Меланезийцы – чемпионы по древней ДНК

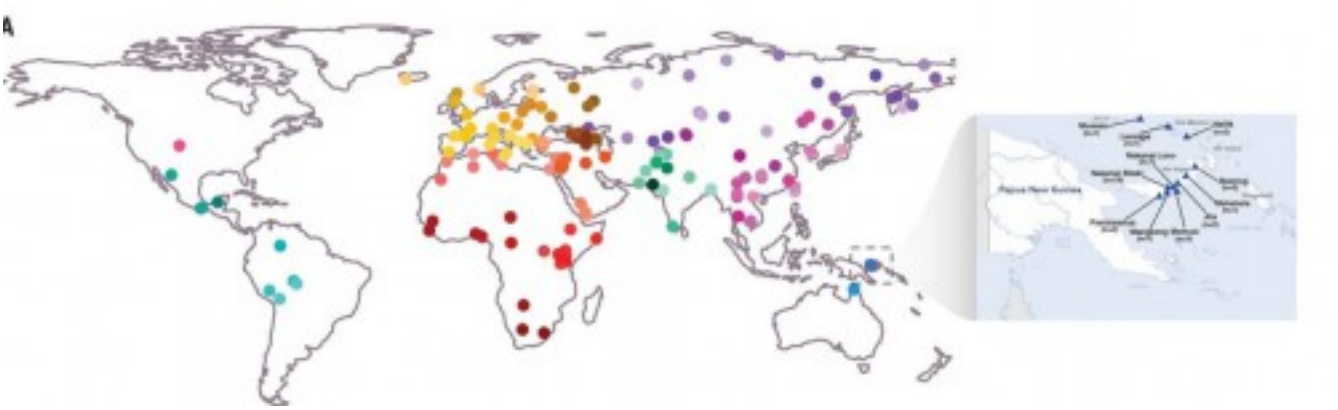
Надежда Маркина

Геномы из Меланезии позволили уточнить схему метисации разных видов человека

Исследователи секвенировали геномы из Меланезии и нашли у них наибольшую долю включений ДНК древних видов человека, причем как неандертальского, так и денисовского происхождения. Новые данные позволили нарисовать уточненную картину генетических потоков между разными видами *Homo*.

Чем глубже генетики исследуют геномы современных людей, тем точнее могут сказать, сколько и каких фрагментов мы унаследовали от древних видов человека – неандертальцев и денисовцев. Новая порция таких знаний получена при секвенировании 35 геномов жителей Меланезии. Сравнив их и еще полторы тысячи секвенированных геномов с разных частей света с ДНК неандертальцев и денисовцев, авторы статьи в Science (Vernot et al.) по их же собственному выражению, «откопали» неандертальскую и денисовскую ДНК в геномах меланезийцев и предложили уточненную схему метисации ветвей человечества. Один из соруководителей работы – профессор Сванте Паабо (Институт эволюционной антропологии Общества Макса Планка), прочитавший геном первого неандертальца и первого денисовца.

Образцы ДНК, взятые из 11 мест на архипелаге Бисмарка (быв. Новая Британия, часть территории Папуа Новая Гвинея), секвенировали со средним покрытием 40x (цифра указывает, сколько раз был прочитан каждый нуклеотид и характеризует степень надежности). Для дальнейшего анализа из секвенированных 35 геномов взяли 27 неродственных. По маркерам однонуклеотидного полиморфизма (SNP) меланезийские геномы проанализировали в сравнении с 1937 геномами из 159 популяций мира. Эти популяции представлены на карте и отдельно, на врезке – места взятия образцов ДНК меланезийцев.



Популяции, геномы из которых были изучены в данной статье. Во врезке показаны места взятия образцов ДНК из Меланезии (синий цвет).

График, построенный методом анализа главных компонент, показывает, что геномы из Меланезии входят в один кластер с геномами других популяций Океании.

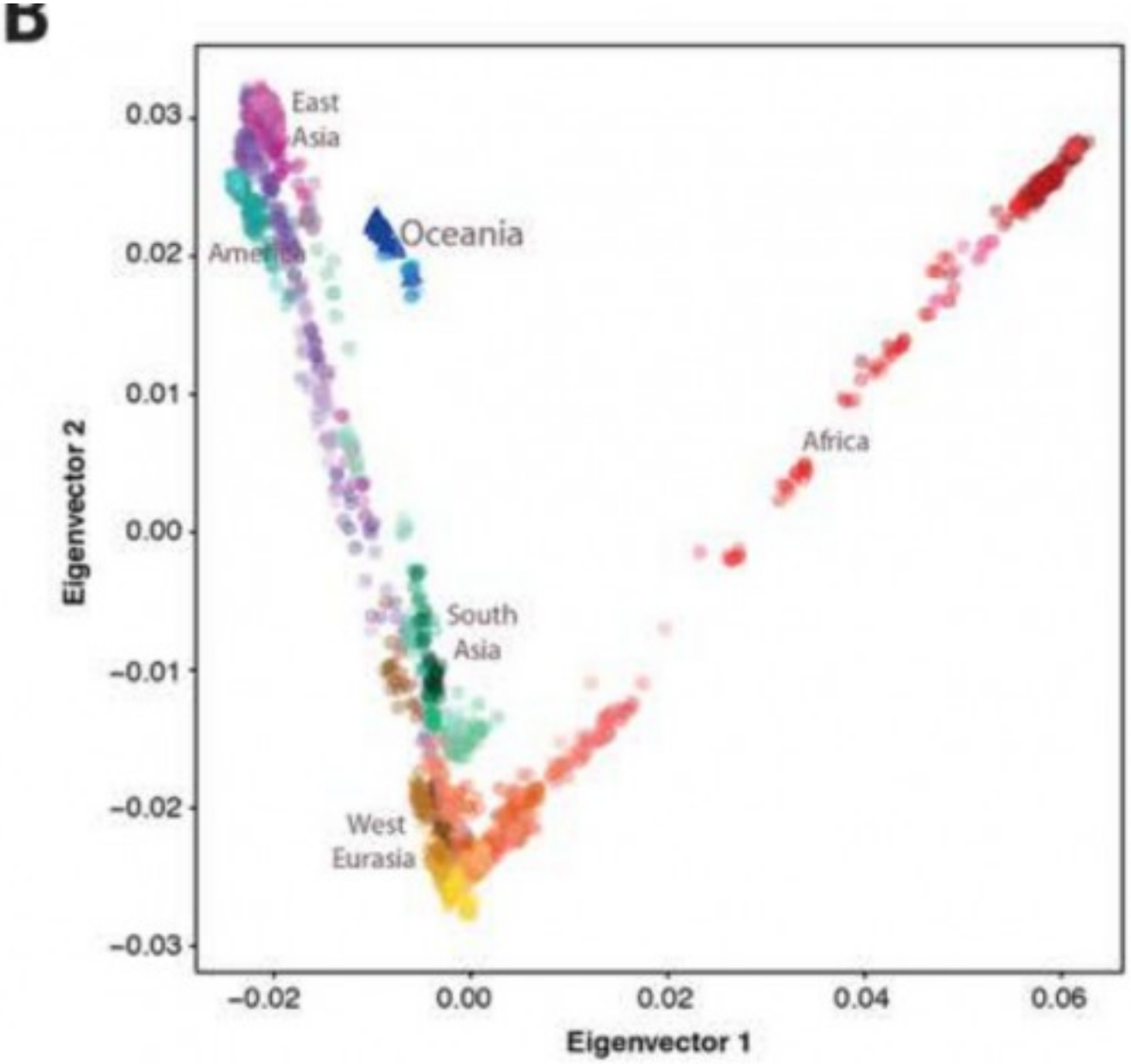


График анализа главных компонент (по SNP маркерам) геномов из Меланезии (темно-синий цвет) и 1937 геномов из 159 популяций мира.

Следующий график представляет картину геномов популяций мира относительно геномов шимпанзе, неандертальцев и денисовцев. На нем видно, что геномы популяций Океании, в том числе Меланезии, наиболее близки к денисовцам. Используя другие статистические методы, авторы вычислили, что предковый вклад денисовцев в популяцию меланезийцев составляет от 1,9% до 3,4%.

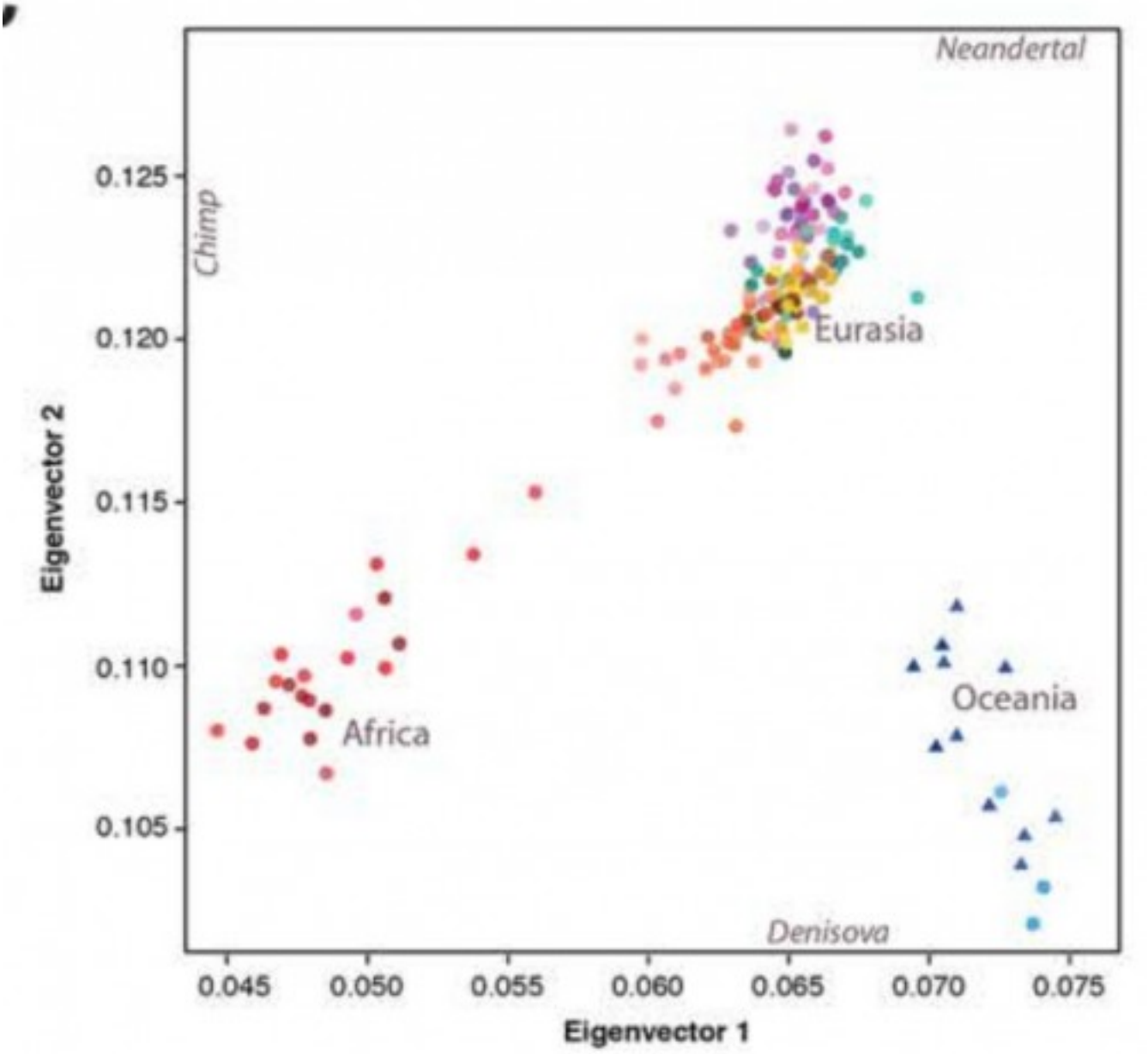
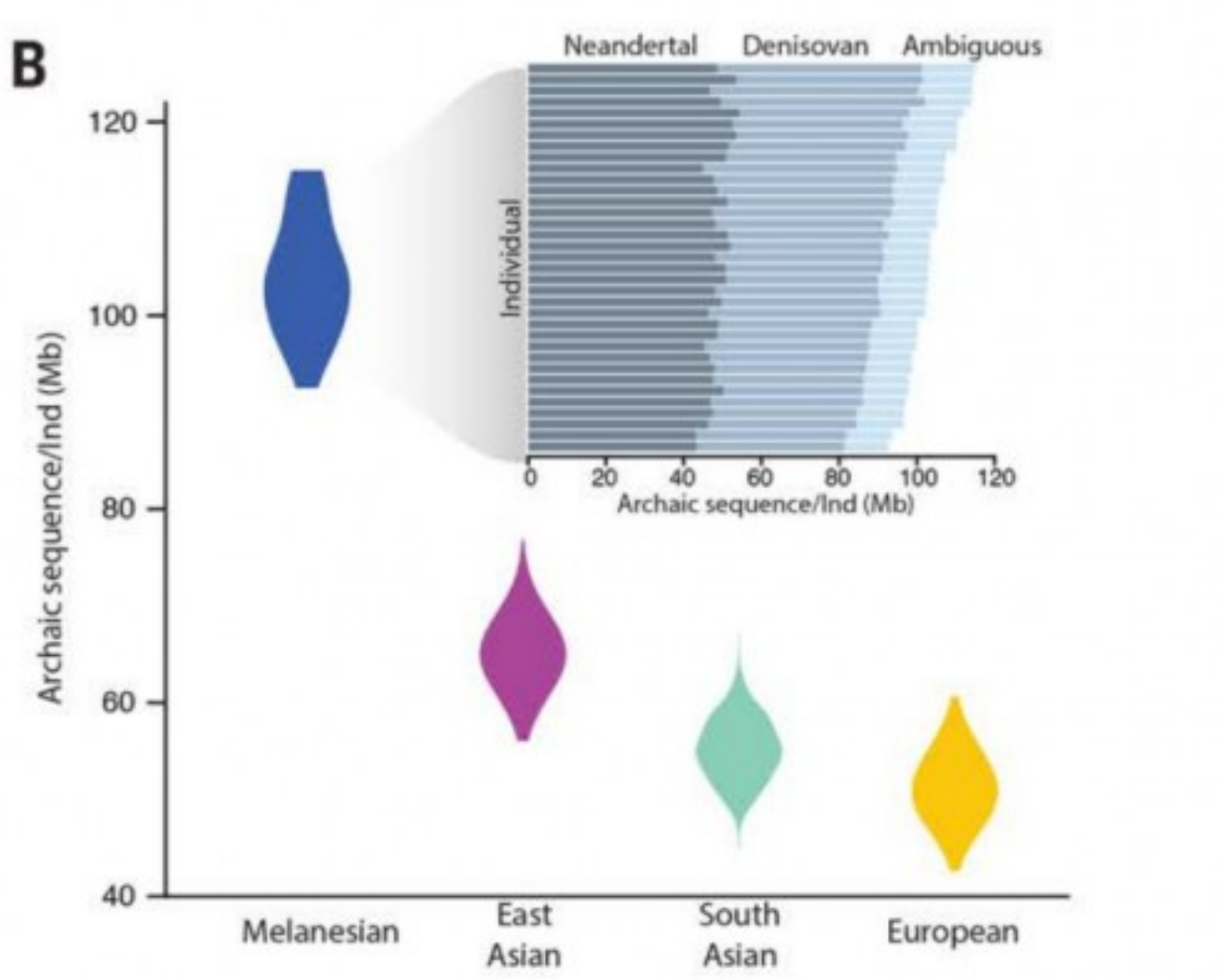


График анализа главных компонент современных популяций относительно геномов шимпанзе, неандертальцев и геносовцев. Геномы меланезийцев показаны синими треугольниками.

В геномах из разных популяций авторы исследования выделили фрагменты, заимствованные из древних геномов и определили, от какого вида древнего человека они были получены. Среди африканских популяций только лухья и популяции Гамбии обнаружили очень незначительные признаки неандертальских включений в геноме (что, по-видимому, объясняется обратной миграцией в Африку). В европейских и восточноазиатских геномах сохраняются невандертальские фрагменты, а геномы из Меланезии несут включения ДНК как неандертальского, так и денисовского происхождения.

В общей сложности в 1523 анализируемых геномов исследователи насчитали 1340 Mb (мегабаз, миллионов пар оснований) от неандертальцев и 304 Mb от денисовцев. Меланезийцы имели больше всего древних фрагментов, в среднем 104 Mb на геном (48.9 Mb неандертальских, 42.9 Mb денисовских и 12.2 Mb неизвестного происхождения). В других популяциях их было меньше: в Восточной Азии они составляли в среднем 65 Mb на геном , в Южной Азии — 55,2 Mb на геном и в Европе — 51,2 Mb на геном (практически все – неандертальские).

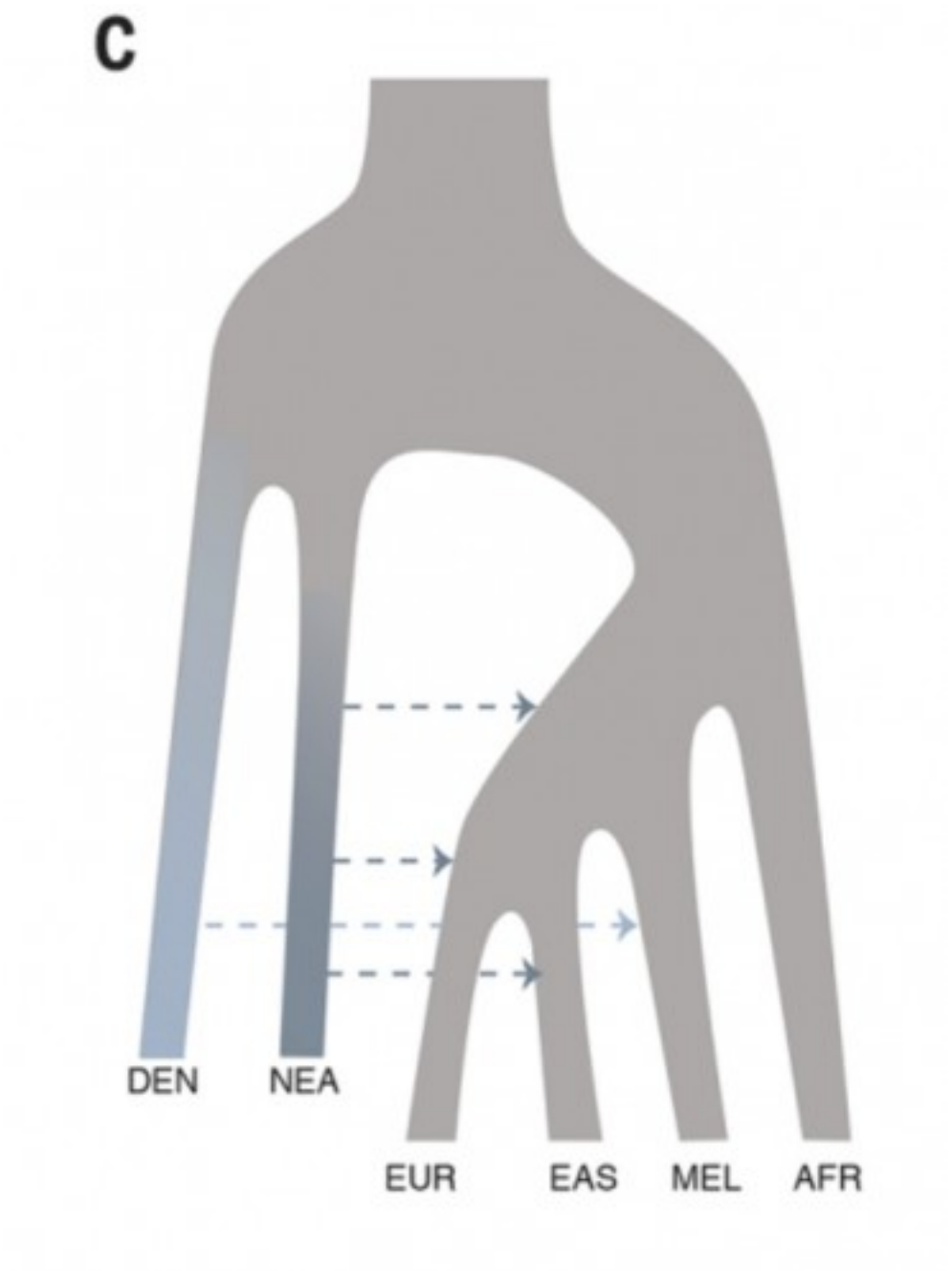


Количество древних включений (в Mb) на один геном в популяциях Меланезии (синий цвет), Восточной Азии (фиолетовый), Южной Азии (голубой) и Европы (желтый). Во врезке к синему значку обозначена доля среди древних включений фрагментов неандертальской, денисовской и неопределенной природы.

Как и в других исследованиях, авторы данной статьи отмечают, что разные участки генома неодинаковы по плотности древних включений. Из некоторых участков они в процессе естественного отбора активно удаляются, например, из мест расположения генов, участвующих в работе мозга, из окружения гена FOXP2, который связывают с развитием речи.

С другой стороны, есть участки генома, где древние включения, по-видимому, повышают приспособленность и поддерживаются естественным отбором в ряду поколений. Авторы нашли 21 регион с признаками так называемой адаптивной интрогрессии: 14 неандертальского происхождения, 3 – денисовского, 3 – не пока не определенного и 1 – в котором имеются как те, так и другие гаплотипы. Некоторые участки не содержат генов, а только регуляторные элементы. А в тех, где имеются гены, это, например, гены метаболизма: GCG (гормон, увеличивающий уровень глюкозы в крови) и PLPP1 (мембранный белок, вовлеченный в метаболизм липидов), гены регуляции иммунной системы (например GBP4 и GBP7, отвечающие за синтез интерферона как часть врожденного иммунного ответа).

Новые результаты позволяют по-новому реконструировать историю метисаций разных видов человека. Они показывают, что неандертальцы смешивались с сапиенсами по меньшей мере, три раза. На рисунке показаны три генетических потока от неандертальцев к современному человеку, причем один затрагивает все неафриканские популяции, второй – еще не разделившиеся европейскую и восточноазиатскую ветви и третий – восточноазиатские популяции. От денисовцев же имел место только один поток генов – к популяциям Меланезии (и шире – Океании).



Уточненная схема генетических потоков от неандертальцев и денисовцев к современному человеку (показаны разные популяции: европейские, восточноазиатские, меланезийские и африканские).

К этому надо добавить, что другие исследователи недавно опубликовали данные о существовании и обратного потока генов – от современного человека к неандертальцам. Так что картина метисации видов человека теперь представляется еще более сложной.

Авторы уверены, что по мере накопления данных будет создан полный каталог всех древних фрагментов в современных геномах. И эта карта «ископаемой ДНК» позволит взглянуть по-новому на современные генетические вариации и на траекторию эволюции человека.

Источник:

Excavating Neandertal and Denisovan DNA from the genomes of Melanesian individuals

Benjamin Vernot, SerenaTucci, Janet Kelso, Joshua G. Schraiber, Aaron B. Wolf, Rachel M. Gittelman, Michael Dannemann, Steffi Grote, Rajiv C.McCoy, Heather Norton, Laura B. Scheinfeldt, David A. Merriwether, George Koki, Jonathan S. Friedlaender, Jon

Wakefield, Svante Pääbo, Joshua M. Akey .

http://science.sciencemag.org/content/early/2016/03/16/science.aad9416