

Сибирский генетический компонент в Северо-Восточной Европе и популяционная история Финляндии

Анализ 11 древних геномов из Финляндии и с Кольского полуострова выявил сибирский генетический компонент в Северо-Восточной Европе, который впервые появился около 4000 лет назад. Этот компонент присутствует в современных уралоязычных популяциях, что дает основание частично связать его с распространением уральских языков. Исследование проливает свет на генетическую историю Финляндии. Показано, что предки современных саамов проживали на этой территории еще в железном веке, и с приходом сюда предков современных финнов произошла частичная смена генофонда.

Генетическая история популяций Северо-Восточной Европы (саамы, северные русские, мордва, чуваша и финны) не вполне укладывается в модель трех источников генофонда современных европейцев (эти [три источника](#) – европейские охотники-собиратели, первые европейские земледельцы и степные кочевники-скотоводы ямной культуры). В геномах популяций Северо-Восточной Европы кроме этих трех явно выявляется восточноазиатский компонент, природа которого пока не выяснена. Много вопросов вызывает происхождение финнов, которые по особенностям генофонда сильно отличаются от других европейских популяций. Наконец, интересна генетическая история саамов, так как предполагают, что носители саамских языков жили на обширной территории, в том числе и в Финляндии, до 1-го тысячелетия н.э.

В новой статье, [которая появилась на сайте препринтов](#), представлены полногеномные данные от 11 древних индивидов с территории Финляндии и России (Кольский полуостров), возраст останков составляет от 3500 до 200 лет. В этой же работе авторы секвенировали с высоким покрытием геном современного саама и использовали опубликованные данные по другим саамским геномам. Среди соавторов статьи – авторитетные специалисты по древней ДНК: Сванте Паабо, Вольфганг Хаак, Йоханнес Краузе, участвуют и российские ученые: Вячеслав Моисеев, Валерий Хартанович (Музей антропологии и этнографии им. Петра Великого – Кунсткамера) и Олег Балановский (Институт общей генетики РАН и Медико-генетический научный центр).

Изученные в работе древние геномы относятся к трем периодам.

6 индивидов из захоронения на Большом Оленьем острове (Мурманская область, Кольский полуостров) принадлежат к эпохе раннего металла, датируются 1610-1436 до н.э. Ранее были опубликованы данные по митохондриальной ДНК этих индивидов. Сегодня в этом регионе проживают саамы.

7 индивидов найдены на раскопках в Levänluhta, захоронении в Финляндии, которое датировано финским железным веком (800-400 до н.э.). Сегодня здесь живут финны и шведы.

2 индивида из саамского захоронения в Chalmny Varre, на Кольском полуострове, относятся к 18-19 вв.

В дополнение авторы секвенировали полный геном современного саама (с покрытием 17,5x — число прочтений каждого нуклеотида), для которого ранее были опубликованы данные по генотипированию.

Для древних геномов они использовали подход SNP-capture, то есть секвенировали не весь геном, а окружающие области 1 237 207 целевых однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Секвенированные фрагменты древних геномов были картированы с использованием референсного генома человека. Данные по 11 древним геномам проанализировали в контексте 3333 современных геномов, генотипированных на платформе Affymetrix Human Origins, и 511 опубликованных древних геномов.

Географическое расположение древних индивидов, изученных в данной работе и использованных при анализе, показано на карте.



Географическое расположение древних образцов. Ромбиками показаны образцы, изученные в данной работе. Кржочками – ранее изученные и опубликованные.

Восточный генетический след в Северной Европе

Изученные геномы разместили на графике анализа главных компонент (PCA), построенном по 1320 современным геномам Европы и Азии. Как и ожидалось, популяции Западной Евразии и Восточной Азии разделились по двум сторонам графика: слева и справа, соответственно. Между ними расположились популяции, в которых эти компоненты смешиваются, с разным градиентом.

Наибольшее значение для анализируемых популяций, пишут авторы, имеет градиент смешения между Северо-Восточной Европой и севером Сибири (нганасаны), охватывающий популяции, говорящие на уральских языках, на графике они обозначены сиреневым цветом. В этот «уральский клин» попали 10 из 11 древних образцов, изученных в данной работе. Исключение составил один образец из Levänluhta, который попал близко к современным литовским, норвежским и исландским популяциям.

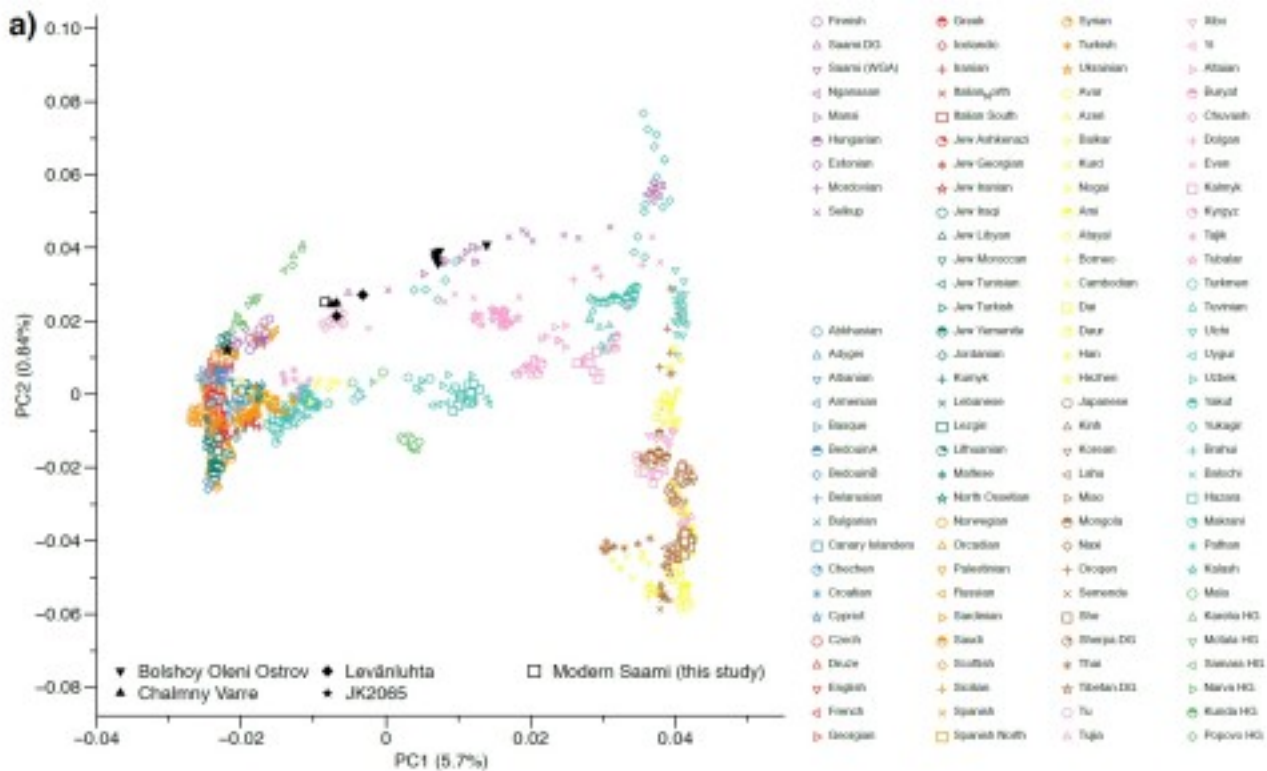


График анализа главных компонент (PCA), построенный по современным геномам 113 популяций Евразии, на который спроецированы изученные древние геномы (черные значки). «Уральский клин» обозначен сиреневым цветом.

Авторы отмечают, что два индивида из Levänluhta (черные квадратики) и два образца древних саамов с Кольского полуострова (черные треугольники вершиной вверх) оказались очень близко к двум опубликованным геномам современных саамов (Saami.DG) и новому секвенированному геному саама, представленному в этой статье. Это говорит о генетической преемственности в регионе с железного века до наших дней.

Они также отмечают, что 6 древних индивидов с Большого Оленьего острова (черные треугольники вершиной вниз) оказались расположены вдоль «уральского клина» наиболее близко к сибирским популяциям и особенно близко к современным манси.

Исследователи провели и анализ предковых компонентов в геномах по методу ADMIXTURE. На рисунке представлен график этого анализа при заданном числе предковых популяций K=3.

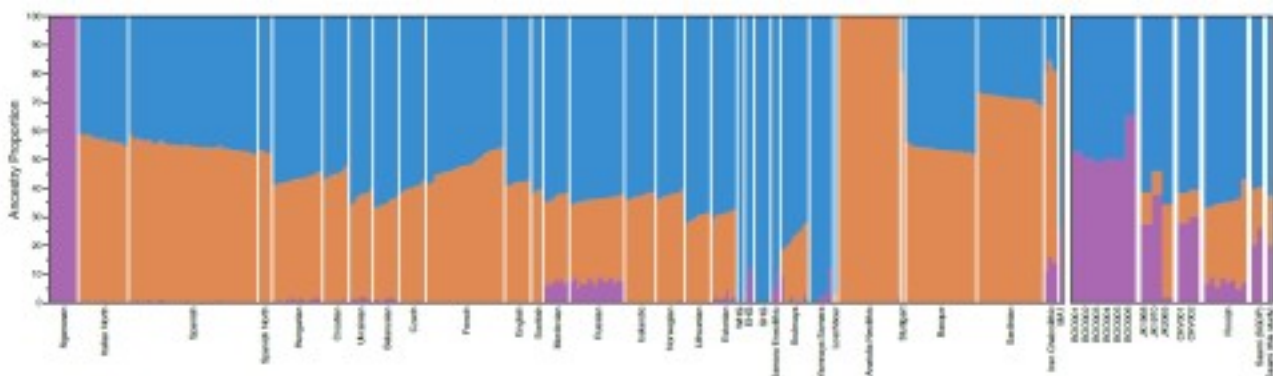


График анализа ADMIXTURE (K=3) для современных популяций Западной Евразии и древних образцов. Сибирский компонент представлен популяцией нганасан (сиреневый цвет).

График показывает, что популяции Северо-Восточной Европы имеют в составе предков сибирский генетический компонент (сиреневый), максимальный у нганасан. Синим цветом показан компонент европейских охотников-собирателей оранжевым —

компонент первых европейских земледельцев.

Среди современных европейцев сибирский генетический компонент максимален у саамов, такая же его доля была найдена у древних саамов (на графике столбики с индексом CHV). Сибирский генетический компонент был найден у двух из трех индивидов из Levänluhta (столбики с индексом JK), а наибольшую его долю обнаружили у шести индивидов с Большого Оленьего острова (столбики с индексом BOO) – от 49.4 до 65.3 %. Что касается других древних геномов, то сибирский компонент имеется у восточноевропейских охотников-собирателей (EHG), авторы пишут, что он соответствует ранее описанному компоненту древних северных евразийцев (ANE). А западноевропейские (WHG) и скандинавские (SHG) охотники-собиратели его не имеют.

Сибирский компонент прослеживается у индивидов с Большого Оленьего острова и по мтДНК: у них найдены митохондриальные гаплогруппы Z1, C4 и D4, частые в Сибири. Что касается Y-хромосомы, то у двух мужчин найдена гаплогруппа N1c1a1a; ее материнская ветвь N1c доминирует в Северо-Восточной Европе, особенно в уралоязычных популяциях.

Когда и как сибирские гены попали на север Европы?

При помощи нескольких линий доказательств (методы *f3* статистики, *qpAdm*) было показано, что происхождение популяций Северо-Восточной Европы (эстонцы, саамы, финны, мордва) – это результат смешения между европейскими и сибирскими популяциями. Для оценки времени появления сибирского компонента в Северо-Восточной Европе авторы использовали метод ALDER. Он показал, что в геномы индивидов с Большого Оленьего острова этот компонент попал около 4000 (3977) лет назад. Это самое раннее появление сибирского генетического компонента в Северо-Восточной Европе, но он продолжал поступать туда и с более поздними волнами миграций.

В дискуссии авторы обсуждают полученные ими доказательства сибирского генетического компонента в Северо-Восточной Европе в контексте других наук. В качестве археологических свидетельств восточной миграции они упоминают асбестовую керамику в районе Ловозеро (Мурманская область) во 2-м тысячелетии до н.э., особенность наконечников стрел, распространенных в Лапландии с 1990 до н.э. и, наконец, якутскую ымыяхтахскую культуру, которая распространялась на Кольском полуострове в течение этого периода.

Контакты между Сибирью и Европой зафиксированы также в лингвистике. И тот факт, что сибирский генетический компонент присутствует во всех уралоязычных популяциях, за исключением Венгрии, позволяет предполагать, что он может быть связан с распространением уральских языков в регионе.

Хотя эта модель может быть слишком упрощенной, пишут авторы. Во-первых, появление сибирского компонента на Кольском полуострове 4000 лет назад, по большинству лингвистических оценок, предшествует распространению уральских языков в регионе. Во-вторых, как показал анализ, генетическое смешение европейского и сибирского компонентов происходило по сложной схеме и не сводилось к одному событию смешения. И если сибирский генетический компонент распространялся параллельно с уральскими языками, то лишь частично, поскольку в некоторые популяции он уже попал раньше.

Древние саамы или древние финны – кто был первым?

Исследование проливает свет на популяционную историю Финляндии. Основной дискуссионный вопрос этой истории состоит в том, кто раньше поселился на этой территории – предки саамов или финнов. По мнению многих лингвистов, саамский язык был распространен на территории Финляндии еще до прибытия сюда предков современных финнов. Исторические предания говорят о «лаппах», живших здесь еще в 1500-х, и не совсем ясно, говорили ли они еще на саамском или некоторые уже на финском. По этой гипотезе, предки современных финнов, прибывшие сюда, заместили местное население (вероятно, предков современных саамов), частично смешавшись с ним.

Авторы, используя метод *f4* статистики, проверили, к кому генетически ближе индивиды эпохи железного века из Levänluhta – к современным саамам или финнам. Результаты показали, что к саамам. Это подтверждает гипотезу, что предки саамов на территории Финляндии жили раньше, чем предки финнов.

По-видимому, ареал предков саамов был гораздо обширнее и дальше заходил на юг, современные саамы проживают намного севернее. В период бронзового века на территории Финляндии (по крайней мере, на ее западе), очевидно, произошла смена генофонда. Параллельно происходила и смена языка – с саамского на финский. Но чтобы реконструировать картину генетической истории в масштабах всей Финляндии, необходимы дальнейшие исследования древней ДНК.

Источник:

[Ancient Fennoscandian genomes reveal origin and spread of Siberian ancestry in Europe](#)

Thiseas C. Lamnidis, Kerttu Majander, Choongwon Jeong, Elina Salmela, Anna Wessman, Vyacheslav Moiseyev, Valery Khartanovich, Oleg Balanovsky, Matthias Ongyerth, Antje Weihmann, Antti Sajantila, Janet Kelso, Svante Pääbo, Päivi Onkamo, Wolfgang Haak, Johannes Krause, Stephan Schiffels.