Генофонд Литвы на фоне Европы и Западной Сибири

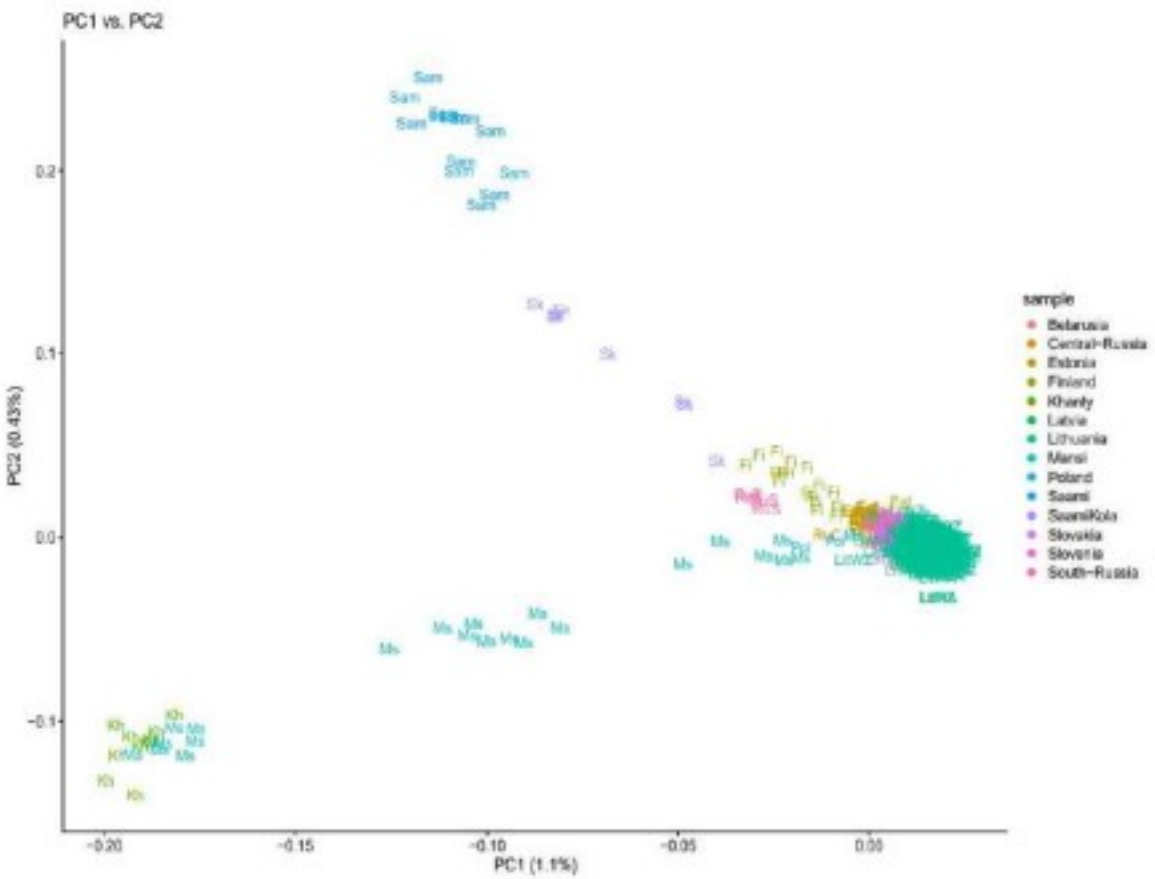
Исследование по полногеномным панелям показало, что литовцы генетически близки к окружающим популяциям (латыши, эстонцы, белорусы) и частично близки к западным и южным славянам (поляки, словаки, словенцы). При этом литовцы сохраняют генетическое своеобразие, что выражается в доминировании одного предкового компонента. Авторы также проследили генетическое влияние популяций Западной Сибири (ханты, манси) на население Балтийского региона и рассчитали время отделения различных ветвей, начиная с западносибирской, на филогенетическом дереве.

Исследовали генетический ландшафт Литвы по полногеномным данным, результаты этой работы опубликованы в журнале Genes . Цель состояла в том, чтобы охарактеризовать генетическое положение Литвы среди европейских популяций и выявить генетические взаимоотношения между Северо-Восточной Европой и Западной Сибирью.

Литва расположена в Балтийском регионе, где соседствуют народы двух языковых семей: индоевропейской и финно-угорской ветви уральской (Эстония). Предыдущие генетические исследования охарактеризовали популяцию литовцев как частично изолированную, сохраняющую древнюю генетическую композицию и генетическую уникальность в европейском контексте. Первые жители этой территории появились около 11 тысяч лет назад, это были охотники-собиратели, пришедшие из Западной Европы. Около 6000-5000 лет назад на восточном побережье Балтики появились финно-угорские племена. Археологические, лингвистические и генетические данные говорят о влиянии финно-угров на балтов; наряду с этим влияние на них оказывали соседние славяне.

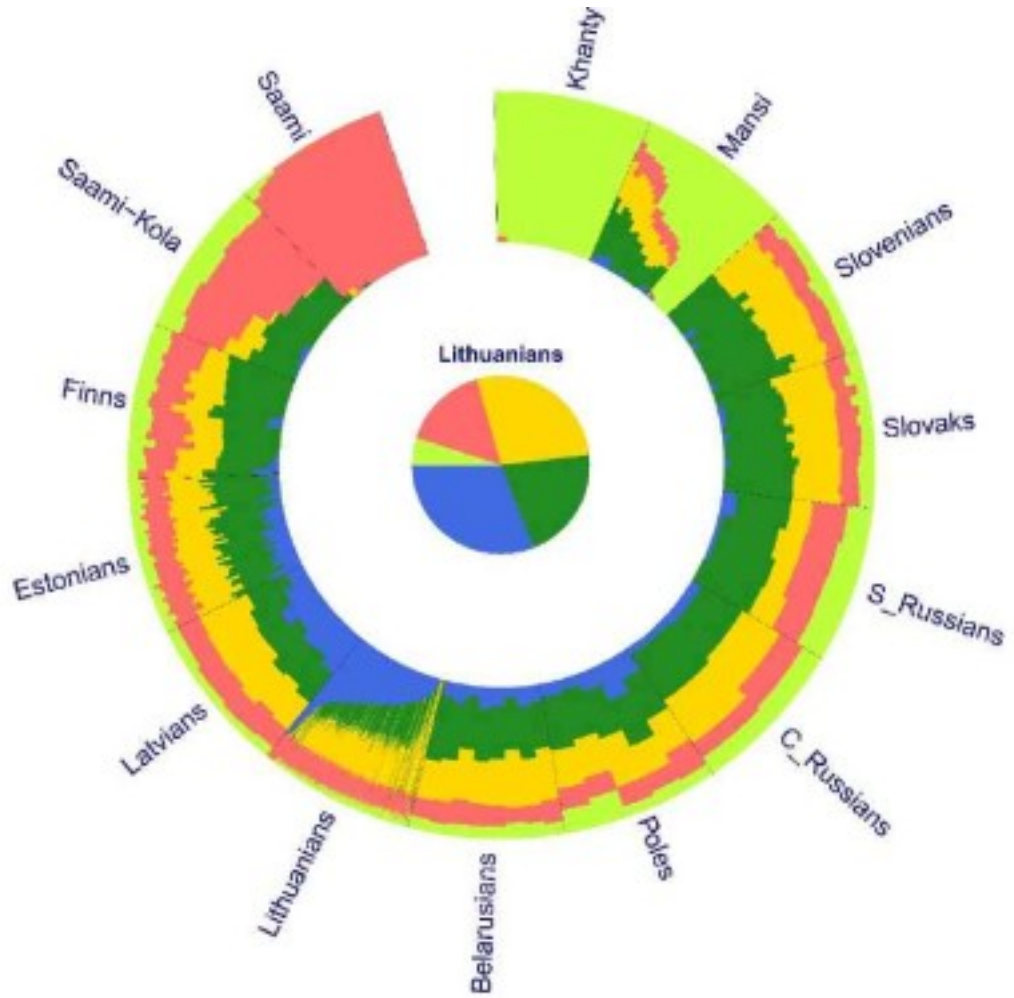
В работе исследованы геномы 425 литовцев. Образцы ДНК были генотипированы на панели Illumina HumanOmniExpress-12v1.1, проанализированы 532 836 аутосомных SNP. В анализе использованы также аутосомные геномные данные из Северо-Восточной Европы (Латвия, Эстония, Беларусь, Центральная Россия, Южная Россия, Финляндия, Польша, саамы, кольские саамы, Словакия и Словения) и Западной Сибири (ханты, манси).

В анализ главных компонент по 105,853 SNP включили 579 геномов. На графике литовцы образовали кластер вместе с латышами, близко к белорусам и эстонцам. Саамы из Швеции и с Кольского полуострова сгруппировались с финнами. Манси оказались разбросаны на графике широко, и некоторые их образцы тяготеют к балтийским и славянским популяциям.



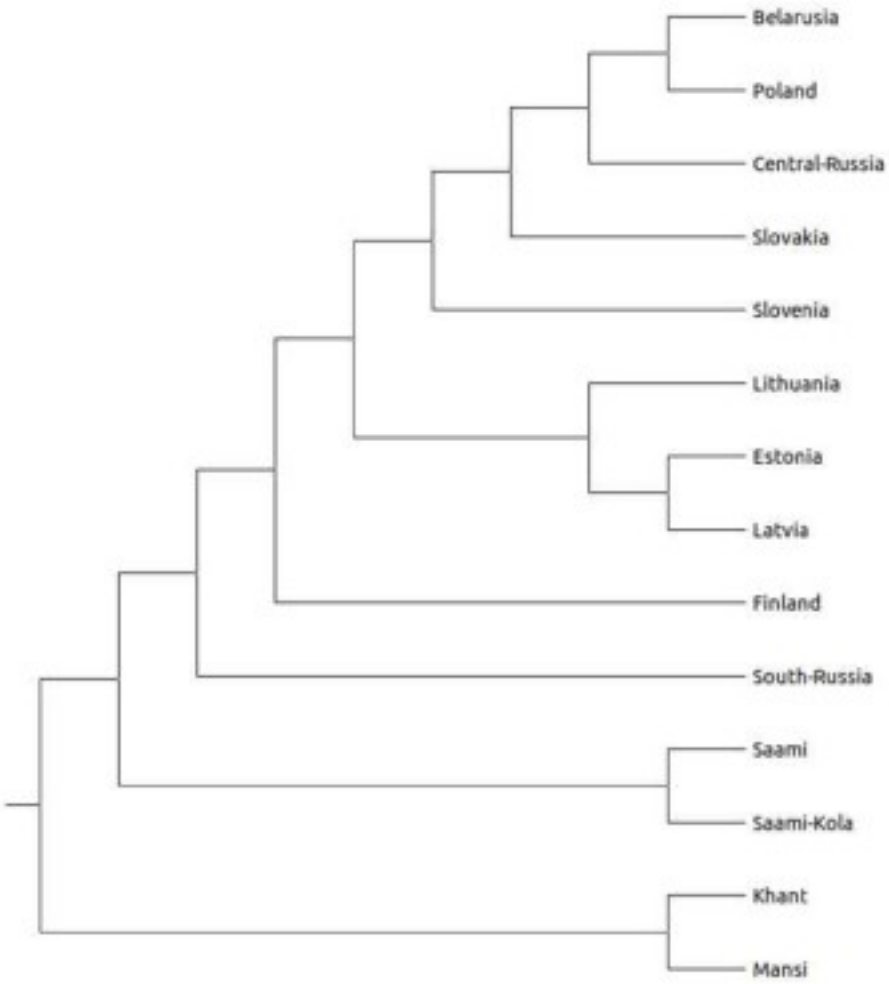
Анализ главных компонент по 105 853 SNP в 579 геномах.

По данным анализа ADMIXTURE при k = 5 литовцы отличаются доминирующим генетическим компонентом (31%), который велик также у латышей (23,4%) и меньше выражен у эстонцев (12%), белорусов (10%) и поляков (13,9%). На графике он обозначен синим цветом. В остальных изученных популяциях этот компонент очень невелик (от 1% до 6%) и отсутствует у саамов и хантов.



Структура генетических компонентов у литовцев и остальных изученных популяций по данным анализа ADMIXTURE при k=5. Доминирующий у литовцев генетический компонент показан синим цветом.

Далее авторы вычислили время разделения между изученными популяциями, используя величину эффективного размера популяции N_e и генетические расстояния F_{ST}, и по этим данным построили филогенетическое дерево. Время разделения между литовцами, популяциями Западной Сибири и саамами они оценили в 9090 и 6500 лет назад, соответственно. Отделение от популяций Восточной Европы произошло около 1000 лет назад, а от популяций Северо-Восточной Европы – около 700 лет назад. Самое древнее разделение – между хантами и популяциями Балтики, произошло 12 250 лет назад, манси и ханты образуют самую раннюю отделившуюся субкладу, за ними следует ветвь саамов. Как и ожидалось, три балтийских популяции формируют отдельную ветвь, наиболее близкую к славянам. Таким образом, порядок отделения ветвей популяций соответствует их географическому расположению.



Филогенетическое дерево, основанное на времени дивергенции между популяциями, построенное по методу UPGMA.

При сравнении геномов литовцев с геномами других популяций авторы выявили сигналы недавнего положительного отбора в нескольких генах, они нашли такие сигналы в 24 регионах, 21 из которых ранее не был описан. Самый сильный сигнал найден в гене *TYRP*1, вовлеченном в светлую пигментацию кожи у европейцев. Обнаружены также сигналы отбора в нескольких генах, ассоциированных с заболеваниями: болезнью Альцгеймера, гипертонией и другими.

Таким образом, исследование на полногеномной панели выявило генетическую близость литовцев к окружающим популяциям (латыши, эстонцы, белорусы) и частичную близость к западным славянам (поляки, словаки, словенцы), при, тем не менее, определенных генетических различиях. Близость некоторых образцов манси в пространстве PCA к балтийским популяциям, а также к словакам и словенцам можно объяснить потоками генов между предковыми популяциями манси и охотниками-собирателями Северо-Восточной Европы, которые происходили от 6,6 до 8 тысяч лет назад. Генетические расстояния указывают на умеренный генетический дрейф между хантами и популяциями Северо-Восточной и Восточной Европы.

Генетическая индивидуальность литовцев выражается в преобладании у них специфического генетического компонента (синий цвет на ADMIXTURE). Предположительно, этот компонент отражает наследие первых поселенцев в балтийском регионе, которое сохраняется в генофонде литовцев. По ранее полученным данным, литовцы несут наибольшую долю предкового компонента западноевропейских охотников-собирателей по сравнению с другими европейскими популяциями. Результаты согласуются с данными (Kushniarevich et al. (2015)), что славяне разделяют некоторые общие генетические компоненты с окружающими балтийскими популяциями. Подтверждается также умеренное влияние финно-угорских популяций на литовцев и латышей.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Alina Urnikyte et al. Genome-Wide Landscape of North-Eastern European Populations: A View from Lithuania // Genes 2021, 12, 1730. https://doi.org/10.3390/genes12111730

Статья в свободном доступе