

# История постколумбовой Америки в генетическом зеркале

**Реконструирована генетическая история популяций из 12 стран Северной, Центральной и Южной Америки по широкогеномным данным. Изучены особенности генетических потоков в Америку из различных регионов Европы и Африки за последнюю половину тысячелетия, определены количество и время событий смешения в разных популяциях, а также гендерные особенности некоторых генетических потоков. Рассматривается отражение в генетической истории известных исторических событий – от европейской колонизации Америки до миграций XIX-XX веков.**

Генетический ландшафт Америки — Северной и Южной, сформировался сложным образом. После первоначального заселения, которое началось около 15 тыс. лет назад с первыми переселенцами из Берингии, континенты испытали несколько масштабных миграций из Старого Света. Прежде всего, это европейская колонизация, которая началась после открытия Америки Колумбом в 1492 году. Западные европейцы начали активно исследовать и заселять континент, что драматически повлияло на коренное население – белый человек принес войны и инфекции. Европейская колонизация сформировала основу генофонда современного американского населения. В XVI веке началась депортация в Америку рабов из Африки, инициированная португальцами и испанцами, продолжавшаяся до XIX века и оказавшая большое влияние на генетическое разнообразие населения. В XIX и XX веках происходили масштабные миграции в Америку из Европы, главным образом, в США, в меньшей степени в Бразилию, Аргентину и другие страны.

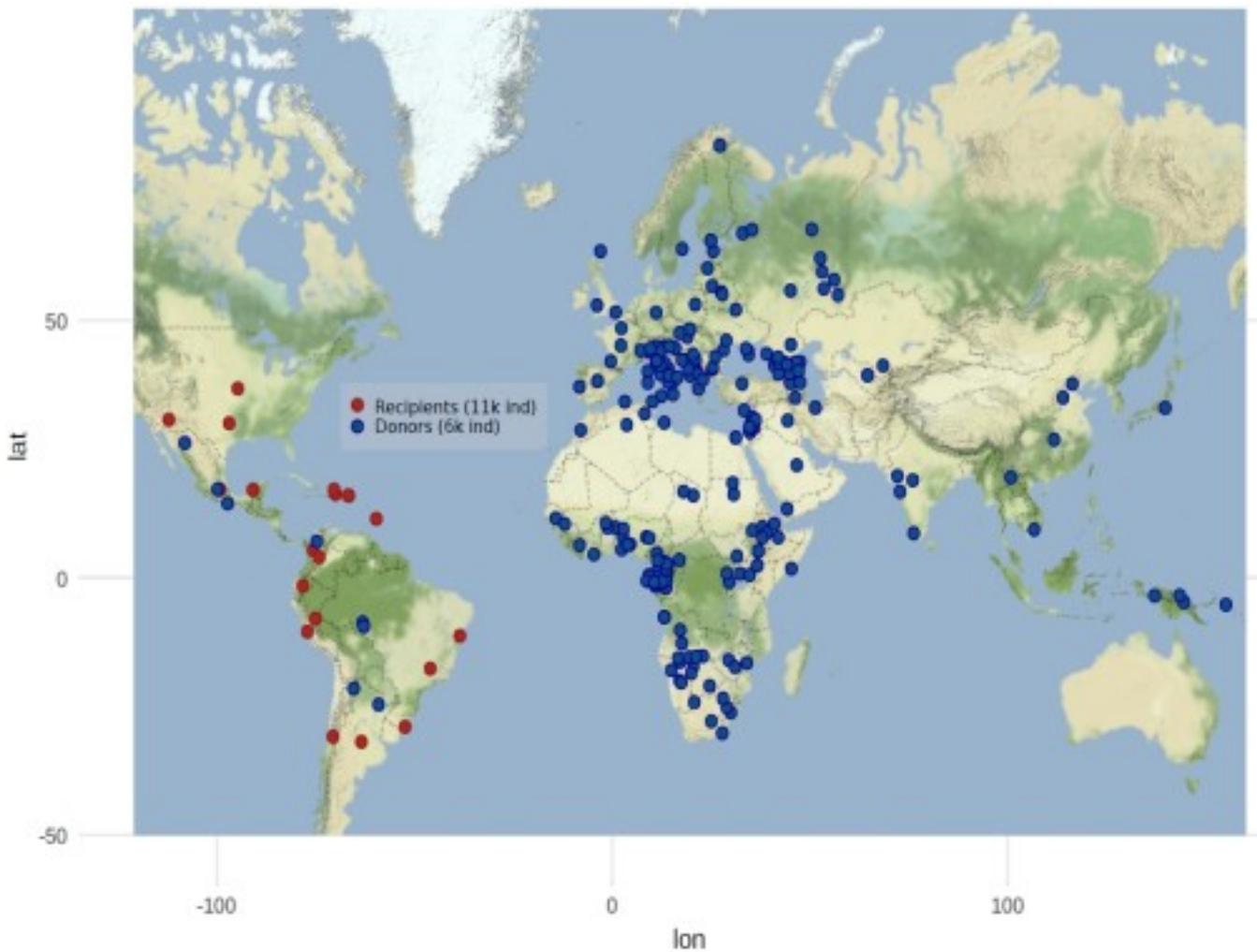
Анализ генетического разнообразия американских популяций по широкогеномным данным провела большая международная команда исследователей при координации специалистов из Эстонского биоцентра Университета Тарту; в работе приняли участие и российские генетики из Института общей генетики РАН и Медико-генетического научного центра. Впервые были собраны широкогеномные данные от 17722 человек, включая 12000 человек из Северной, Центральной и Южной Америки и 6115 человек из Африки, Европы, Азии и Океании. Статья с результатами работы [опубликована в журнале Current Biology](#).

Авторы использовали методы, основанные на анализе гаплотипов и частоты аллелей, чтобы: 1) реконструировать происхождение американских популяций, 2) датировать события генетического смешения, 3) оценить степень и величину гендерного дисбаланса в генетическом смешении, 4) изучить демографическую динамику различных континентальных компонентов после смешения.

## Мозаика происхождения американских популяций

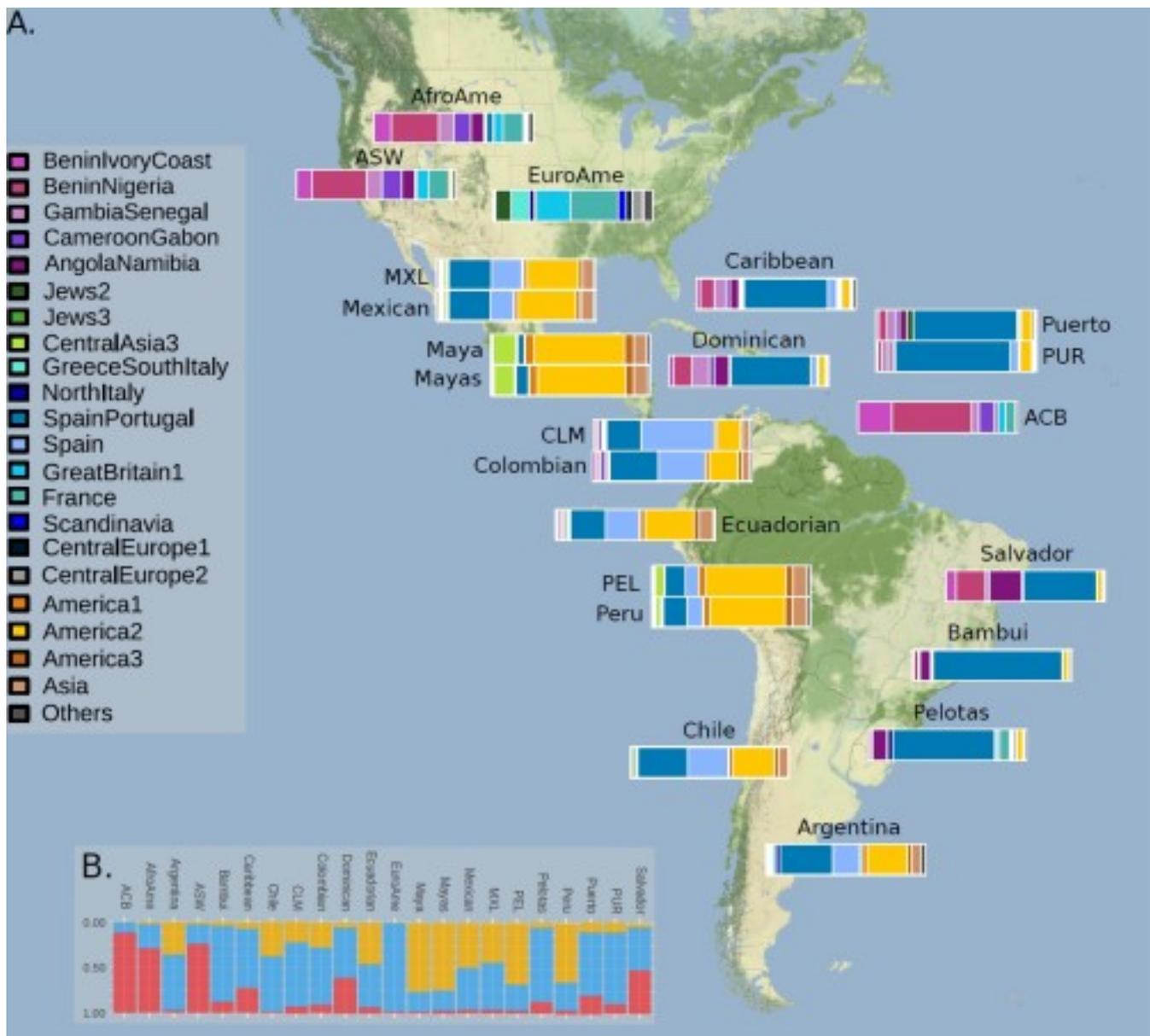
Для удобства анализа генетические данные от 6115 индивидов, которые представляли 239 популяций — доноров генетических потоков, авторы сгруппировали в 89 генетически гомогенных кластеров на основе сходства гаплотипов, используя методы CHROMOPAINTER и fineSTRUCTURE. 41 и 40 кластеров были западноевразийскими и африканскими, соответственно, 3 кластера – представляли коренное население Америки, остальные 5 — Океанию и Восточную Азию.

На карте красным цветом представлены 22 популяции-реципиенты (изучаемые американские популяции) и синим цветом – популяции-доноры с разных континентов (в том числе и популяции коренного населения Америки – американских индейцев).



Изученные в работе популяции Северной, Центральной и Южной Америк (популяции-реципиенты) показаны красным цветом. Популяции-доноры с разных континентов показаны синим цветом.

22 американских популяции авторы представили как смесь донорских генетических кластеров, используя для этого метод SOURCEFIND, основанный на байесовском алгоритме.



A. Цветные баркоды показывают участие разных генетических кластеров популяций-доноров в генофонде 22 американских популяций. Наиболее часто встречающиеся кластеры указаны на легенде. B. Доли континентальных генетических компонентов для изученных популяций. Красным цветом обозначены африканские компоненты, голубым – европейские, желтым – компоненты коренных американцев и Азии.

### Европейский вклад в американские популяции

Наибольшая доля европейского генетического вклада найдена, как и следовало ожидать, у американцев европейского происхождения (EuroAme). Она также высока в популяциях Карибского бассейна, максимальная у PUR (Пуэрто-Рико, 79%), в Мексике составляет 42% и 48% (для популяций Мехисапи и MXL), а в целом в Южной Америке варьирует от 22% у PEL (Перу) до 82% у бамбуи (Бразилия).

Если разложить европейский вклад в американские популяции по отдельным компонентам, то наблюдаются региональные различия. В США и странах Карибского бассейна (Барбадос) преобладают британский и французский компоненты; за ними следуют компоненты Греции, Италии, Центральной Европы и Скандинавии, что отражает состав европейских миграций в Америку в XIX–XX веках. В то же время в Мексике, в странах Карибского бассейна и в Южной Америке преобладает вклад с Иберийского полуострова, отражающий состав миграций в колониальную эру. В Южной Америке значителен генетический вклад Италии, в котором проявилась масштабная миграционная волна из Италии XIX века. У афроамериканцев в составе европейского генетического вклада преобладают компоненты Центральной и Южной Европы.

### Африканский вклад в американские популяции

Генетический вклад Африки южнее Сахары максимален у афроамериканцев (69%), популяции ASW (74.1%) и в Барбадосе (87,1%), он также относительно высок в популяциях Карибского бассейна и в Бразилии. В целом преобладает вклад Западной и Центральной Африки. Наибольшая доля африканского вклада приходится на компоненты Бенин/Берег слоновой кости и Бенин/Нигерия – это основные источники британской работорговли. Напротив, в Бразилии основные африканские генетические компоненты происходят из Анголы и Намибии – основных источники португальско-испанской работорговли.

### **Вклад американских индейцев**

Если не считать популяцию майя, где индейский вклад более 65%, вклад американских индейцев высок в Мексике (41%) и Южной Америке, например, в Перу (59.2%), в Эквадоре (37%), в Аргентине (31%).

### **Вклад евреев и Ближнего Востока**

Генетический вклад евреев имеется у евро-американцев и афроамериканцев, причем значительна доля людей, у которых он составляет более 5%: среди афроамериканцев таковых 3,8%, а среди евро-американцев — 26,7%.

Компонент евреев и Ближнего Востока значителен в Южной Америке: в Чили (16%), Аргентине (12%), Колумбии (8%), Мексике (5,4%), Бразилии (2,8%), Перу (2,3%).

### **Время генетического смешения**

Для вычисления числа и времени генетических событий смешения авторы использовали метод GLOBETROTTER. Одно событие генетического смешения имело место от 6 до 11 поколений назад в истории 14 популяций (ASW, Барбадос, Майя (две популяции), Перу (PEL и Peru), Сальвадор, Эквадор, Колумбия, Мексика (MXL), Аргентина, Чили, Пуэрто-Рико). В популяциях Барбадоса и ASW смешивались генетические компоненты Британии/Франции и Бенин/Нигерии. В популяциях Майя, Перу, Пуэрто-Рико, Эквадора, Колумбии, Мексики, Аргентины и Чили смешивались компоненты Иберийского полуострова (или Южной Европы) и американских индейцев. В Сальвадоре смешивались компоненты Иберийского полуострова и кластера Камерун/Габон. Для двух популяций Карибского бассейна – Пуэрто-Рико (PUR) и Доминикана, показано смешение более чем двух источников из Европы, Африки и Америки, что произошло 9-11 поколений назад.

Оставшиеся 6 популяций (Mexican из Мексики, евро-американцы, пелотас (Бразилия), популяции Карибского бассейна, афроамериканцы и бамбуи (Бразилия) продемонстрировали признаки как минимум двух событий смешения, включающих источники из Америки, Европы и Африки, случившиеся 6-8 поколений назад.

Авторы отмечают следующие закономерности. Для европейских генетических источников смешение с иберийским компонентом произошло значительно раньше, чем с британским и французским компонентами, а они, в свою очередь, были получены раньше, чем итальянский. Для африканских генетических источников компонент Сенегал/Гамбия был получен раньше, чем все остальные, а компонент Ангола/Намибия самый недавний.

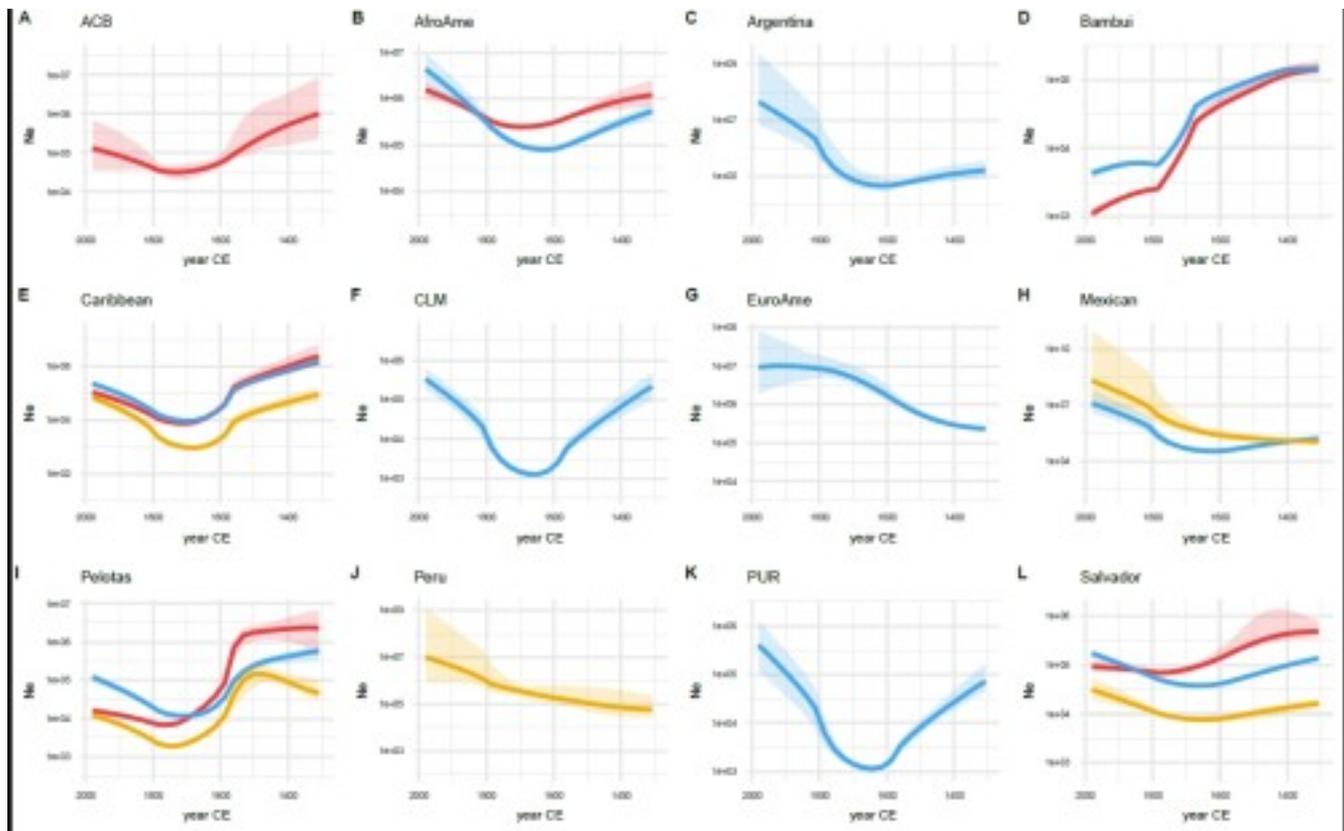
### **Гендерный дисбаланс в генетических потоках**

Для оценки соотношения мужчин и женщин в генетических потоках разного происхождения исследователи сравнивали доли континентальных компонентов по методу ADMIXTURE, вычисленные по аутосомным данным и по X-хромосоме. В отношении европейских генетических источников это соотношение выявило преобладание мужчин над женщинами. Это согласуется с тем, что европейская колонизация осуществлялась мужчинами, и в период поздних миграций среди переселенцев в Америку мужчины также преобладали.

Обратное соотношение выявлено для генетического компонента американских индейцев, в нем преобладала доля женщин. Очевидно, индейские женщины чаще рожали детей от белых мужчин, чем наоборот. Что касается африканского генетического компонента, в большей части популяций гендерного дисбаланса не обнаружено. А в восьми популяциях анализ показал преобладание женщин. Этот результат противоречит историческим данным, поскольку среди ввозимых африканских рабов было определено больше мужчин. Авторы считают, что этот результат отражает сложную демографическую динамику, в частности, то, что чернокожие женщины в Америке имели больше шансов иметь детей, чем чернокожие мужчины.

## Динамика демографической истории популяций

Наконец, авторы проследили за динамикой изменения величины континентальных генетических компонентов в разных популяциях. На графиках показаны изменения эффективного размера популяции ( $N_e$ ) в изученных американских популяциях для европейского компонента (голубая линия), африканского компонента (красная линия) и компонента американских индейцев (желтая линия). Для большинства популяций демографические кривые показывают снижение величины всех континентальных генетических компонентов примерно 10 поколений назад, а затем восстановление.



Демографическая динамика популяций. Показано изменение величины континентальных генетических компонентов в разных популяциях в зависимости от времени. По шкале X – время н.э., по шкале Y – эффективный размер популяции  $N_e$ . Голубая кривая показывает европейский компонент, красная – африканский компонент, желтая – индейский компонент.

## Как в генетике отражены исторические события

Итак, реконструируемую генетическую историю населения Америки можно довольно точно соотнести с историческими событиями. Колонизацию Америки в XVI веке начали испанцы и португальцы, затем появились британские и французские колонии. Это соответствует датировкам европейских генетических компонентов в американских популяциях: компонент с Иберийского полуострова самый древний, за ним следуют компоненты Британии и Франции. Более недавний генетический компонент – итальянский, отражает массовую миграцию итальянцев в Америку в XIX и начале XX века.

Эпоха работорговли наложила отпечаток на характер распределения африканского генетического компонента в американских популяциях. Чернокожие рабы из Сенегала и Гамбии депортировались по времени раньше, чем из более южных регионов (Ангола, Намибия), что отразилось в датировке разных африканских кластеров. В Северной Америке преобладают африканские кластеры Бенин/Нигерия и Бенин/Берег Слоновой Кости (Кот-д'Ивуар), что соответствует основным источникам британской работорговли. В то же время в Бразилии основные африканские кластеры – это Ангола и Намибия, основные источники португальской работорговли.

Итак, по выводам, сделанным в статье, работа продемонстрировала, что европейские и африканские потоки генов сформировали генетическое разнообразие населения Северной и Южной Америки в течение последних шести веков, значительно изменив демографию популяций. Эта генетическая история отражает исторические события: европейскую

колонизацию, депортацию рабов, трудовые миграции. Однако для реконструкции ее с большей точностью необходим анализ полногеномных данных из всех американских популяций, дополненный анализом древней ДНК.

*текст Надежды Маркиной*

**Источник:**

Ongaro L., Scliar M.O., Flores R., Raveane A., Marnetto D., Sarno S., Gneccchi-Ruscione G.A., Alarcon-Riquelme M., Patin E., Wangkumhang P., Hellenthal G., Gonzalez-Santos M., King R.J., Kouvatsi A., Balanovsky O., Balanovska E., Atramentova L., Turdikulova S., Mastana S., Marjanovic D., Kovacevic L., Leskovac A., Lima-Costa M.F., Pereira A.C., Barreto M.L., Horta B.L., Mabunda N., May C.A., Moreno-Estrada A., Achilli A., Olivieri A., Semino O., Tambets K., Kivisild T., Luiselli D., Torroni A., Capelli C., Tarazona-Santos E., Metspalu M., Pagani L., Montinaro F. The genomic impact of European colonization of the Americas // Current Biology. Preprint first posted online 2019 June 21. DOI: 10.1101/676437

[https://papers.ssrn.com/sol3/papers.cfm?abstract\\_id=3417946](https://papers.ssrn.com/sol3/papers.cfm?abstract_id=3417946)