

Двойное исследование двойного континента

[Надежда Маркина](#), [Олег Балановский](#)

Два полногеномных исследования указывают на австрало-меланезийский след в генофонде индейцев Америки

Две статьи, вышедшие почти одновременно в *Nature* и *Science*, посвящены генетической реконструкции заселения Америки методами анализа полных геномов. Их выводы схожи. В статье команды Давида Райха (*Nature*), помимо основной миграции из Сибири, давшей начало всем коренным популяциям Америки, обнаружен – пока загадочный — «австрало-меланезийский след» у некоторых популяций южноамериканских индейцев. В статье команды Эске Виллерслева (*Science*) обнаружен тот же след, хотя его источник мог включать, кроме Австрало-Меланезии, еще и Восточную Азию. Кроме того, в этом исследовании публикуется большой массив новых генетических данных по древним и современным геномам американских индейцев, обосновывается миграция в Америку только после максимума последнего оледенения около 23 тысяч лет назад, отрицаются длительная «инкубация в Берингии» и особая миграция предков на-дене, а отделение ветви южных америндов (индейцев) от северных датируется примерно в 13 тысяч лет назад. Эти одновременные исследования представляют собой значительный рывок вперед в изучении истории генофонда двойного Американского континента.

Происхождение коренных жителей Америки сегодня не вызывает серьезных дебатов. Согласно практически общепринятой гипотезе, предки американских индейцев мигрировали из Сибири через Берингов перешеек, и произошло это не позднее, чем 15 тысяч лет назад. Археологи, антропологи и генетики в этом вопросе пришли к относительному согласию (хотя есть и не укладывающиеся в него детали). Правда, кроме этого магистрального пути заселения двойного американского континента, умы ученых и особенно дилетантов будоражат еще две возможности — миграции из Европы и из Полинезии. Европейским путем — вдоль островов Северной Атлантики в Северную Америку – согласно скандинавским сагам, прошли викинги, но неизвестно, оставили ли они хоть какой-то генетический след и проходил ли этим путем кто-то до них. Проходил ли кто-то тихоокеанским путем – с островов Полинезии в Южную Америку – наверняка не известно, но косвенные аргументы в пользу такой миграции обсуждаются уже много десятилетий. Генетики, так же, как и специалисты в других областях, то находили «подозрительные» особенности генофонда, возможно указывающие на тихоокеанский след, то опровергали их. Но на этой неделе сразу в двух ведущих научных журналах – *Nature* и *Science* – появились статьи, основанные на полногеномном анализе, посвященные генетической реконструкции заселения Америки и претендующие ответить на многие вопросы. Интересно то, что исследования, проведенные двумя разными коллективами и на разном материале, приходят к сходным результатам, что в науке встречается нечасто.

Австралийские предки у индейцев Амазонии?

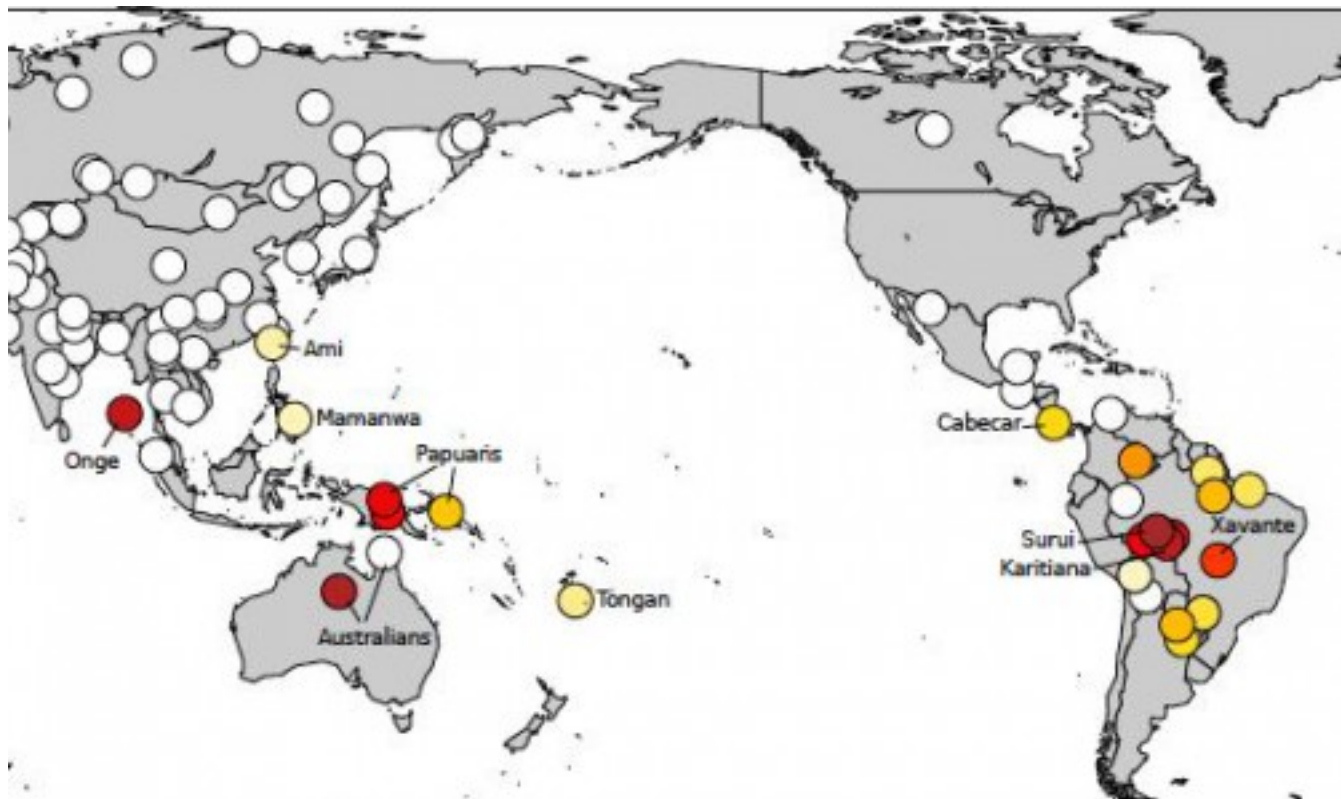
Исследование, [опубликованное в Nature](#), выполнено командой Дэвида Райха (David Reich) из Гарвардской медицинской школы — о работах этой команды [мы писали уже не раз](#). Авторы подвергают сомнению представление о том, что колонизация обоих американских континентов стала результатом миграции только из Сибири. Потому что в геноме южноамериканских индейцев из Амазонии они обнаружили – пусть совсем небольшой — след совсем других предков, близкий к геному современных австралийцев.

Надо сказать, что общепринятую картину колонизации Америки – переход из Сибири на Аляску и постепенное продвижение с северного американского континента на южный – портят некоторые антропологические данные. Некоторые скелеты древних американцев, особенно черепа, по ряду черт отличаются от скелетов современных американских индейцев и тяготеют к населению Австралии, Меланезии и островам Юго-Восточной Азии. До сих пор ученые не могли объяснить этот феномен. Существует гипотеза о еще более ранней «палеоамериканской» миграции, которая затем была почти полностью замещена переселенцами из Сибири, но кое-где остались ее следы. Однако морфологические признаки слишком немногочисленны, и трудно на их основе полноценно реконструировать прошлые события.

Новое исследование проведено методами так называемого широкогеномного анализа (то есть, анализа изменчивых участков в пределах всего генома). Генетики изучили геномы 48 человек из 9 индейских популяций, живущих на территории Бразилии, в них проанализировали около 600 тысяч точек нуклеотидных замен ([однонуклеотидный полиморфизм, SNP](#)). Для этого они использовали панель Affymetrix Human Origins array, которую они сами разработали и стараются генотипировать по ней ключевые популяции по всему миру. Последующий статистический анализ проводили на 7 индейских популяций (по 3 человека в каждой), у которых не было найдено следов поздних (послеколумбовых) миграций из Европы, Африки и Полинезии. Для сравнения взяли геномные данные 24 популяций из 6 регионов мира, по 4 из каждого.

Исследование показало, что для популяций амазонских индейцев (суруи, каритиана и ксаванте) не годится модель единой предковой популяции. У амазонских индейцев был обнаружен предковый компонент, который генетически наиболее близок к следующим популяциям: онге, населяющим Андаманские острова близ Индии, папуасы, меланезийцы и австралийские аборигены. (Далее для краткости мы будем говорить об «австралийском» компоненте, хотя по географии популяций видно, что это скорее не сами австралийцы, а целиком та первая вышедшая из Африки волна заселения, которая, согласно современным представлениям, прокатилась «южным путем» вдоль берегов Индийского океана – от Индии до Австралии — но везде, кроме Австралии, была потом почти замещена следующей, более массовой миграцией из Африки).

Этот «австралийский след», найденный у индейцев Амазонки, не обнаружен в популяциях индейцев Центральной Америки (пима, михе). Нет его также и в древней ДНК культуры Кловис из Северной Америки (образец Анцик-1, возрастом 12 600 лет).



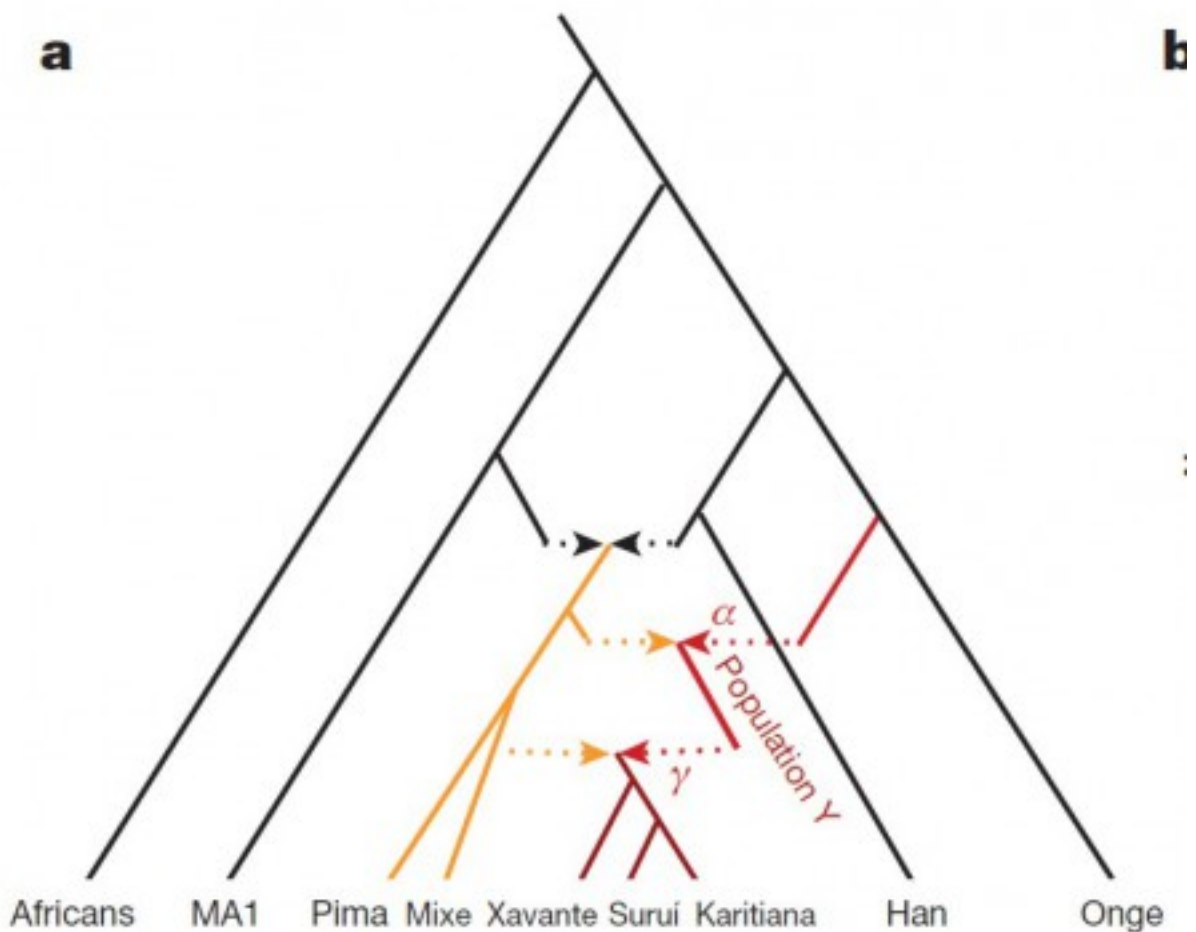
Карта показывает степень генетической близости изученных индейских популяций с популяциями Австралии, Новой Гвинеи и онге (программа ChromoPainter statistics). Степень близости соответствует цвету на шкале слева.



Этот генетический след нельзя объяснить послеколумбовыми миграциями. Чтобы выявить его природу, в модель, помимо индейских популяций, включили исследованный ранее образец верхнего палеолита из Мальты в Сибири, возрастом 24 тыс лет, современные популяции онге (Андаманские острова) и китайцев.

Люди Игрек

Авторы предположили существование гипотетической популяции, которую они назвали «популяция Y» (от Yрукуетга, что означает «предок» на языке тупи, на котором говорят индейцы суруи и каритиана). Эта популяция с «австралийскими» корнями смешалась с популяцией первых американцев, дошедших сюда с сибирской миграцией, и в таком смешанном виде дошла до амазонских индейцев. Она входит в состав предков индейцев суруи, каритиана и ксаванте с вероятностью 85%, но при этом ее доля в генофонде даже этих племен очень невелика: всего 1-2%.



Дерево, реконструирующее историю популяций индейцев Амазонии (красным цветом — ксаванте, сури, каритиана) и Мезоамерики (желтым цветом — пима, михе).

Гипотетическая популяция Y с «австралийскими» корнями, вероятно, может объяснить и антропологический парадокс, о котором упоминалось выше – морфологические черты сходства некоторых первых американцев с австралийцами. Подтверждением служит то, что большая часть таких скелетов найдена именно на территории Бразилии, и они моложе 10 тысяч лет.

Вопрос о том, когда и как предки популяции Y достигли Южной Америки, остается открытым. Для его решения, а также для того, чтобы точнее определить природу этой загадочной популяции, нужно исследовать больше ДНК современных индейских популяций и древней ДНК с территории Бразилии. Как показывает [история Кенневикского человека](#), в США на этом пути ученые встречаются с препятствием в виде американского законодательства, охраняющего погребения индейцев и их предков. В Бразилии получить разрешение на исследование современного коренного населения еще сложнее.

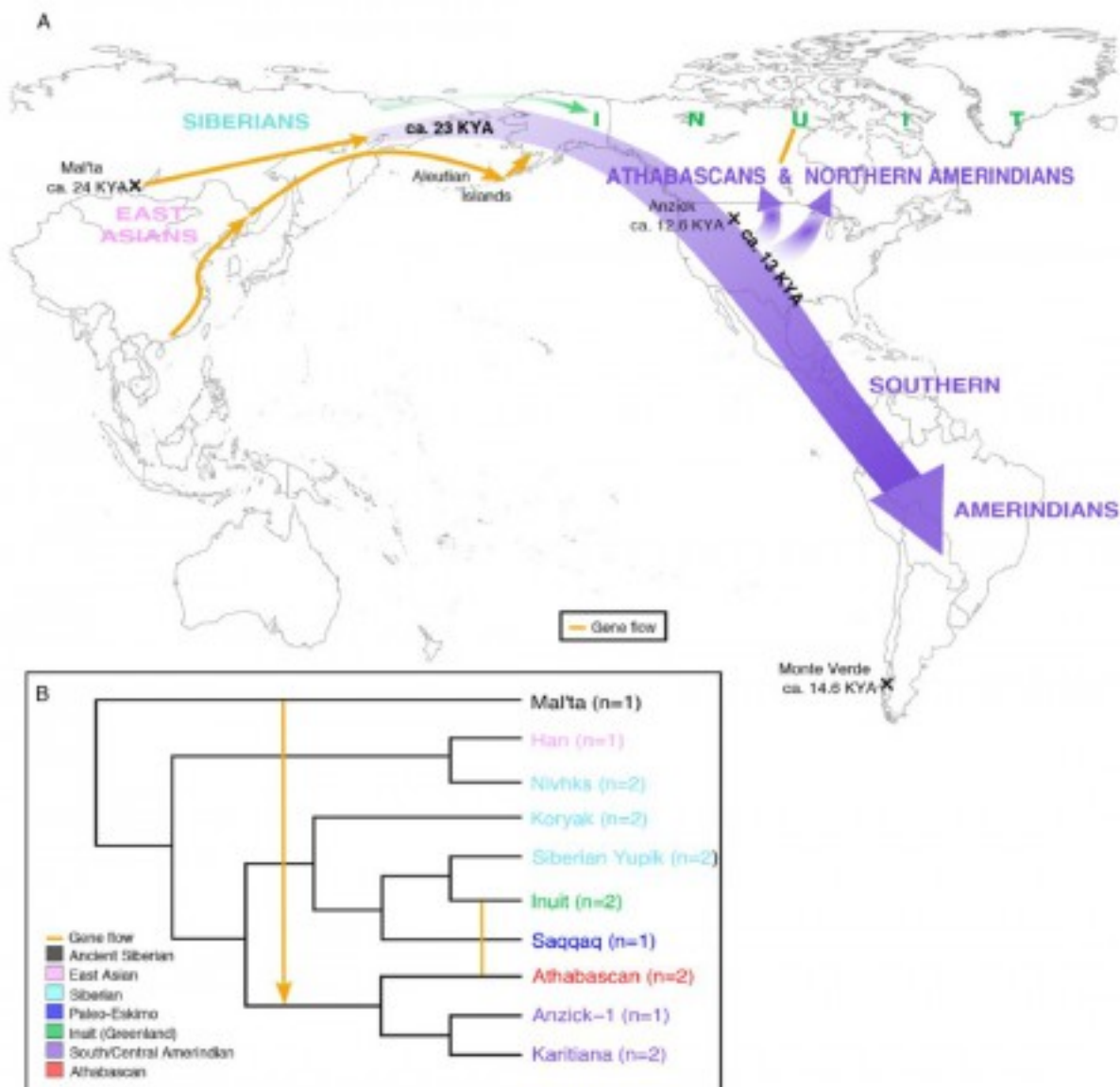
Как, когда и сколько?

Второе исследование, [результаты которого опубликованы в Science](#), посвящено уже не одной Амазонии, а всей Америке. Оно проведено силами большого международного коллектива под руководством Эске Виллерслева (Eske Willerslev) из Центра географической генетики Университета Копенгагена. В коллектив входят и российские исследователи из Москвы, Новосибирска, Кемерово, Уфы, Якутска, Магадана. Авторы постарались дать точные ответы на вопросы, когда именно переселенцы из Сибири переходили через Берингов перешеек, была ли успешной одна волна миграции или несколько, распространялись ли они по Америке сразу или имел место некий «инкубационный период» изоляции в Берингии, когда предки американских индейцев разделились на ветви, давшие начало современным племенам.

Для ответа на эти вопросы генетики секвенировали 31 геном из современных популяций американских индейцев, а также современных популяций из Сибири и Океании. Они также секвенировали 23 древних образца ДНК, собранных на территории Америки, возрастом от 6000 до 200 лет. Для современной ДНК покрытие секвенирования было средним (20x), то есть каждый нуклеотид в последовательности был прочитан 20 раз. Древнюю ДНК удалось секвенировать, конечно, с более низким покрытием (от 0,003x до 1,7x). Наконец, получили данные по однонуклеотидному полиморфизму (SNP) от 79 современных людей из 28 популяций Америки и Сибири. Для анализа использовали также опубликованные данные по древней ДНК: образец Анцик-1 (культура Кловис), Саккак из Гренландии, Мальта (МА-1) из Сибири, возрастом 24 тысячи лет, образцы из Монтаны. Таким образом, это наиболее полное на сегодняшний день исследование генетической истории Америки.

Прежде всего, генетики установили, что все коренные американцы являются потомками одной основной миграции из Сибири через Берингов перешеек, которая имела место не ранее 23 тыс. лет назад, то есть заведомо позже последнего ледникового максимума (максимальное оледенение, которое датируют возрастом примерно 26 тыс. лет назад). Эту датировку проверили с помощью генетико-климатической модели (CISGeM), в которой генетическая история и демографические события воссоздаются путем палеоклиматической и палеоботанической реконструкции. Из всех сибирских популяций ближе всего к американским индейцам оказались юпики (группа эскимосских народов) и коряки. Причем, юпики, вероятно, сформировались в ходе обратной миграции в Сибирь инуфиков (другая группа эскимосов, населяющих Северную Америку). По отношению к американским индейцам палеоэскимосы и инуфики находятся в отдельном генетическом кластере.

Второй важный вопрос касался двух основных ветвей коренных жителей Америки: это америнды (название, применяющееся в американской литературе почти ко всем индейцам) и атапаски (группа коренных народов, сегодня населяющая запад США и Канады). Лингвистически они различны, и многие исследователи считают, что атапаски (на-дене) представляют собой вторую волну миграции в Америку, в то время как эскимосы, практически несомненно – третья волна. Однако в работе команды Виллерслева датировка расхождения америндов и атапасков с популяциями Восточной Азии и Сибири совпала. Это указывает на то, что две основные ветви американских индейцев были, вероятно, частью одной и той же миграции. Авторы проверили данный вывод с применением нескольких статистических моделей, которые дали один и тот же результат. Хотя генетические реконструкции родословного дерева популяций сами по себе не говорят о месте, где произошло разделение предков на-дене и америндов, авторы по совокупности всех данных считают, что это произошло уже в Северной Америке. Гипотеза «инкубации в Берингии» на протяжении 15 тысяч лет, по мнению авторов, не подтверждается, и на период изоляции предковой популяции приходится не более 8 тысяч лет, к тому же этот период мог приходиться на время ее нахождения не в Берингии, а еще в Сибири.



А. Реконструкция истории коренного населения обеих Америк. Все они являются потомками одной главной волны миграции из Сибири (фиолетовая стрелка), от которой отделились эскимосы-инуиты (зеленый цвет). Разделение североамериканской и южноамериканской ветвей произошло около 13 тыс. лет назад. В. График генетического смешения на основе программы TreeMix. Популяции коренных жителей Америки (Саккак, атапаски, Анзик-1 и каритиана) образуют группу, отделенную от инуитов.

Следующим этапом генетической истории Америки стало разделение генофонда коренных американцев на две основных ветви – северную и южную, что генетически датируется около 13 тысяч лет (статистический доверительный интервал этих расчетов – от 11,8 до 14,4 тыс. лет назад). Северная ветвь дала начало северным америндам (индейцам) и атапаскам. Южная ветвь привела к индейцам юга Северной Америки, Центральной и Южной Америки. Миграция с севера на юг проходила, главным образом, по побережью. Подтверждение тому – первые археологические свидетельства поселения людей на остальной части Америки датируются возрастом 15 тыс. лет назад.

И снова «австралийский след»

Интересно, что в работе коллектива Виллерслева, так же, как и в работе команды Райха, о которой мы писали выше, обнаружен тот же «австралийский» генетический след у некоторых южноамериканских индейцев. Авторы статьи в Science описывают его как слабый сигнал потока генов от групп, родственных современным жителям Восточной Азии, Австралии и Меланезии (папуасы, жители Соломоновых островов и охотники-собиратели Юго-Восточной Азии). И этот сигнал, как они пишут, свидетельствует в пользу интригующего сценария дальней связи популяций Старого Света и Нового Света после их разделения.

«Это удивительное открытие, и оно говорит, что популяции Нового Света были не полностью изолированы от Старого Света после основной миграции. Мы не можем точно сказать, как и когда происходил этот поток генов, но есть вероятность, что его передавали жители Алеутских островов», — сказал Эске Виллерслев в пресс-релизе. Как было ранее показано, алеуты генетически близки к инуитам, которые в свою очередь, тяготеют к популяциям Восточной Азии и Океании более, чем к коренным американцам. Таким образом, предполагается поток генов вокруг всего Тихого океана, то есть половины планеты — сначала от австрало-меланезийцев на север вдоль тихоокеанского побережья Евразии, потом перенос через цепь Алеутских островов в Америку, и далее миграция по тихоокеанскому побережью Америки до ее южных регионов.

Авторы работы проверили и «палеоамериканский реликтовый сценарий», который был ранее предложен для объяснения антропологического парадокса — австрало-меланезийских черт в строении черепа некоторых древних американцев. Мы уже упоминали предположение о более ранней, первой миграции в Америку из Австралии и Океании, давшей начало палеоамериканцам, которые были замещены потомками второй миграции.

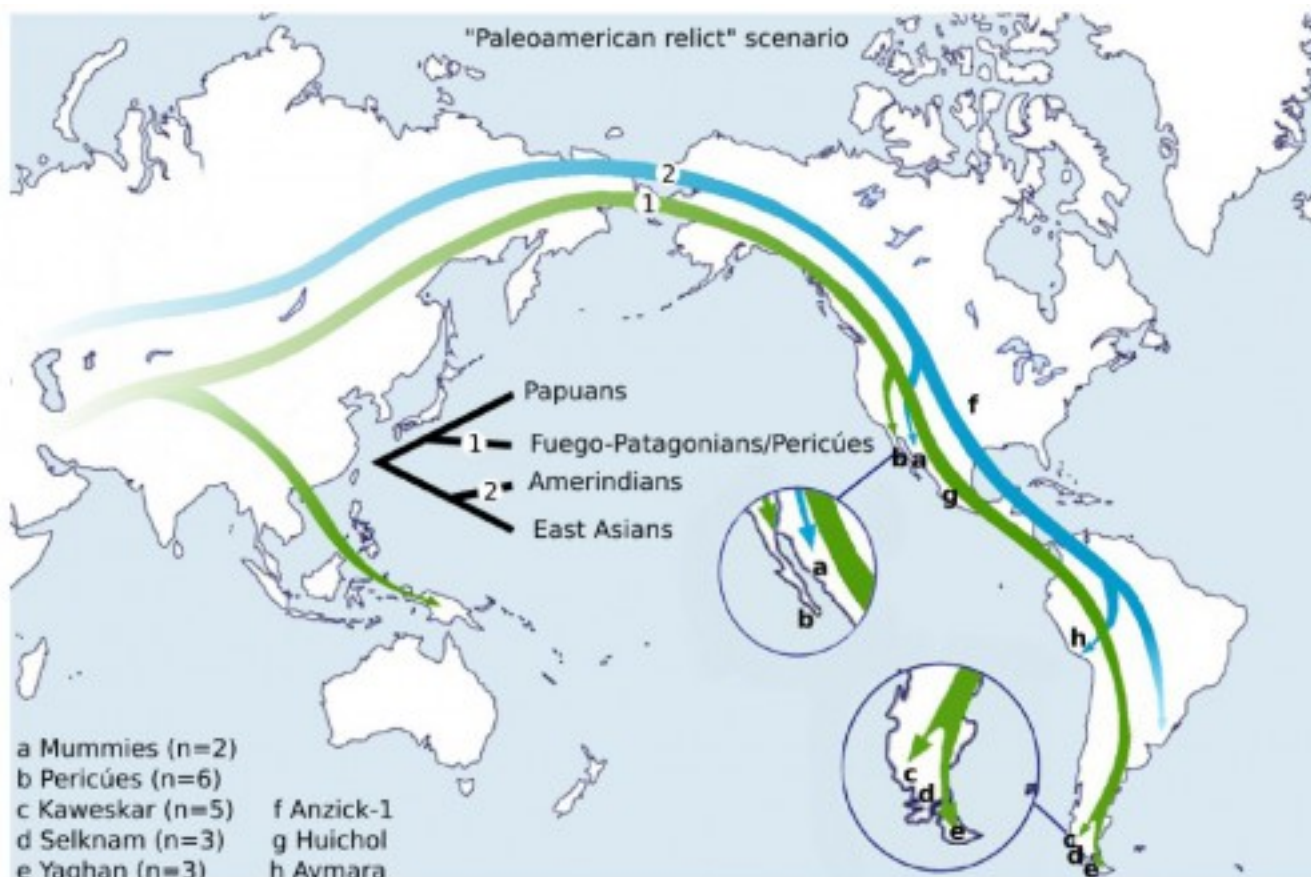
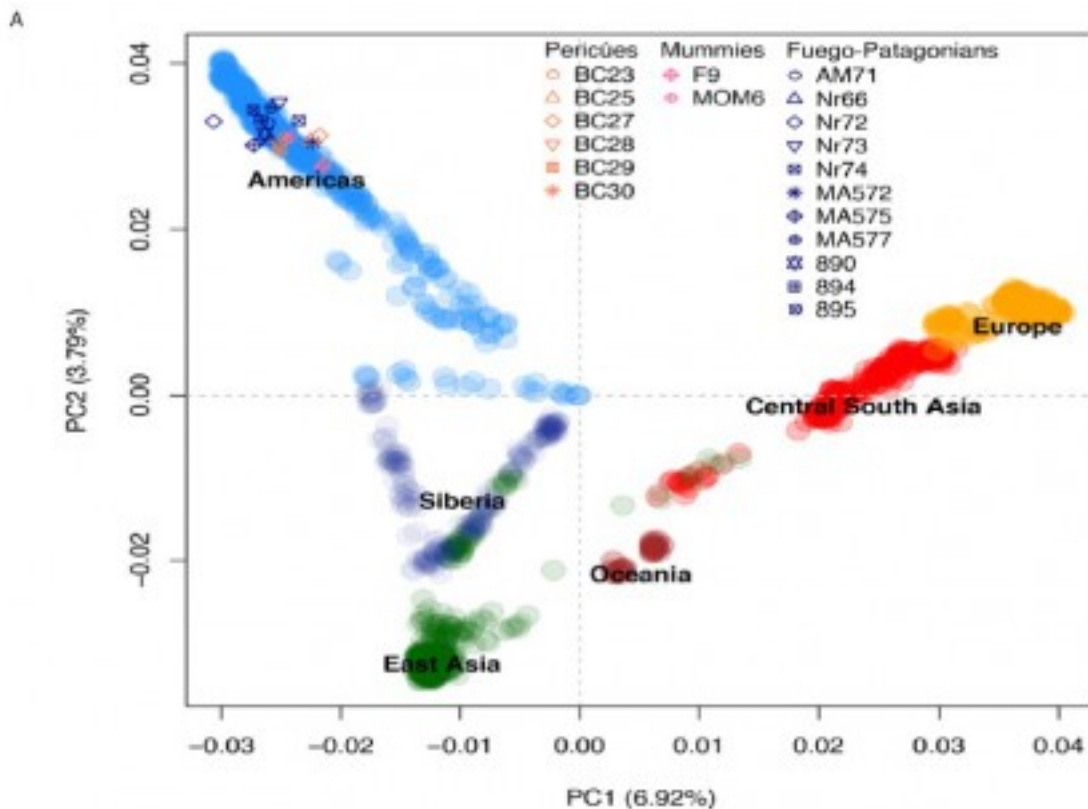


Схема «палеоамериканского реликтового сценария». Первая волна миграции (зеленая) привела к появлению палеоамериканцев, имеющих общих предков с папуасами, как представителями австрало-меланезийцев. Вторая волна миграции (голубая) привела к америндам, имеющим общих предков с популяциями Восточной Азии.

Остатками этой первой миграции, которая принесла с собой австралоидные черты, считались ныне исчезнувшие племена перику из Мексики и фуэго-патагонцы из Чили и Аргентины. Генетики проанализировали ДНК этих племен, но они оказались генетически далеки от австрало-меланезийцев и близки к современным индейцам. Таким образом, палеоамериканская гипотеза не подтвердилась.



Анализ главных компонент в проверке палеоамериканской модели. Все популяции, обозначенные значками и перечисленные сверху, которые считались остатками ранней миграции, располагаются в пределах облака американских индейцев, и генетически далеки от иных популяций мира.

Наконец, при анализе секвенированных геномов древней ДНК авторы нашли, что некоторые образцы были генетически близки к современным индейским популяциям из того же региона. Так что можно говорить о генетической и географической непрерывности коренных американцев на протяжении тысячелетий, по крайней мере, в некоторых частях Америки. Недавно такая непрерывность [была показана](#) у Кенневикского человека, который, очевидно, был предком индейцев, проживающих сегодня на этой территории.

Итак, оба исследования, помимо основной миграции из Сибири, давшей начало всем коренным американцам, говорят о не совсем понятном пока «австралийском» следе в некоторых индейских популяциях. Таким образом, они подтверждают друг друга. Правда, если в работе команды Райха этот след связывается исключительно с Австрало-Меланезией и на ум поэтому приходит морская миграция по южной части Тихого океана, то в работе команды Виллерслева проявляется сходство как с австрало-меланезийцами, так и с населением Восточной Азии, поэтому более вероятен маршрут по северному побережью Тихого океана. Обе команды исследователей выражают надежду, что в будущем удастся реконструировать происхождение этого следа. Присоединимся и мы к этим надеждам, поэтому что миграция из окрестностей Австралии или из окрестностей Алеутских островов – действительно, не совсем одно и то же.

Источники:

Genetic evidence for two founding populations of the Americas

Pontus Skoglund, Swapan Mallick, Maria Cartira Bortolini, Niru Chennagiri, Tarbita HuËnemeier,

Maria Luiza Petzl-Erlar, Francisco Mauro Salzano, Nick Patterson & David Reich

Nature (2015) doi:10.1038/nature14895

<http://www.nature.com/nature/journal/vnfv/ncurrent/full/nature14895.html>

Genomic evidence for the Pleistocene and recent population history of Native Americans

Maanasa Raghavan, Matthias Steinrücken, Kelley Harris, Stephan Schiffels, Simon Rasmussen, Michael DeGiorgio, Anders

Albrechtsen, Cristina Valdiosera, María C. Ávila-Arcos, Anna-Sapfo Malaspinas, Anders Eriksson, Ida Moltke, Mait Metspalu, Julian R. Homburger, Jeff Wall, Omar E. Cornejo, J. Víctor Moreno-Mayar, Thorfinn S. Korneliussen, Tracey Pierre, Morten Rasmussen, Paula F. Campos, Peter de Barros Damgaard, Morten E. Allentoft, John Lindo, Ene Metspalu, Ricardo Rodríguez-Varela, Josefina Mansilla, Celeste Henrickson, Andaine Seguin-Orlando, Helena Malmström, Thomas Stafford Jr., Suyash S. Shringarpure, Andrés Moreno-Estrada, Monika Karmin, Kristiina Tambets, Anders Bergström, Yali Xue, Vera Warmuth, Andrew D. Friend, Joy Singarayer, Paul Valdes, Francois Balloux, Ilán Lebreiro, Jose Luis Vera, Hector Rangel-Villalobos, Davide Pettener, Donata Luiselli, Loren G. Davis, Evelyne Heyer, Christoph P. E. Zollikofer, Marcia S. Ponce de León, Colin I. Smith, Vaughan Grimes, Kelly-Anne Pike, Michael Deal, Benjamin T. Fuller, Bernardo Arriaza, Vivien Standen, Maria F. Luz, Francois Ricaut, Niede Guidon, Ludmila Osipova, Mikhail I. Voevoda, Olga L. Posukh, Oleg Balanovsky, Maria Lavryashina, Yuri Bogunov, Elza Khusnutdinova, Marina Gubina, Elena Balanovska, Sardana Fedorova, Sergey Litvinov, Boris Malyarchuk, Miroslava Derenko, M. J. Mosher, David Archer, Jerome Cybulski, Barbara Petzelt, Joycelynn Mitchell, Rosita Worl, Paul J. Norman, Peter Parham, Brian M. Kemp, Toomas Kivisild, Chris Tyler-Smith, Manjinder S. Sandhu, Michael Crawford, Richard Villems, David Glenn Smith, Michael R. Waters, Ted Goebel, John R. Johnson, Ripan S. Malhi, Mattias Jakobsson, David J. Meltzer, Andrea Manica, Richard Durbin, Carlos D. Bustamante, Yun S. Song, Rasmus Nielsen, Eske Willerslev

Science/ 23 July 2015 <http://www.sciencemag.org/lookup/doi/10.1126/science.aab3884>