История гаплогруппы N — преодолевая географические и языковые барьеры

Распределение Y-хромосомной гаплогруппы N по Евразии генетически связывает народы, языки и регионы

В только что опубликованной статье была подробно изучена история распространения одной из самых широко встречающихся в Евразии Y-хромосомных гаплогрупп – N. По данным полного секвенирования Y-хромосомы было построено филогенетическое дерево и описано подразделение гаплогруппы на ветви и субветви. Оказалось, что большинство из них имеют точную географическую но не лингвистическую привязку (встречаются в популяциях различных языковых семей).

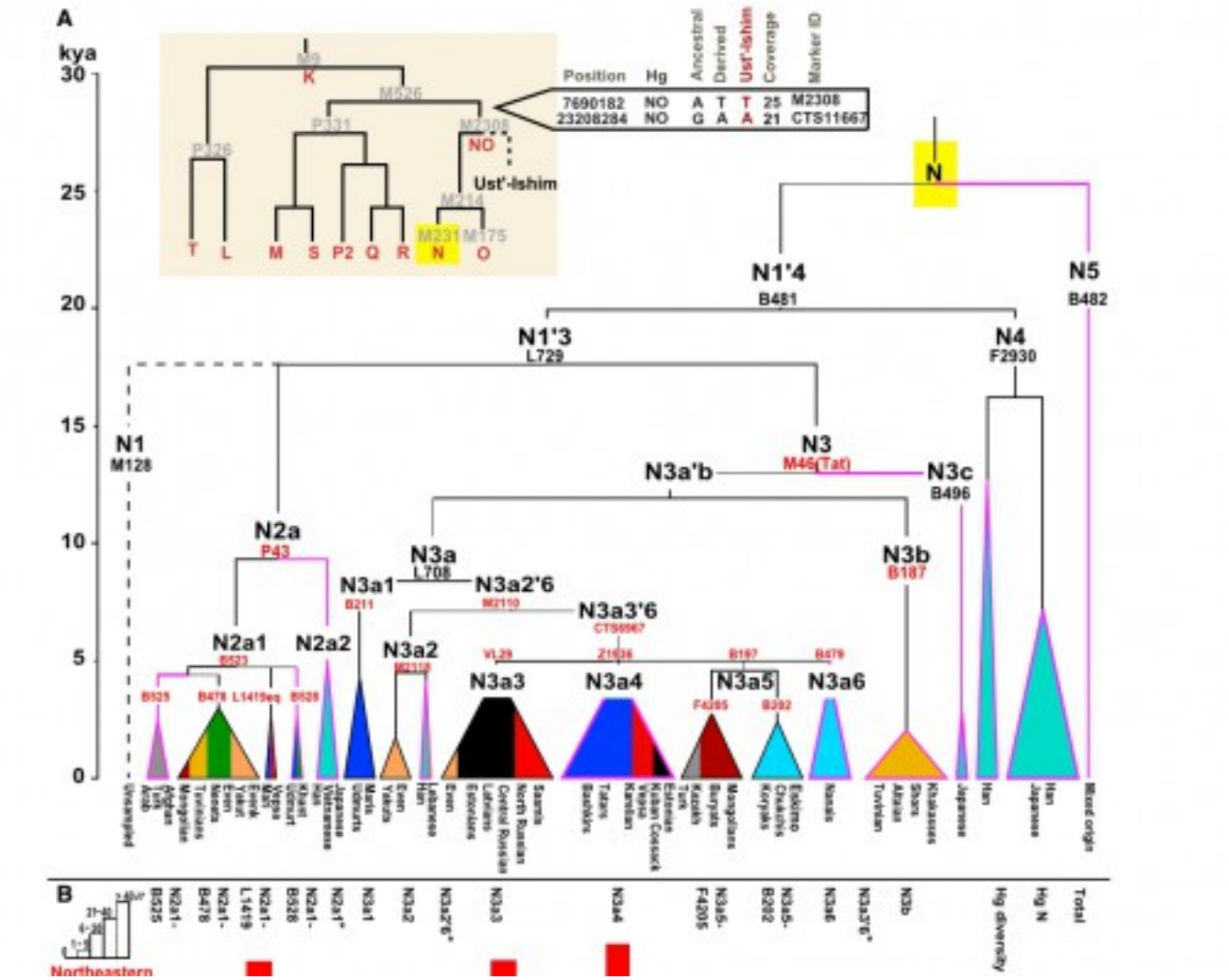
Y-хромосомная гаплогруппа N – одна из самых широко распространенных по Евразии, встречается от Дальнего Востока, Северного Китая и Японии до Восточной Европы, в популяциях самых разных языков и культур. Притом, что ближайшая родственная ей гаплогруппа O далеко не так универсальна – ее ареал ограничен Восточной Азией. Предковая им гаплогруппа NO обнаружена у древнего человека из Усть-Ишима (Сибирь, Омская обл.) возрастом 45 тыс. лет. Гаплогруппа N она доминировала на севере Китая в периоде неолита, 6,5 тыс. лет назад, и постепенно снижалась в частоте к бронзовому веку, 2,7 тыс. лет назад. Самое раннее ее появление в Европе зафиксировано в период железного века в Венгрии. Ее эволюция, в ходе которой она подразделялась на ветви и субветви, их современное распространение по Евразии и демографические процессы, которые к нему привели, несмотря на ряд более ранних попыток, до сих пор не были надежно изучены.

Это и стало основной задачей исследования эстонских и российских генетиков, результаты которого опубликованы в журнале The American Journal of Human Genetics. Руководитель коллектива — Сиири Роотси (Siiri Rootsi) (Эстонский биоцентр Университета Тарту), а первые авторы с одинаковым вкладом в работу — Анне-Маи Илюма (Anne-Mai Iluma¨e), Маарe Рейдла (Maere Reidla) (Эстонский биоцентр) и Марина Чухряева (Институт общей генетики РАН, Медико-генетический научный центр), среди соавторов статьи – генетики из Белоруссии, Украины и США.

В статье анализируются два типа данных. Во-первых, это самый современный метод исследования — полное секвенирование Y-хромосом 94 человек, носителей гаплогруппы N. При этом хромосомы 43 образцов авторы работы провели впервые, а данные по 51 взяли из ранее опубликованных статей. Во-вторых, это анализ выборки из 6521 мужчин из 56 популяций Евразии, для которых был проведен скрининг на новые открытые субветви в пределах гаплогруппы N.

Филогенетическое дерево N

По данным о секвенировании 94 Y-хромосом авторы построили детальное филогенетическое дерево, иллюстрирующее подразделение гаплогруппы N на ветви и субветви, причем определили датировку основных развилок на дереве. Каждый новый вариант гаплогруппы возникает в результате мутации. Всего на дереве – от корня до верхушек – авторы насчитали 198 мутаций и подсчитали скорость мутирования Y-хромосомы — 0.76×10^{-9} на одну пару оснований в год.



Филогенетическое дерево гаплогруппы N. Сверху показаны родственные связи N с другими гаплогруппами и филогенетическое положение образца древней ДНК из Усть-Ишима, относящегося к предковой гаплогруппе NO. Снизу – дерево, показывающее разветвление гаплогруппы N на ветви и субветви. Черным обозначено название ветвей/субветвей, а красным – маркер мутации, приведшей в возникновению данной ветви/субветви. Цветные конусы внизу обозначают регион распространения данных субветвей, под ними подписаны популяции. Слева – временная шкала (в тыс. лет назад).

География ветвей и субветвей

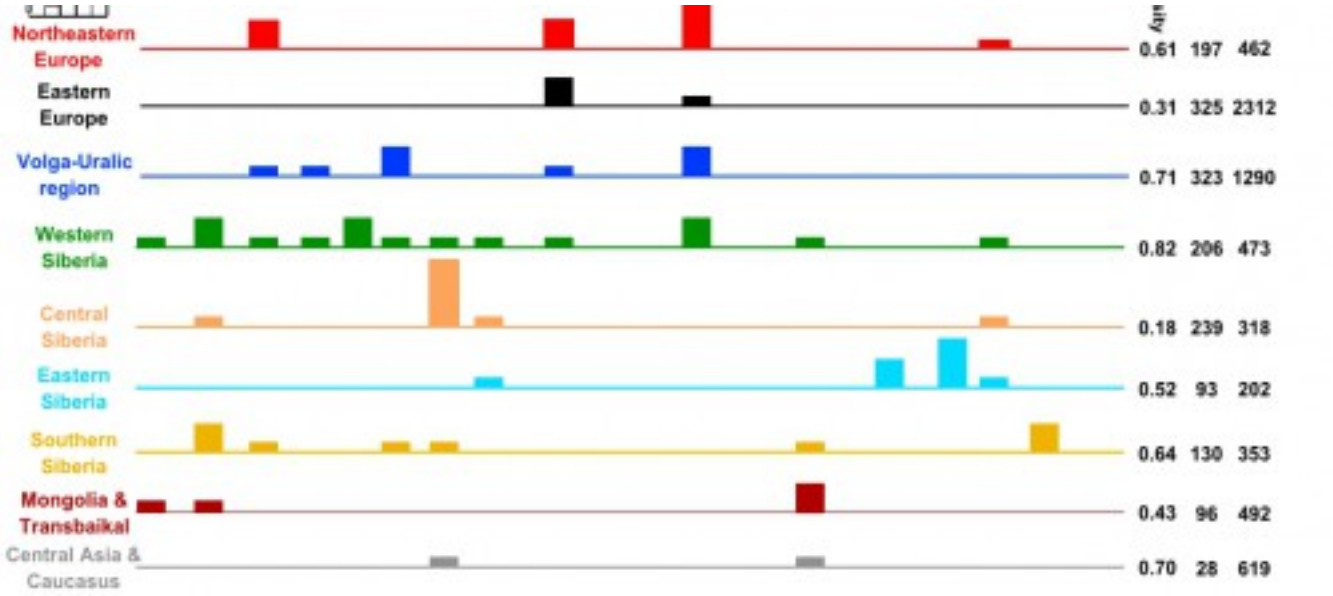
Каждый субвариант гаплогруппы N имеет достаточно четкий ареал географического распространения. Ранее всего отделившаяся от других (около 17 тыс. лет назад) ветвь N4 представлена в Японии, Китае, Вьетнаме.

Напротив, разделение ветвей N3 и N2a (около 13 и 9 тыс. лет назад соответственно) привело к глубокому ветвлению каждой из них, и в результате ими оказались охвачены самые разные регионы Евразии. Основные субветви N2a – это N2a2, представленная в Восточной Азии, и N2a1, веточки которой затронули Центральную Сибирь, Западную Сибирь, Монголию, Северную Европу.

N3 ветвится еще более широко. Субветвь N3b специфична для Южной Сибири и Монголии, а N3a широко распространена в других регионах северной Евразии: ее веточки представлены в Волго-Уральском регионе, в Западной и Центральной Сибири и др. Одна только субветвь N3a3'6 встречается на пространстве от Восточной Сибири до Балтики. Она затрагивает настолько далекие друг от друга популяции как чукчи, буряты и литовцы. В Европе одна из ее веточек — N3a3 охватывает более трети современных эстонцев, литовцев и латышей, а также представлена у саамов, карелов и финнов и у славянских народов – белорусов, украинцев и русских. N3a4 увеличивается в частоте к северо-востоку Европы (народы Поволжья). А субветви N3a5 и N3a6 ограничены восточной частью Евразии: N3a5 представлена у монгологоворящих бурятов и в Монголии, в Восточной Сибири (чукчи, коряки, эскимосы), а N3a6 – у тунгусоговорящих нанайцев в бассейне Амура.

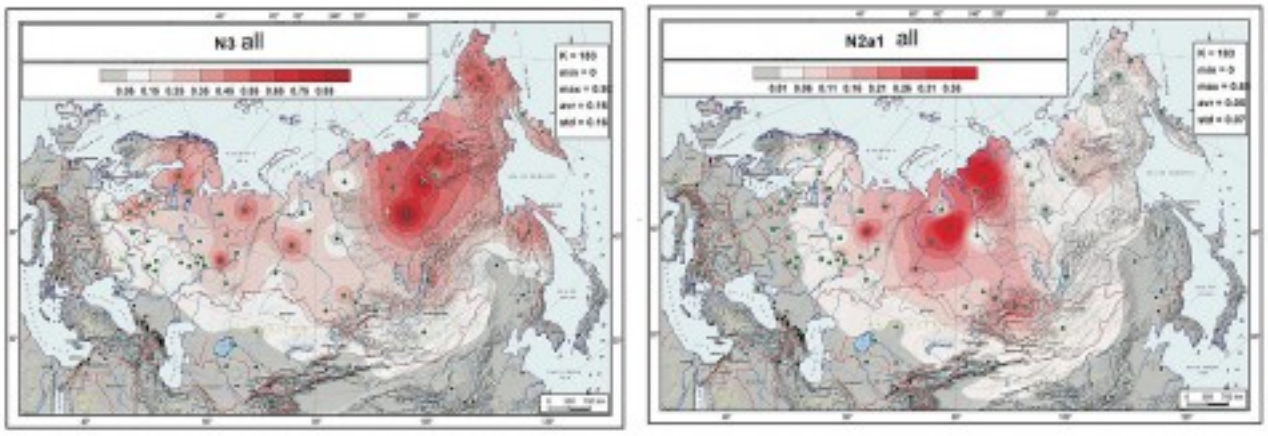
На следующем рисунке показано, какие субветви гаплогруппы N имеются в разных регионах (обозначенных разными

цветами).



Представленность субветвей гаплогруппы N (показаны сверху) и их пропорции в разных регионах (показаны слева). Цвет региона соответствует цвету на филогенетическом дереве.

С помощью программы GeneGeo созданы карты основных ветвей гаплогруппы N: N3 и N2a. Карты наглядно демонстрируют, насколько географически отличается их распределение и какую выраженную географическую приуроченность они имеют.



Карты частот субветвей N3 и N2a. Частота их в популяциях соответствует цветовой шкале сверху – чем ярче цвет, тем больше частота. Популяции, изученные в данной работе, обозначены зелеными точками, а данные из литературы, свидетельствующие об отсутствии гаплогруппы N на данной территории – черными точками.

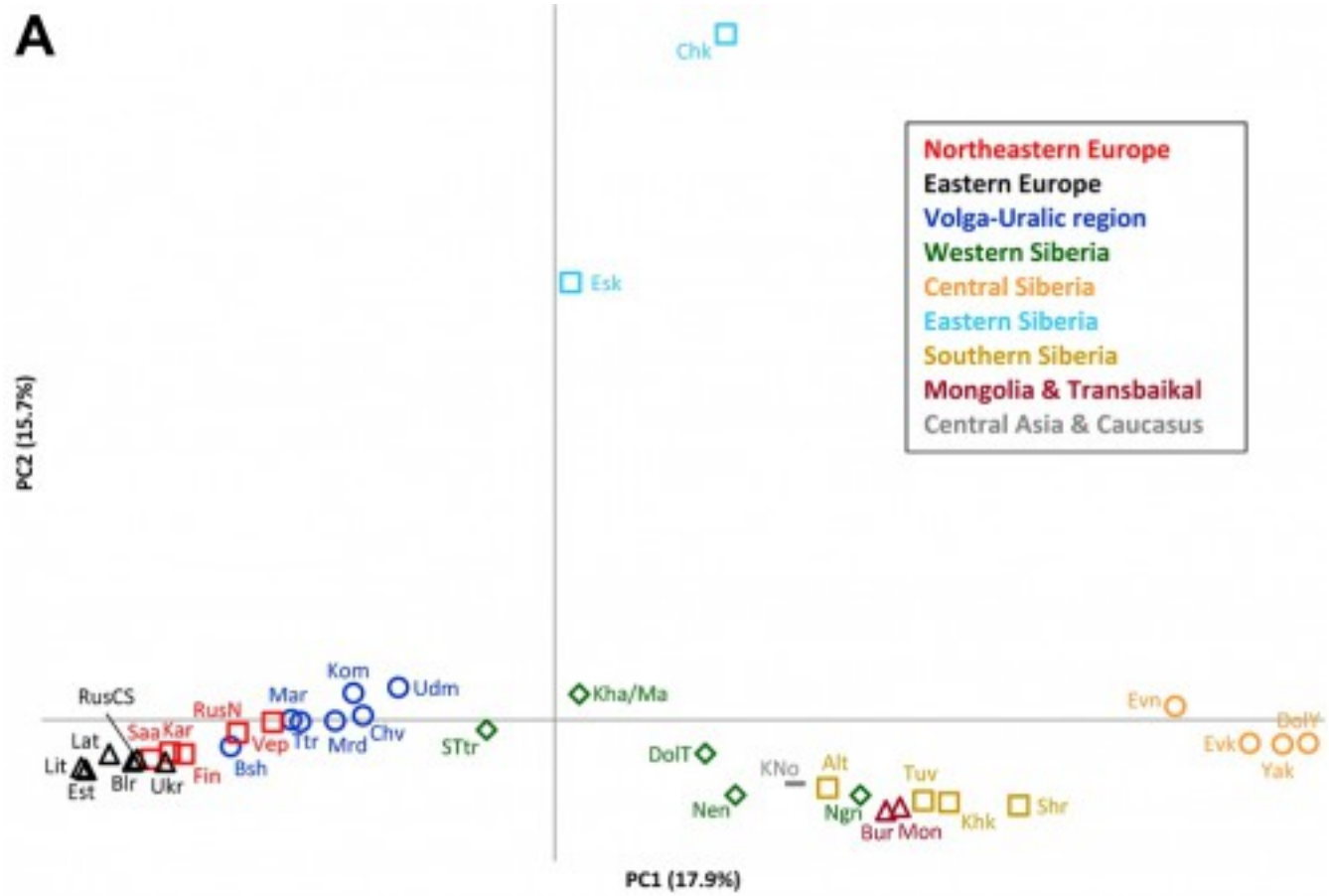


График анализа главных компонент (PCA), построенный по доле N3 и N2a субгаплогрупп в популяциях. Популяции разместились в соответствии с их географическим положением от запада к востоку. Регионы обозначены разными цветами (см. справа). Lit — литовцы, Lat — латыши, Est — эстонцы, Blr — белорусы, Ukr — украинцы, RusCS – русские центральные и южные, Saa — саамы, Kar — карелы, Fin — финны, RusN – русские северные, Vep — вепсы, Mar — марийцы, Ttr — татары, Kom – коми, Chv — чуваши, Udm — удмурцы, STtr – сибирские татары, Kha/Ma – ханты/манси, DolT — , Nen — ненцы, Esk — эскимосы, Chk — чукчи, Alt — алтайцы, Ngn — нганасаны, Bur — буряты, Mon — монголы, Tuv — тувинцы, Khk — коряки , Shr — шорцы, Evn — эвены, Evk — эвенки, Yak — якуты, Dol – долганы, Y – юкагиры.

Гаплогруппа объединяет языки и культуры

Экстремальное ветвление N3a3’6 произошло в среднем голоцене, около 5 тыс. лет назад . Сложно определить точный регион, где это случилось, вероятно, где-то в центре ареала – в районе Урала или в Западной Сибири. Но очевидно, что вновь образовавшиеся субветви гаплогруппы с миграциями их носителей стали распространяться в обоих направлениях – на запад и на восток – и довольно быстро достигли Балтики, Фенноскандии, Бурятии, Монголии и Чукотки-Камчатки (Берингии).

Популяции этих регионов, в которых присутствуют дочерние веточки субветви N3a3’6, говорят на разных языках: алтайской, уральской, индоевропейской и чукотско-камчатской семей. По данным лингвистов разделение этих языковых семей произошло на несколько тысячелетий раньше, чем последний зафиксированный сигнал экспансии субветви N3a3’6. Из этого авторы статьи делают предположение, что распространение этой субветви очень мало или вообще не связано с распространением языков. Иными словами, мужчины, которые несли и передавали следующим поколениям линии N3a3’6, могли говорить на разных языках.

Но хотя первоначальное распространение субветви N3a3’6 происходило поверх языковых барьеров, последующее ветвление уже не осталось в стороне от языкового разнообразия. Так, ветвление субветви N3a5 разделило ее на N3a5-F4205 среди монгологоворящих популяций и N3a5-B202 среди популяций чукотско-камчатских языков.

Возможные параллели генетики и истории

Датировка быстрого распространения N3a3’6 относит его к среднему голоцену, когда происходило потепление и распространение лесов к северу, в зону нынешней тундры. Исследователи рассматривают вероятность, что с экспансией

N3a3’6 может быть связан так называемый Сейминско-турбинский транскультурный феномен в период 4,2-3,7 тлн. Охвативший территорию вдоль Северной Евразии от Монголии до Балтики, этот феномен состоит в одновременном появлении технологий обработки металла в различных культурах кочевых обществ в поясе лесов и степей. Есть вероятность, что этот феномен – то есть распространение технологий обработки металла, мог быть связан с миграциями носителей Y-хромосомных линий N3a3’6. Но эти рассуждения носят спекулятивный характер, пишут авторы.

Есть и еще одно предположение. Исследования древней ДНК положили начало гипотезе о трех основных источниках европейского генофонда: это мезолитические охотники-собиратели, неолитические земледельцы и третья линия, получившая название древних северных евразийцев (ANE), представителем которой считают верхнепалеолитический образец со стоянки Мальта близ Байкала. Но модель трех источников не полностью соответствует генетическому профилю европейских популяций, поэтому специалисты предполагают наличие еще одного потока генов из Сибири. И этот поток, возможно, соотносится с субветвью N3a3’4.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Human Y Chromosome Haplogroup N: A Non-trivial Time-Resolved Phylogeography

that Cuts across Language Families

Anne-Mai Iluma¨e, Maere Reidla, Marina Chukhryaeva, …… Richard Villems and Siiri Rootsi

http://dx.doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025