

Финал последнего оледенения ознаменовался сменой популяций в Европе

[Надежда Маркина](#)

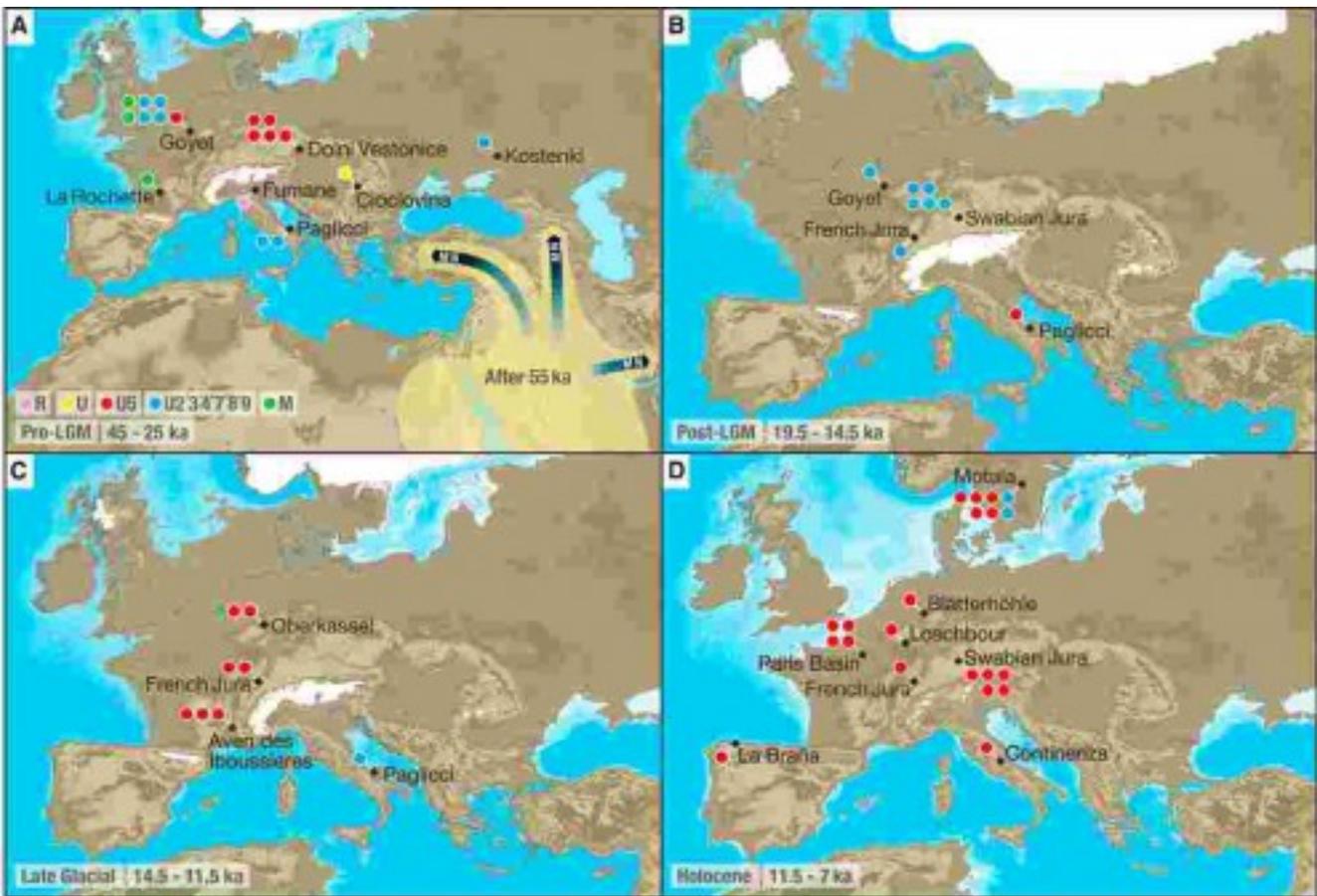
Митохондриальные геномы указали на смену популяций европейских охотников-собирателей в финале последнего оледенения

Секвенирование 55 древних митохондриальных геномов (возраст – от 35 до 7 тысяч лет), выявило в них варианты, которые не встречены в современном населении Европы. Описав демографические изменения в их связи с изменениями климата, коллектив Йоханеса Краузе (Йена) пришел к выводу, что около 14,5 тысяч лет назад, в финале последнего оледенения, в Европе радикально изменился генофонд охотников-собирателей. Или, по крайней мере, их материнские линии.

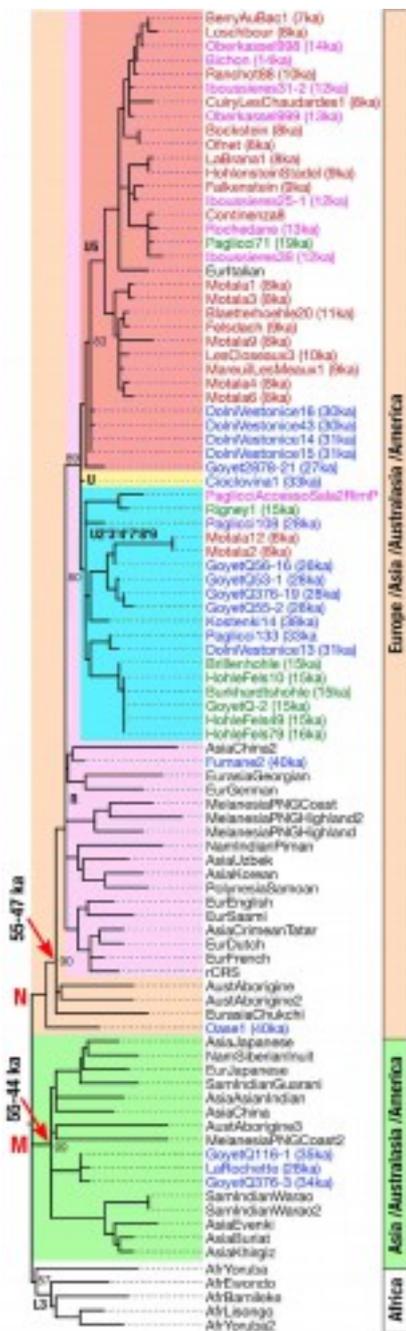
История заселения Европы на сегодняшний день таит в себе не меньше загадок, чем заселение Австралии или Америки. Была ли одна волна распространения человека современного вида по Европе или же несколько сменяющих друг друга волн? И какое влияние на них оказали изменения климата? Ученые продолжают решать эти вопросы, и не последнюю роль в этом играют исследования палеодНК.

Этой теме посвящена [статья в журнале Current Biology](#), опубликованная коллективом под руководством Йоханеса Краузе, директора Института истории наук о человеке Общества Макса Планка ([Max Planck Institute for the Science of Human History](#)) в Йене. В ней представлены результаты секвенирования 55 митохондриальных геномов европейских охотников-собирателей времени позднего плейстоцена и раннего голоцена (с датировками от 35 до 7 тысяч лет назад). Основной вывод, к которому приходят авторы статьи на основании генетических данных, это вывод о масштабной смене популяции в конце позднего оледенения, примерно 14,5 тысяч лет назад. Впрочем, поскольку этот вывод следует из анализа древней мтДНК, авторы делают оговорку, что смена популяций, по крайней мере, затрагивала материнские линии.

Изученные 55 митохондриальных геномов европейских охотников-собирателей, найденных на территории Италии, Германии, Бельгии, Франции, Чехии и Румынии (рисунок) были секвенированы с покрытием от 11х до 1,9х (цифра указывает на то, сколько раз в среднем был прочитан каждый нуклеотид, и характеризует надежность результатов). В анализ, кроме этих данных, включены ранее опубликованные данные о 66 древних и 311 современных митохондриальных геномах.



Археологические сайты позднего плейстоцена и раннего голоцена с указанием мтДНК гаплогрупп у охотников-собирателей. А) До последнего ледникового максимума — LGM (45 – 25 тыс. лет назад) в неафриканских популяциях присутствуют как М (зеленый цвет), так и N (остальные цвета) линии (R, U, U5, и U2'3'4'7'8'9 гаплогруппы принадлежат к кладе N); В) Распределение популяций после LGM (19,5-14,5 тыс. лет назад) во время отступления ледникового щита; С) Смена частот митохондриальных гаплогрупп в период позднего оледенения (14,5-11,5 тыс. лет назад); D) Охотники-собиратели голоцена (11,5-7 тыс. лет назад) в большинстве своем относятся к носителям гаплогруппы U5 (красный цвет).



Дерево гаплогрупп мтДНК по 55 древним геномам и современным геномам. Геномы, относящиеся ко времени до последнего ледникового максимума (45-25 тыс. лет назад) обозначены голубым цветом; геномы времени от последнего ледникового максимума до последнего оледенения (19.5-14.5 тыс. лет назад) – зеленым; геномы эпохи последнего оледенения (14.5-11.5 тыс. лет назад) – лиловым; геномы охотников-собирателей голоцена (11.5-7 тыс. лет назад) – красным; современные геномы – черным шрифтом. Возраст образцов указан по радиоуглеродной датировке. Красные стрелки указывают на время разветвления гаплогрупп M и N на субветви.

Неожиданная для Европы гаплогруппа M

Древние митохондриальные геномы принадлежали к основным гаплогруппам мтДНК человека в популяциях неафриканцев: это крупная гаплогруппа N, которая разделяется на R и U с дальнейшим подразделением на субветви, и крупная гаплогруппа M. Их распределение между геномами разных эпох представлено на рисунке. Геномы, относящиеся ко времени до последнего ледникового максимума (LGM, примерно 25-19,5 тыс. лет назад), обозначены голубым цветом; геномы времени от LGM (последнего ледникового максимума) до конца последнего оледенения – зеленым; геномы конца последнего оледенения – лиловым; геномы охотников-собирателей голоцена – красным; современные геномы – черным шрифтом.

Большинство древних геномов от времени перед LGM до голоцена принадлежат к гаплогруппе U, которая является субветвью

N. Но исследователи были немало удивлены тем, что у трех охотников-собираателей с территории Бельгии и Франции, возрастом от 35 до 28 тыс. лет, они обнаружили митохондриальную гаплогруппу M. В Европе она найдена впервые. В современных популяциях Азии, Австралии, а также у американских индейцев присутствуют обе эти гаплогруппы, причем M – с большей частотой. Но у современных европейцев гаплогруппа M практически не встречается. Это привело авторов к заключению, что со времени жизни носителей гаплогруппы M (до LGM) в Европе произошла радикальная смена популяций.

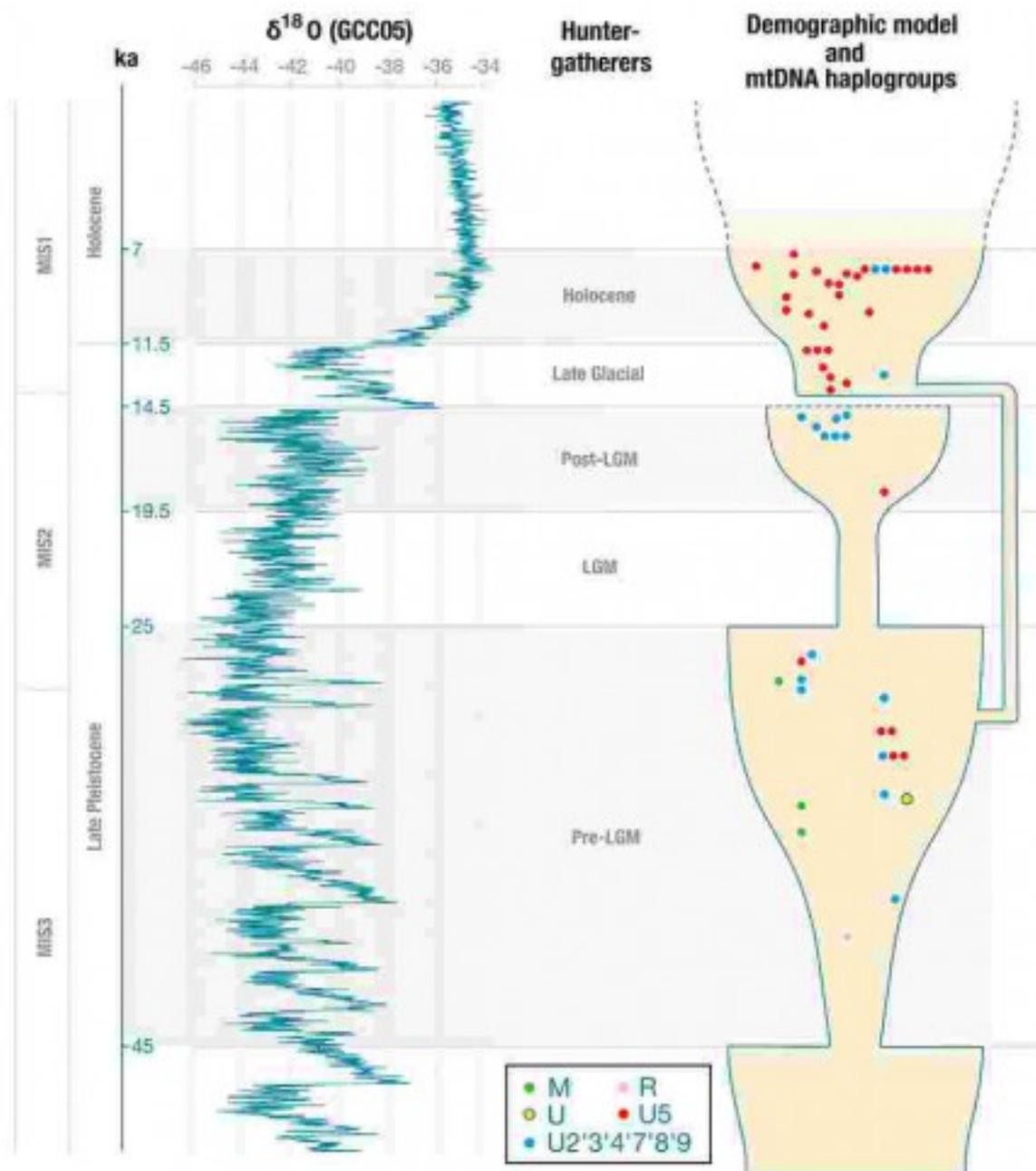
Демографический сосуд с двумя горлышками

Скомбинировав данные по 311 современным и 66 древним митохондриальным геномам, авторы использовали байесовский филогенетический метод, чтобы определить время схождения основных гаплогрупп: M и N (то есть время существования их общего предка) и получили датировки — 49 тыс. лет назад и 51 тыс. лет назад, соответственно. Это позволило им сделать заключение о времени и путях их распространения. На этот счет существуют две гипотезы. Первая: носители M и N гаплогрупп разделились сразу после выхода человека из Африки и пошли по планете разными путями. Гаплогруппа M маркирует южный путь современного человека в Азию, а гаплогруппа N была разнесена по все части света и, возможно, по другому, северному пути. Вторая, альтернативная, гипотеза предполагает, что обе гаплогруппы одновременно распространились повсюду, а затем в Европе гаплогруппа M была утрачена.

Полученные авторами результаты подтверждают вторую гипотезу, поскольку показывают, что до последнего ледникового максимума гаплогруппа M встречалась и в Европе. Значит, она исчезла в более позднее время. Это важно, потому что это подтверждает и модель «одноволновой» быстрой экспансии человека современного вида по всей Евразии. Можно предполагать, что эта «одноволновая» экспансия достигла Западной Европы около 35 тысяч лет назад.

Для того, чтобы максимально достоверно реконструировать демографические события в Европе, исследователи применили моделирование. Они получили картину динамики популяций, которая зависела от глобальных изменений климата. По-видимому, первоначальная популяция европейских охотников-собираателей была невелика и росла медленно, при этом генетически непрерывно — не происходило смены частоты гаплогрупп. Во время последнего ледникового максимума (пик оледенения 25-19,5 тысяч лет назад) популяция резко сократилась, пройдя через «бутылочное горлышко», в результате которого из-за резкого сокращения численности популяции чисто случайно могли потеряться одни гаплогруппы и размножиться другие. (*Примечание от специалиста:* Надо учесть, что это относится к неподразделенной внутри себя популяции. Если же популяция была значительно подразделена, и ее составные части редко обменивались генами (что наиболее вероятно для палеолита, тем в условиях максимального оледенения, когда горные системы стали серьезными «ледниковыми» преградами), то «бутылочное горлышко» каждая популяция проходила сама по себе. И тогда «синхронная» утрата гаплогрупп M становится крайне маловероятной.)

В конце плейстоцена Европа вступила в конец последнего оледенения, или позднее оледенение (Late Glacial, 14,5-11,5 тысяч лет назад), который характеризовалась климатической нестабильностью. Поэтому европейская популяция проходит через второе, менее узкое, бутылочное горлышко. В этот период радикально изменяется животный мир (исчезает целый ряд крупных ключевых видов европейской мегафауны, на которых охотились европейцы). Авторы предполагают, что человека эти изменения также затронули, и в это время в Европе происходит масштабная смена популяций, которая приводит к изменению спектра митохондриальных гаплогрупп. Если до последнего оледенения (14,5-11,5 тысяч лет назад) преобладали гаплогруппы U2'3'4'7'8'9, то после него доминирующей стала гаплогруппа U5.



Климатические изменения в позднем плейстоцене и раннем голоцене и демографические изменения в популяциях охотников-собирателей. Слева – шкала времени. Синяя кривая – изменения температуры по показателю $\delta^{18}\text{O}$ (отношение изотопов кислорода 18 и 16 – показатель, используемый в палеоклиматологии для оценки температуры). Справа – модель демографических изменений в популяциях европейских охотников-собирателей. Показаны два бутылочных горлышка – во время последнего ледникового максимума (LGM) и последнего оледенения (Late Glacial). Узкий канал справа обозначает популяцию, выжившую во время последнего ледникового максимума (LGM) и пришедшую в Европу в период последнего оледенения (Late Glacial). Цветными точками обозначены гаплогруппы мтДНК (см. предыдущий рисунок).

Откуда пришла эта новая популяция охотников-собирателей, заменившую старую, исследователи пока не могут сказать. Они лишь вычислили, что она отделилась от общей предковой популяции около 29 тысяч лет назад, то есть еще до начала последнего ледникового максимума (LGM).

В то же время, авторы статьи делают важное предупреждение, что изучение только мтДНК не может дать исчерпывающий сценарий демографических событий, поскольку отражает только материнские линии наследования. Поэтому они интерпретируют свои результаты только как доказательство смены материнских линий у европейских охотников-собирателей около 14,5 тысяч лет назад. Дальнейший анализ ядерной ДНК поможет реконструировать картину более полно.

Источник:

Pleistocene Mitochondrial Genomes Suggest a Single Major Dispersal of Non-Africans and a Late Glacial Population Turnover in Europe

Cosimo Posth, Gabriel Renaud, Alissa Mittnik, ..., Wolfgang Haak, Adam Powell, Johannes Krause

http://www.cell.com/current-biology/abstract/S0960-9822%2816%2900087-7?_returnURL=http%3A%2F%2Flinkinghub.elsevier.com%2Fretrieve%2Fpii%2FS0960982216000877%3Fshowall%3Dtrue