Древние геномы из Африки позволили реконструировать популяционную структуру современных охотников-собирателей

Анализ ДНК шести древних индивидов из Восточной и Центральной Африки вдвое увеличил древность изученных палеогеномов и позволил понять источники генетического разнообразия африканских охотников-собирателей. По полученным данным, оно является результатом смешения от 80 до 20 тысяч лет назад популяций из трех источников: Восточной, Центральной и Южной Африки. После этого времени сформировавшаяся популяционная структура оставалась довольно стабильной и отразилась в генетическом разнообразии современных охотников-собирателей дождевых лесов Центральной Африки.

Население Африки отличается наибольшим генетическим разнообразием среди всех регионов планеты, в то же время истоки этого разнообразия недостаточно изучены. Причины этого в нехватке данных как по современным, так и, в особенности, по древним геномам, так как ДНК в африканском климате плохо сохраняется. Поэтому любое добавление к исследованным древним геномам из Африки особенно ценно.

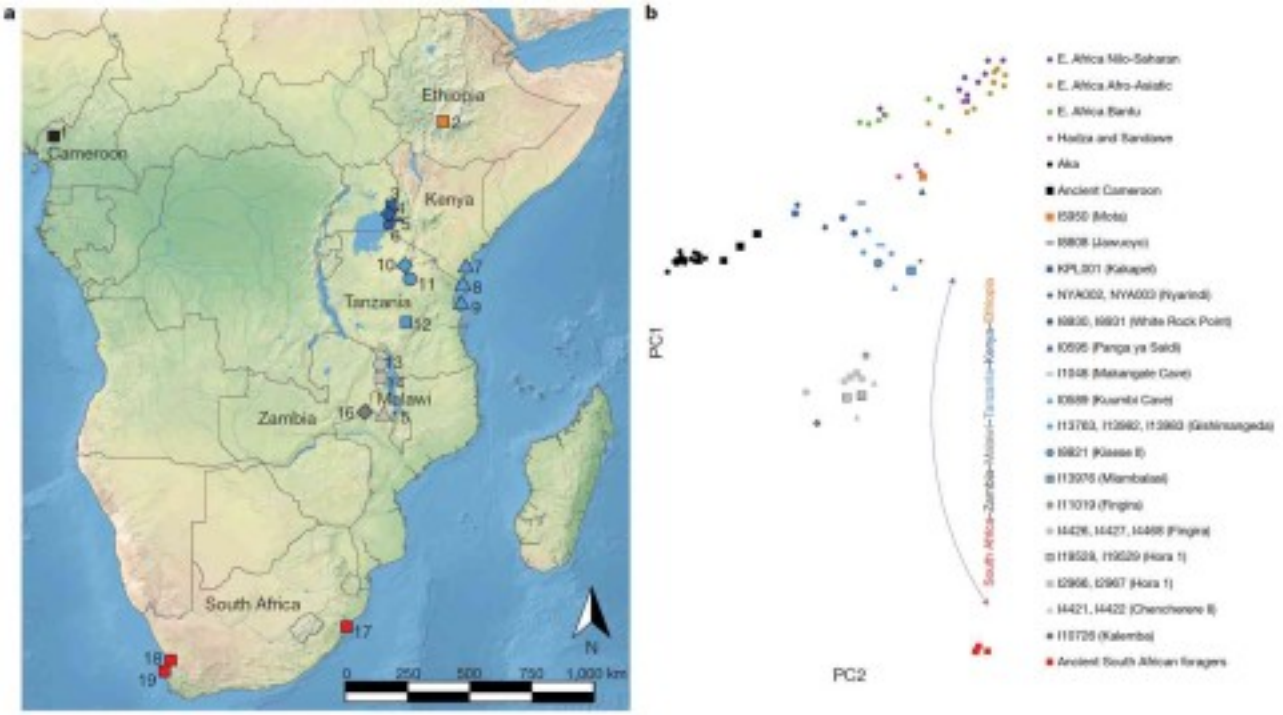
Судя по археологическим данным, около 50 тыс. лет назад по Африке южнее Сахары распространяются технологические инновации и символическое поведение (орнаменты, каменные орудия, микролиты); это считают переходом от среднего к позднему каменному веку. К 20 тыс. лет назад эти компоненты материальной культуры уже были повсюду, но имели региональные различия. Палеогенетики попытались выяснить, какими демографическими событиями сопровождались эти периоды.

В работе, опубликованной в журнале Nature (один из ведущих авторов статьи авторитетный палеогенетик Дэвид Райх из Гарвардского университета) представлены новые геномные данные шести древних индивидов из Восточной и юга Центральной Африки возрастом от 18 до 5 тысяч лет назад. До сих пор все исследованные африканские геномы были моложе 9 тысяч лет, так что древность образцов увеличилась вдвое. Кроме того, авторы улучшили качество данных для 15 ранее опубликованных древних африканских геномов.

Были изучены геномы трех древних индивидов позднего плейстоцена и трех – раннего-среднего голоцена, с датировками от 18 до 5 тыс. лет назад, ассоциированными с технологиями позднего каменного века. Места их находок – пять археологических сайтов: в Танзании (пещеры Кисесе II и Мламбалази); в Малави (пещеры Фингира и Хора 1) и в Замбии (пещера Калемба). Эти данные проанализированы вместе с 28 ранее изученными африканскими геномами. На панели на 1,2 млн SNP получены данные секвенирования с покрытием таргетных SNP от 0,001x до 3,2x (в среднем 0,06x); 15 геномов секвенированы с высоким покрытием.

По Y-хромосоме четыре исследованных мужских образца сходны с большинством опубликованных образцов древних охотников-собирателей из этих регионов Африки, где широко распространена гаплогруппа B2. Среди 23 индивидов с изученной мтДНК — 14 индивидов – почти все из Кении и Танзании – имеют гаплогруппу, сегодня распространенную в Восточной Африке. 8 индивидов – из Малави и Замбии – имели гаплогруппу, ассоциированную с некоторыми древними и современными охотниками-собирателями на юге Африки. Несколько индивидов из Малави и один из Кении принадлежали к линии, характерной для современных собирателей Восточной Африки (мбути и ака). Эти результаты показывают, что Восточная, Южная и Центральная Африка были местом возникновения и областью взаимодействия групп древних собирателей, и что несколько из этих линий мтДНК были прежде более распространены, чем сейчас.

По широкогеномным аутосомным данным авторы провели анализ главных компонент, в котором использовали три современные популяции — сан из Южной Африки, мбути из Центральной Африки и динка из Северо-Восточной Африки.



a. Географическое расположение древних образцов ДНК, включенных в анализ. b. График анализа главных компонент современных (мелкие точки) и древних (прочие значки) африканских геномов.

На графике PCA они отмечают, что изученные древние геномы в основном группируются со своими географическими соседями, но при этом образуют клину, как пространственную, так и временную, хотя вдоль нее есть отклонения от общей линии. Программа *qpWave*, которую использовали для поиска источников происхождения, показала, что необходимыми и достаточными являются три источника: из Южной Африки (представители – сан), из Центральной Африки (представители – мбути) и из Северо-Восточной Африки (представители – динка).

К геномам трех индивидов, географически и генетически различных, секвенированным с высоким покрытием, применили метод *admixture Graph*. В модель заложили их происхождение от смешения трех предковых компонентов: Северо-Восточной, Центральной и Южной Африки. географически и генетически различных. Модель показала, что это реалистичный сценарий.

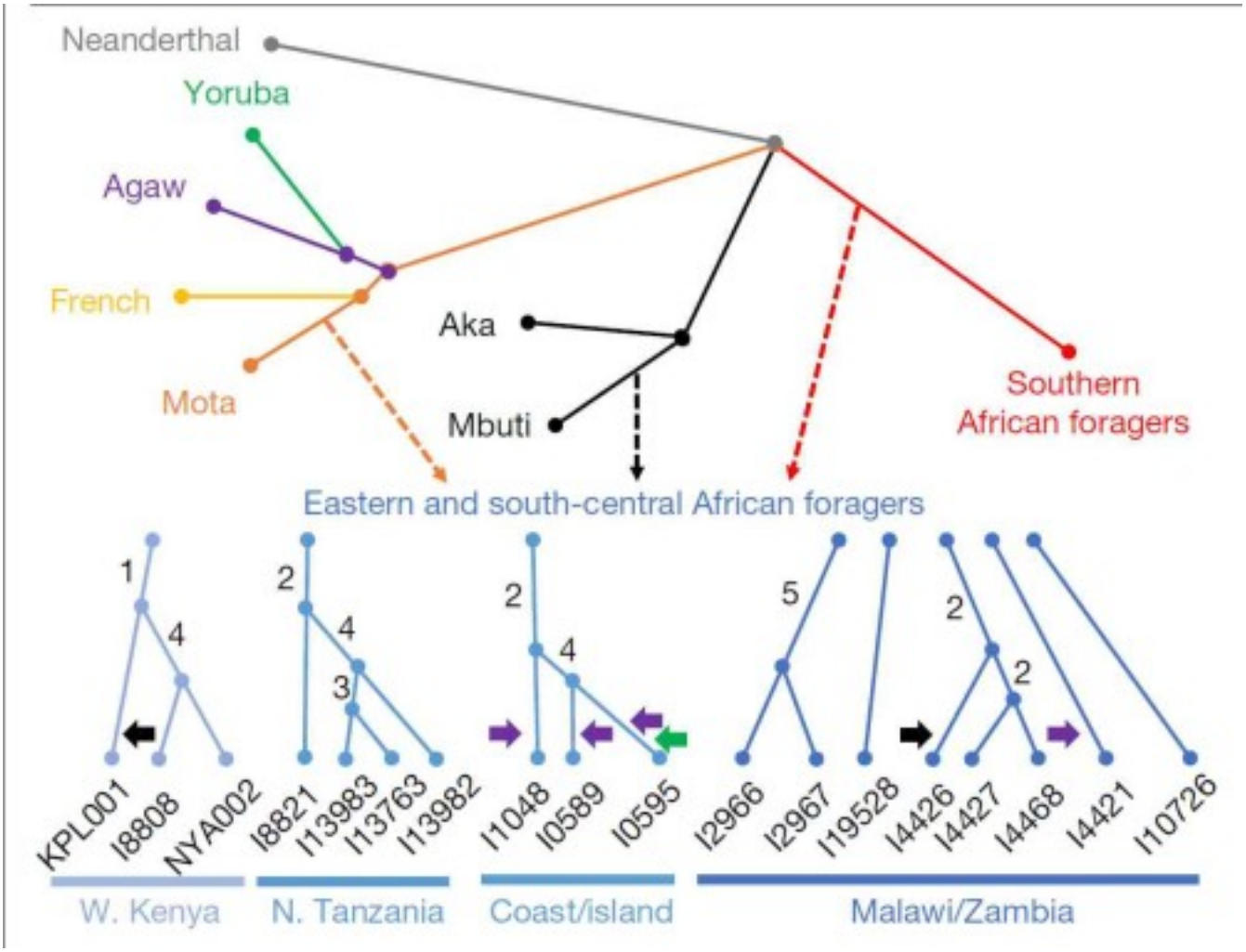


Схема результатов анализа admixture Graph. Пунктирные стрелки трех цветов обозначают смешение из трех источников. Дальнейшие события смешения показаны короткими толстыми стрелками. Внизу перечислены древние образцы ДНК.

Далее, авторы исследовали связь между географическими и генетическими расстояниями, используя подход, основанный на оценке общего генетического дрейфа. Используя пары индивидов из Кении и Танзании или Малави и Замбии, наряду с внутрирегиональными парами, они нашли, что большее генетическое сходство индивидов наблюдается при меньших географических расстояниях между ними.

Сравнили древних индивидов с современными сандава и хадза в Танзании, которые по типу хозяйства остаются традиционными собирателями. Выяснилось, что и те, и другие близки к древним собирателям из северной и центральной Танзании, но хадза разделяет избыток аллелей с популяциями из Северо-Восточной Африки, а сандана – с популяциями из Южной Африки.

Наконец, авторы вычислили эффективный размер популяции для древних индивидов, геномы которых были секвенированы с высоким покрытием. Одним из показателей служила оценка степени гомозиготности (ROH). Они получили такие величины эффективного размера: N_e = 5 470; N_e = 2 640 и N_e = 377, эти величины согласуются с полученными ранее для древних популяций африканских охотников-собирателей.

Результаты показали, что модель смешения из двух источников предковых компонентов (Восточная и Южная Африка) недостаточна для объяснения генетической изменчивости древних охотников-собирателей Африки южнее Сахары. Данные говорят, что нужно добавить третий источник – в Центральной Африке (близкий к современным мбути). Эти три источника смешаны в разных пропорциях в древних геномах Кении, Замбии, Танзании и Малави.

Обнаруженное смешение в популяциях африканских охотников-собирателей трех генетических источников, вероятно, отражает межпопуляционные взаимодействия в плейстоцене, от 80 до 20 тыс. лет назад, включая глубоко генетически различные популяции Восточной и Южной Африки. Эта структура до сих пор остается довольно стабильной, что говорит об ограничении генетических потоков после 20 тыс. лет назад. Следовательно, в конце плейстоцена происходит региональное разделение генофондов, и эти древние генетические компоненты вносят существенный вклад в генетическое разнообразие современных охотников-собирателей дождевых лесов Центральной Африки.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Mark Lipson, Elizabeth A Sawchuk, Jessica C Thompsonet al. Ancient DNA and deep population structure in sub-Saharan African foragers // Nature. 2022 Mar;603(7900):290-296. doi: 10.1038/s41586-022-04430-9. Epub 2022 Feb 23.

Статья в свободном доступе