Древний геном из Китая о картине заселения Евразии

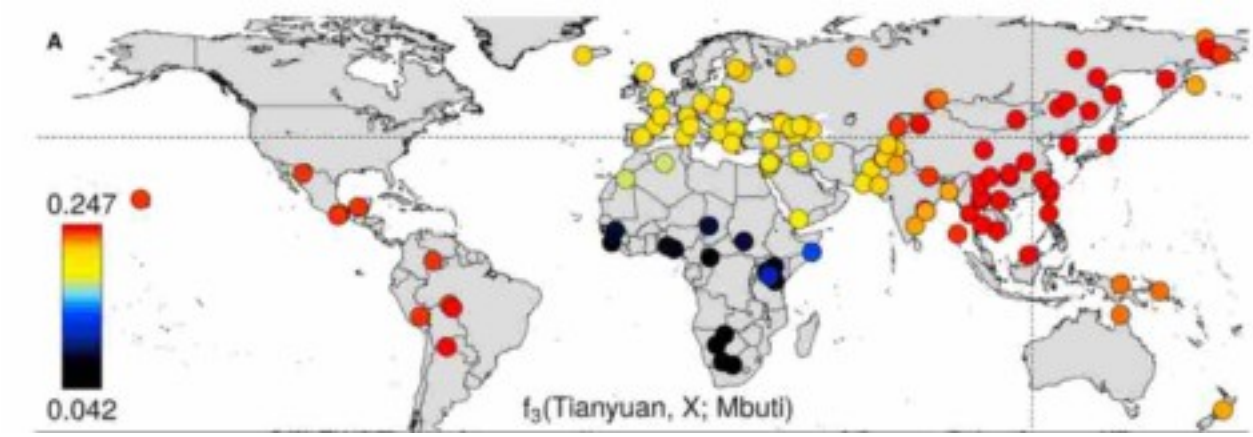
Анализ 40-тысячелетнего генома человека из китайской пещеры Тяньюань показал его генетическую близость к предкам популяций Восточной и Юго-Восточной Азии и обозначил картину популяционного разнообразия в верхнем палеолите. Исследователи полагают, что 40-35 тыс. лет назад на территории Евразии обитали не менее четырех популяций, которые в разной степени оставили генетический след в современном населении.

Палеогенетики изучили геном одного из самых древних анатомически современных людей — из китайской пещеры Тяньюань, возрастом около 40 тыс. лет. Статья об этом исследовании опубликована в журнале Current Biology, первый автор Мелинда Янг (Melinda A. Yang) из Института палеонтологии и палеоантропологии Китайской академии наук, при участии проф. Сванте Паабо (Институт эволюционной антропологии Общества Макса Планка).

Специалисты по древней ДНК уже работали с образцом из бедренной кости индивида Тяньюань: в группе Сванте Паабо в 2013 году секвенировали его митохондриальную ДНК, 21-ю хромосому и совсем небольшой кусочек остального ядерного генома (статья в журнале PNAS). В частности, они установили, что это был мужчина.

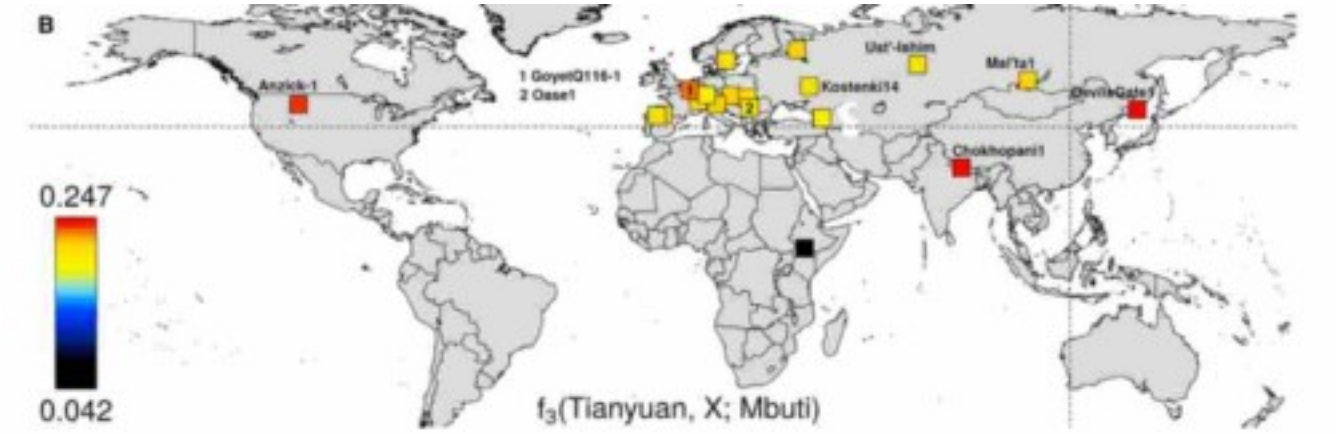
Но в данной работе генетики пошли дальше. Поскольку человеческая ДНК из такого древнего образца была очень сильно загрязнена микробной ДНК, они использовали метод гибридизации с олигонуклеотидами для ее обогащения и получили 71 с лишним миллионов фрагментов, содержащих примерно 3,7 млн SNP. Затем применили технологию SNP capture (когда секвенируется не вся последовательность, а только окружение целевых SNP). В результате им удалось секвенировать фрагменты, содержащие в сумме более двух млн SNP, с покрытием 2,98 (столько раз был прочитан каждый нуклеотид), для такого древнего образца это очень хороший уровень надежности.

Геном Тяньюань проанализировали вместе с другими древними геномами примерно того же времени, а также с современными геномами из разных популяций мира. Прежде всего, исследователи подтвердили вывод, который был сделан еще в 2013 году на ограниченном материале, — Тяньюань оказался более близок к современным геномам жителей Азии, чем к геномам современных европейцев. При подсчете числа аллелей общего происхождения, выяснилось, что у Тяньюань больше всего таковых с жителями Восточной и Юго-Восточной Азии, Океании и с американскими индейцами. Это генетическая близость, вычисленная методом f3 статистики, отражена на рисунке. Число аллелей общего происхождения у Тяньюань с геномами популяций мира соответствует цветовой шкале: более теплые цвета — больше общих аллелей.



Генетическая близость современных популяций к геному Тяньюань (по f3 статистике). Большая генетическая близость соответствует теплым тонам на цветовой шкале.

Проведенное тем же методом сравнение Тяньюань с древними геномами показало его большее сходство с древними образцами из Восточной Евразии и Америки, чем из Западной Евразии.



Генетическая близость древних геномов к геному Тяньюань (по f3 статистике). Большая генетическая близость соответствует теплым тонам на цветовой шкале.

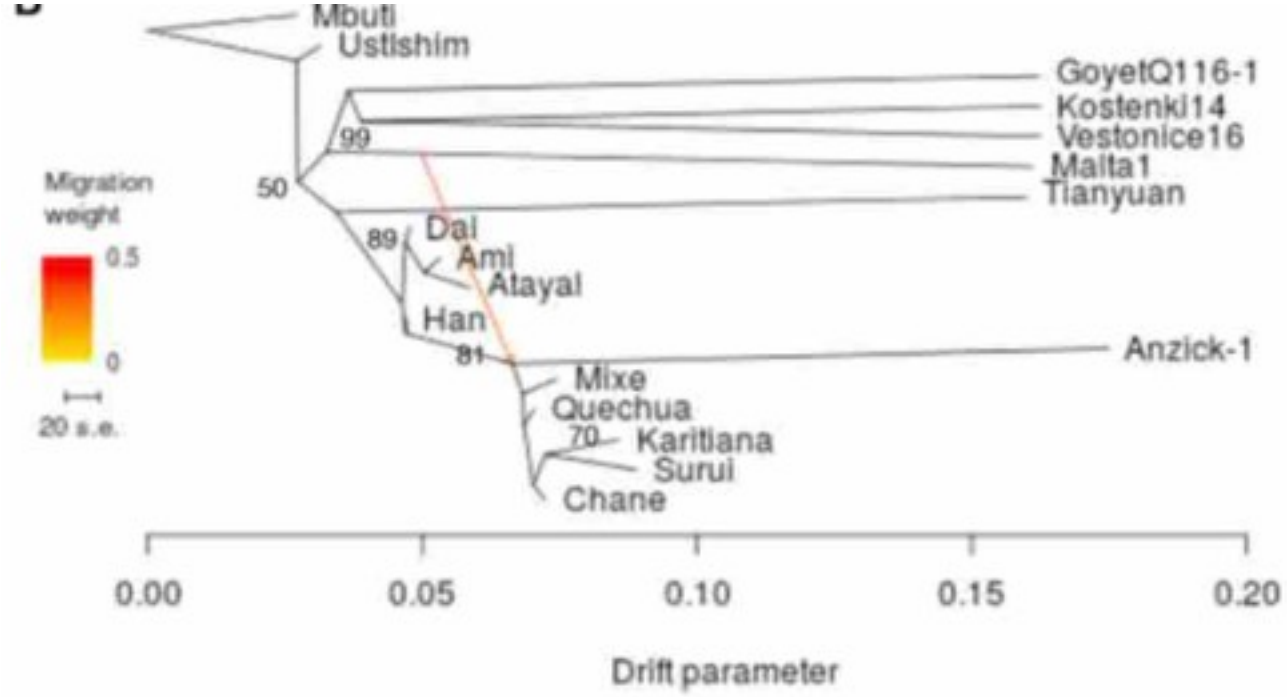
Из этого следует, что Тяньюань принадлежал к популяции, предковой для более позднего населения азиатского происхождения. Его возраст показывает, что генетическое разделение Европы и Азии должно было произойти раньше, чем 40 тыс. лет назад. Как отмечают авторы, это согласуется с молекулярно-генетической датировкой разделения европейских и азиатских ветвей, полученной по сравнению мутаций. Правда, когда авторы проверили этот вывод другим методом, они изменили его на более осторожный: Тяньюань принадлежал не к непосредственным предкам популяций Восточной и Юго-Восточной Азии, но, скорее, к популяции, которая отделилась от этой предковой ветви.

Теперь картина заселения Евразии в эпоху верхнего палеолита представляется так. По меньшей мере, до 35 тыс. лет назад на территории континента обитали одновременно несколько генетически различных популяций, не менее четырех. Одна популяция, представленная индивидом Костенки-14 (возраст 37 тыс. лет), внесла вклад в геном современных европейцев. Вторая популяция, представленная индивидом из Тяньюань (возраст 40 тыс. лет), внесла вклад в геном современных восточно- и юговосточноазиатских популяции. Одну или более популяций представляют индивиды из Усть-Ишима (возраст 45 тыс. лет) и Oase-1 (возраст 40 тыс. лет), не оставившие заметного генетического следа в современном населении.

Есть один факт, который авторы пока могут объяснить лишь гипотетически. Тяньюань показал неожиданно большое сходство по числу аллелей общего происхождения с геномом индивида из Бельгии GoyetQ116-1 возрастом 35 тыс. лет, гораздо большее, чем с другими верхнепалеолитическими геномами Западной Евразии. Авторы предполагают, что, несмотря на большое географическое расстояние между Тяньюань и GoyetQ116-1, у них могли быть общие предки из популяции, в которую не входили остальные верхнепалеолитические индивиды.

Ранее было показано, что восточноевропейские охотники-собиратели из Карелии (Оленеостровский могильник) несут генетический компонент азиатского происхождения. Теперь найдено неожиданное сходство китайского древнего генома с западноевропейским GoyetQ116-1. Все это приводит авторов к заключению, что популяционно-демографическая картина верхнепалеолитической Евразии была довольно сложна: включала не только разделение популяций, но и генетические потоки между ними.

Предположительные связи между Тяньюань и другими древними и современными популяциями представлены на рисунке.

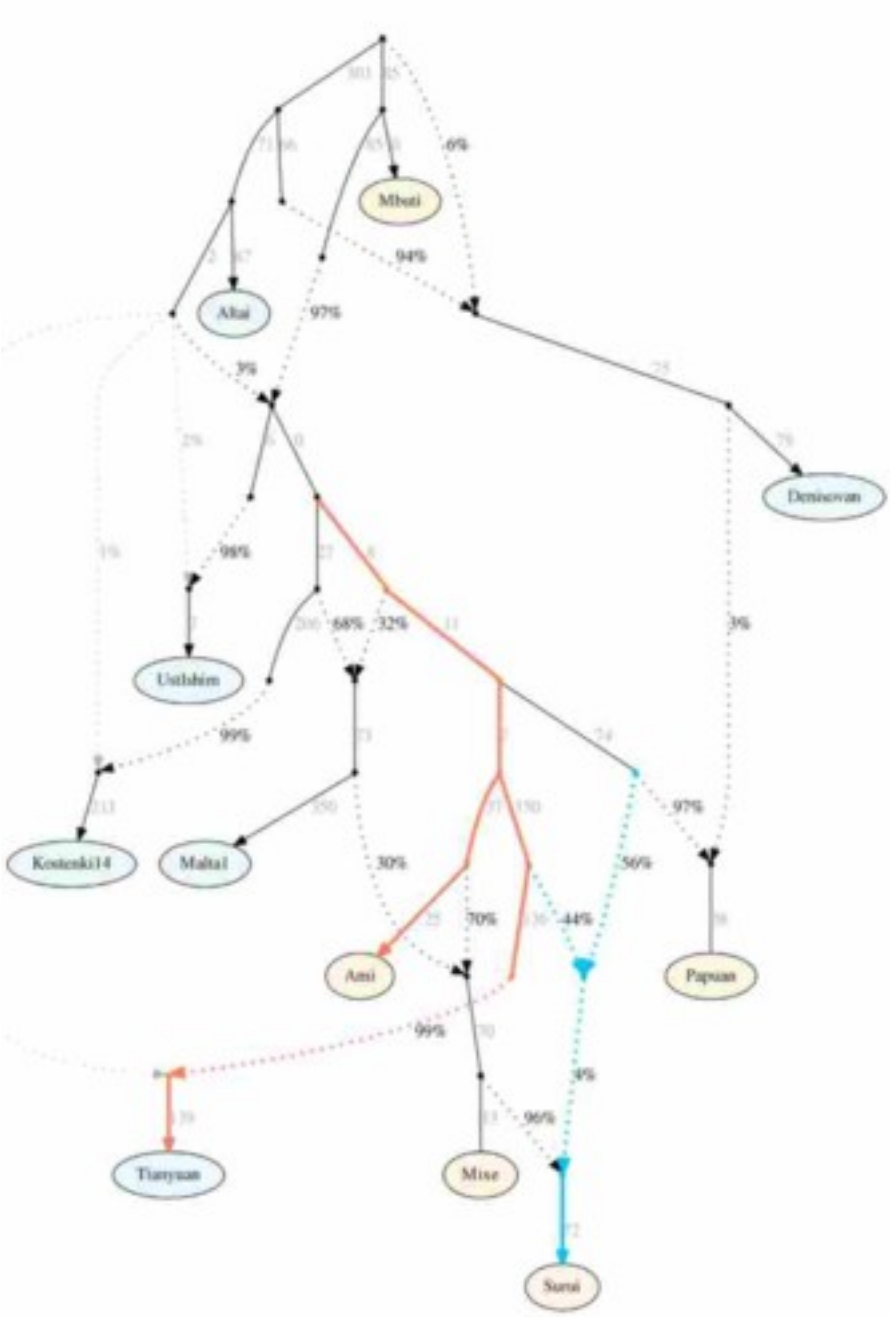


Родственные связи между древними геномами и современными популяциями. Mbuti – африканская популяция сравнения; Усть-Ишим (45 тыс. лет назад, Сибирь); GoyetQ116-1 (35 тыс. лет назад, Бельгия); Костенки-14 (37 тыс. лет назад, Воронежская обл.); Vestonice 16 (31 тыс. лет назад, Чехия); Мальта-1 (25 тыс. лет назад, Сибирь); Тяньюань (40 тыс. лет назад, Китай); Dai, Ami, Atayal, Han – популяции Восточной и Юго-Восточной Азии; Mixe, Quechua, Karitiana, Surui, Chane – популяции американских индейцев; Anzick-1 – геном палеоиндейца. Красной стрелкой показан генетический поток от древних популяций Сибири (образец Мальта) к американским индейцам.

Исследователи нашли, что Тяньюань имел примерно такой же генетический вклад неандертальской ДНК, что и другие верхнепалеолитические евразийцы (4-5%), это больше, чем современные евразийцы (1-2%), что подтверждает гипотезу отбора против неандертальских включений в геном современного человека. Что касается денисовских включений, то они в геноме Тяньюань найдены в том же количестве, чем в современных геномах из материковой Азии, но меньше, чем в геномах из Океании.

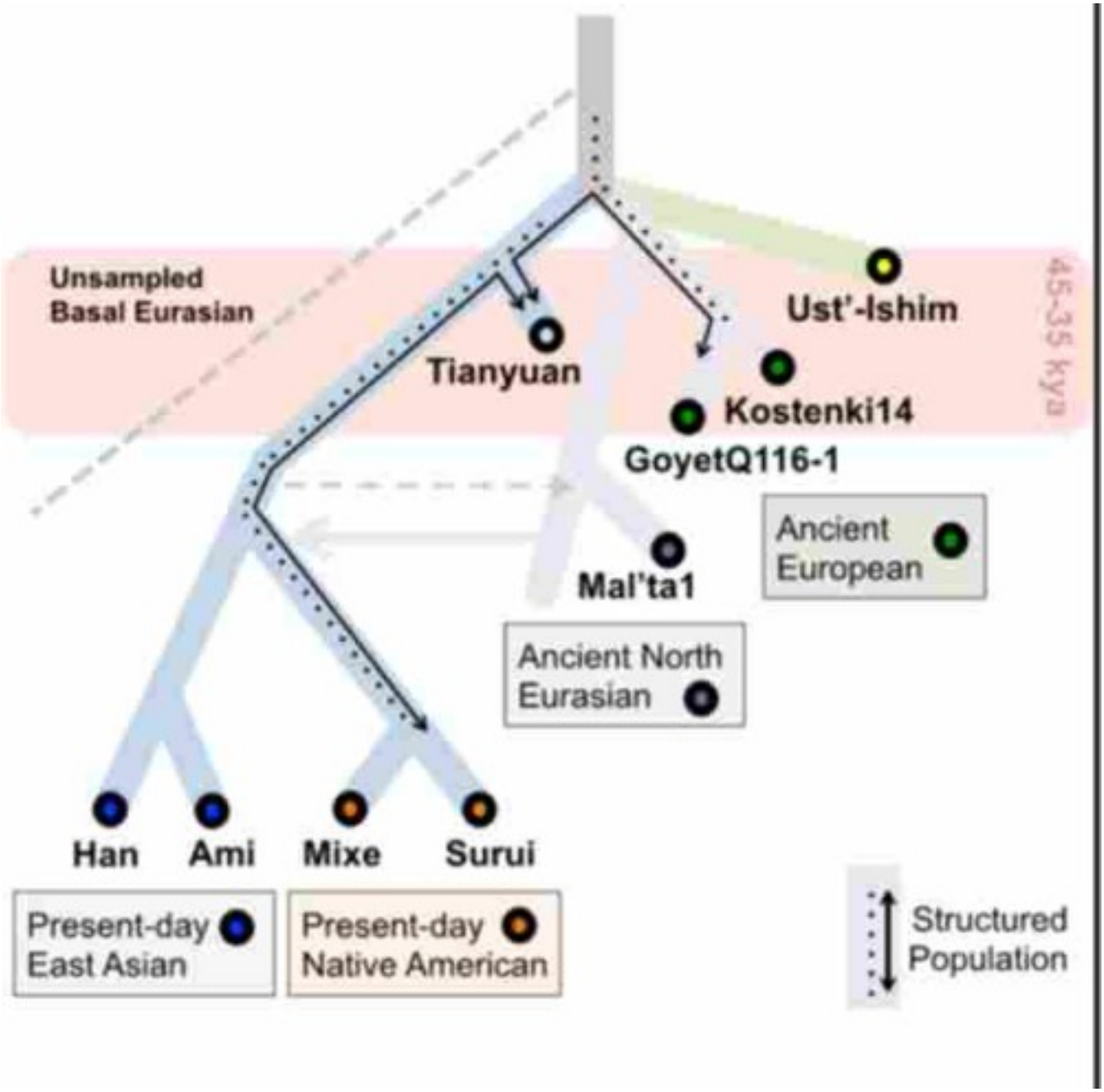
Авторы обращают внимание и на тот факт, что среди всех индейцев Тяньюань наиболее близок к южноамериканским индейцам – суруи и каритиана в Бразилии («амазонские индейцы») и чан. Как было недавно показано, популяции амазонских индейцев генетически близки к популяциям папуасов и онге с Андаманских островов.

Исследователи представили свою модель (*Admixture Graph Model*) родственных связей между Тяньюань, другими древними индивидами и современными популяциями.



Admixture Graph Model, связывающая древние популяции (зеленые овалы) и современные популяции (розовые овалы). Оранжевые линии ведут к популяциям Восточной и Юго-Восточной Азии; голубые линии ведут к американским индейцам. % показывает долю генетических вкладов, цифры на линии показывают число мутационных шагов.

И, наконец, в статье дается предположительная схема заселения Евразии и Америки. На ней показана ветвь, отделившаяся от общего ствола анатомически современных людей после выхода из Африки, так называемых, базальных евразийцев, обозначены местоположения изученных древних геномов и ветви, ведущие к современным популяциям.



Предлагаемая схема заселения Евразии и Америки.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Melinda A. Yang, Xing Gao, Christoph Theunert, …, Svante P€ a€ abo, Janet Kelso, Qiaomei Fu

40,000-Year-Old Individual from Asia Provides Insight into Early Population Structure in Eurasia

Current Biology, 2017, 27, 1–7, https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.09.030

Статью можно скачать в Библиотеке сайта