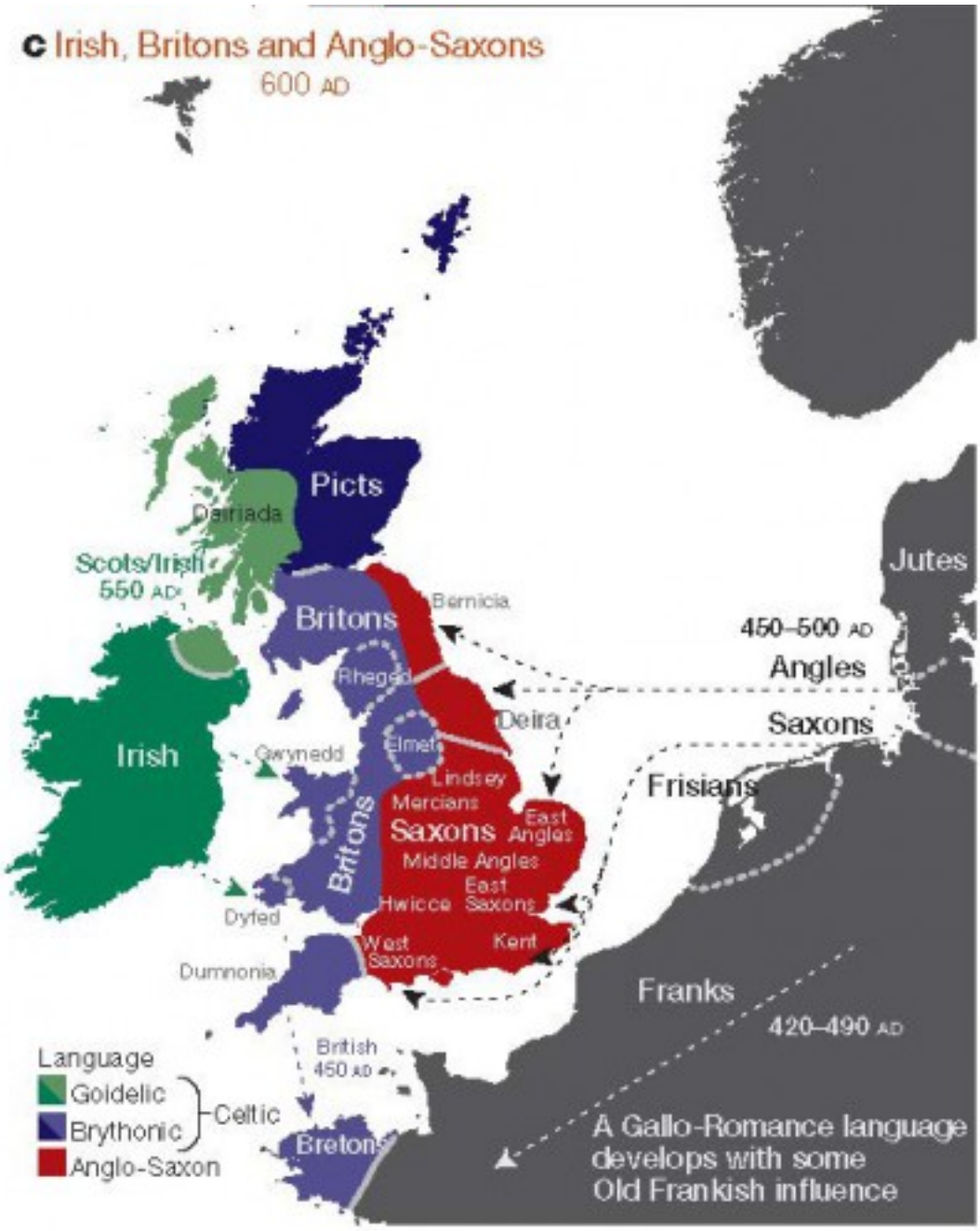
Европейские генетические профили для 17 британских кластеров.

Для каждого британского кластера ученые оценили вклад каждой континентальной группы и определили генетический профиль предков. Анализ показал, что некоторые европейские группы, например из западной Германии, фламандской части Бельгии, северо-западной Франции, южной Франции и Испании, привнесли заметный вклад в происхождение практически всех британских кластеров. Другие же внесли вклад только в некоторые определенные кластеры, например, норвежские

оказали существенное влияние на формирование кластеров в Оркни и меньшее — в Шотландии и Северной Ирландии.

Генофонд отражает историю

Генетические данные отразили следы миграций на Британские острова в течение последних 10 тысяч лет. По характеру влияния континентальных групп на британские кластеры исследователи различают относительное время миграционных событий. Те группы, вклад которых обнаруживается во всех кластерах – очевидно, указывают на более древние миграции. С тех пор прошло достаточно времени, чтобы их гаплотипы распространились на другие части Великобритании. Континентальный след в отдельных кластерах, очевидно, результат более недавних миграций.



Основные события заселения Британских островов.

Самый заметный след оставило завоевание Британии англосаксами в V веке. Генетический вклад англосаксонской миграции значителен в юго-восточной, центральной и южной Англии, хотя он нигде не превышает 50%, а на большей части территории составляет от 10 до 40%. Это свидетельствует о том, что англосаксы не полностью вытесняли местное население бриттов (кельтов), а смешивались с ним. Некоторые кластеры топографически совпадают с территориями англосаксонских королевств и кланов. Похоже на то, что эти территории сохраняли свое этнографическое и генетическое своеобразие в течение многих веков, подчеркивают исследователи.

В популяциях Оркнейских островов 25% генофонда отнесено к предкам норвежского происхождения, это следы вторжения на острова норвежских викингов, что произошло в IX веке. Генетические данные указывают и на то, что норвежские викинги не вытеснили коренную популяцию, а смешались с ней. А вот четких генетических следов датских викингов, которые в то же время контролировали значительную часть Англии, найти не удалось.

Что касается самого раннего заселения Британских островов – после окончания последнего оледенения – то его следы лучше всего сохранились в популяциях Уэльса. Данные указывают и на последующую значительную миграцию с континента, еще до завоевания Британии Римской империей в начале первого тысячелетия н.э. Генетическое влияние этой миграции распространилось по Англии, Шотландии и Северной Ирландии, но практически обошло Уэльс, в котором сохранился наиболее древний генофонд.

Авторы исследования убедительно показали, как генетика может дополнить и уточнить археологическую и лингвистическую информацию для того, чтобы реконструировать историю популяций. Получить детальную генетическую карту страны и заглянуть в прошлое британской популяции им помогли грамотный отбор исходных данных и мощные статистические методы.

Источник:

The fine-scale genetic structure of the British population

Stephen Leslie, Bruce Winney, Garrett Hellenthal, Dan Davison, Abdelhamid Boumertit, Tammy Day, Katarzyna Hutnik, Ellen C. Royrvik, Barry Cunliffe, Wellcome Trust Case Control Consortium, International Multiple Sclerosis Genetics Consortium, Daniel J. Lawson, Daniel Falush, Colin Freeman, Matti Pirinen, Simon Myers, Mark Robinson, Peter Donnelly & Walter Bodmer

Nature, 2015, v.519, 7543, doi:10.1038/nature14230

http://www.nature.com/nature/journal/v519/n7543/full/nature14230.html