

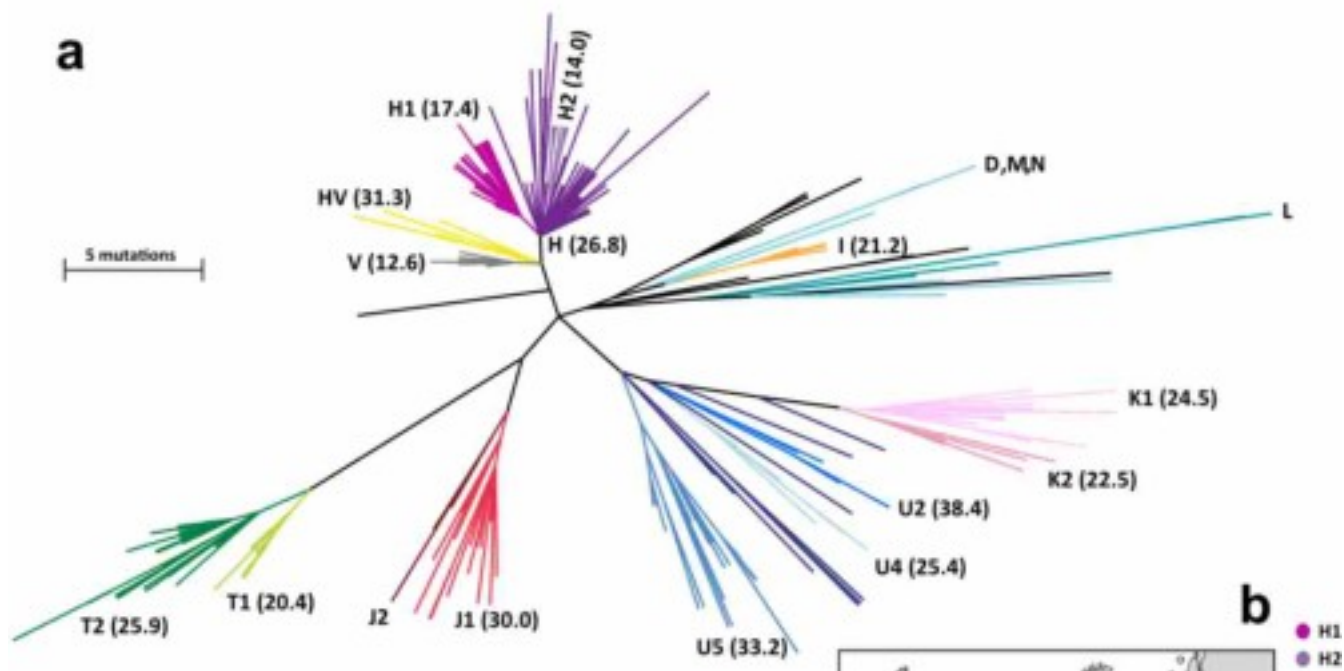
МтДНК и Y-хромосомы хранят разную демографическую историю популяций Европы

Генетики секвенировали митохондриальную ДНК 340 человек из 17 популяций Европы и Ближнего Востока и сравнили эти данные с данными по секвенированию Y-хромосомы. Демографическая история популяций, реконструированная по отцовским и материнским линиям наследования, оказалась совершенно разной. Если первые указывают на экспансию в период бронзового века, то вторые хранят память о расселении в палеолите после окончания оледенения.

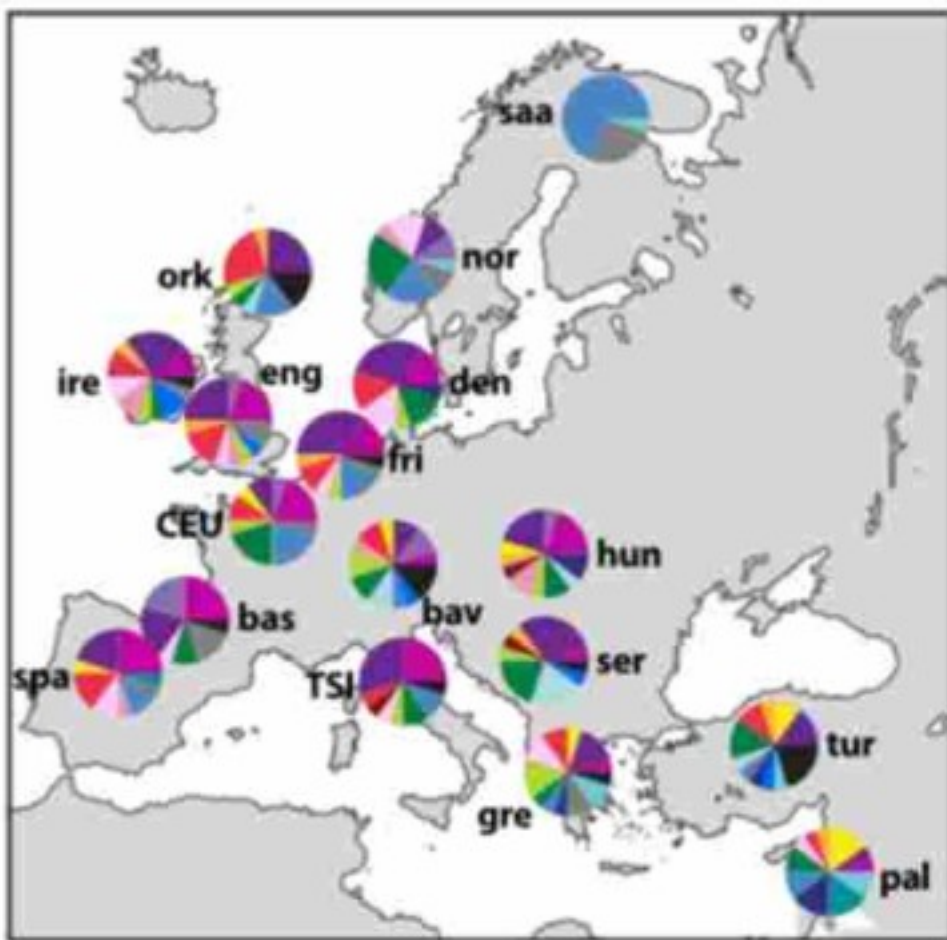
В журнале [Scientific Reports](#) представлены данные по полному секвенированию митохондриальной ДНК 340 человек из 17 популяций Европы и Ближнего Востока, для которых данные по Y-хромосоме были уже известны. Ведущие авторы статьи – Джон Веттон и Марк Джоблинг из Университета Лестера, Великобритания. Результаты послужили для реконструкции демографической истории популяций по отцовским и по материнским линиям наследования, которые оказались очень различными.

МтДНК изученных индивидов принадлежала к следующим гаплогруппам: H (34.1%), U (17.9%), T (13.5%), J (9.1%), K (7.3%), V (5.3%); оставшиеся 12,6% приходились на минорные гаплогруппы. Авторы отмечают, что по частоте гаплогрупп саамы отличались от всех остальных популяций (у них доминируют U5 и V и встречается гаплогруппа D, характерная для северной и восточной Азии).

Разнообразие митохондриальных гаплогрупп исследователи отразили на дереве, построенном на основе секвенирования участка кодирующего региона мтДНК размером 15 447 бп. Длина линии пропорциональна дивергенции внутри гаплогруппы. Цифра в скобках после названия показывает время общего предка для данной гаплогруппы, то есть, время ее разветвления. На карте для каждой изученной популяции показан спектр частот гаплогрупп мтДНК.

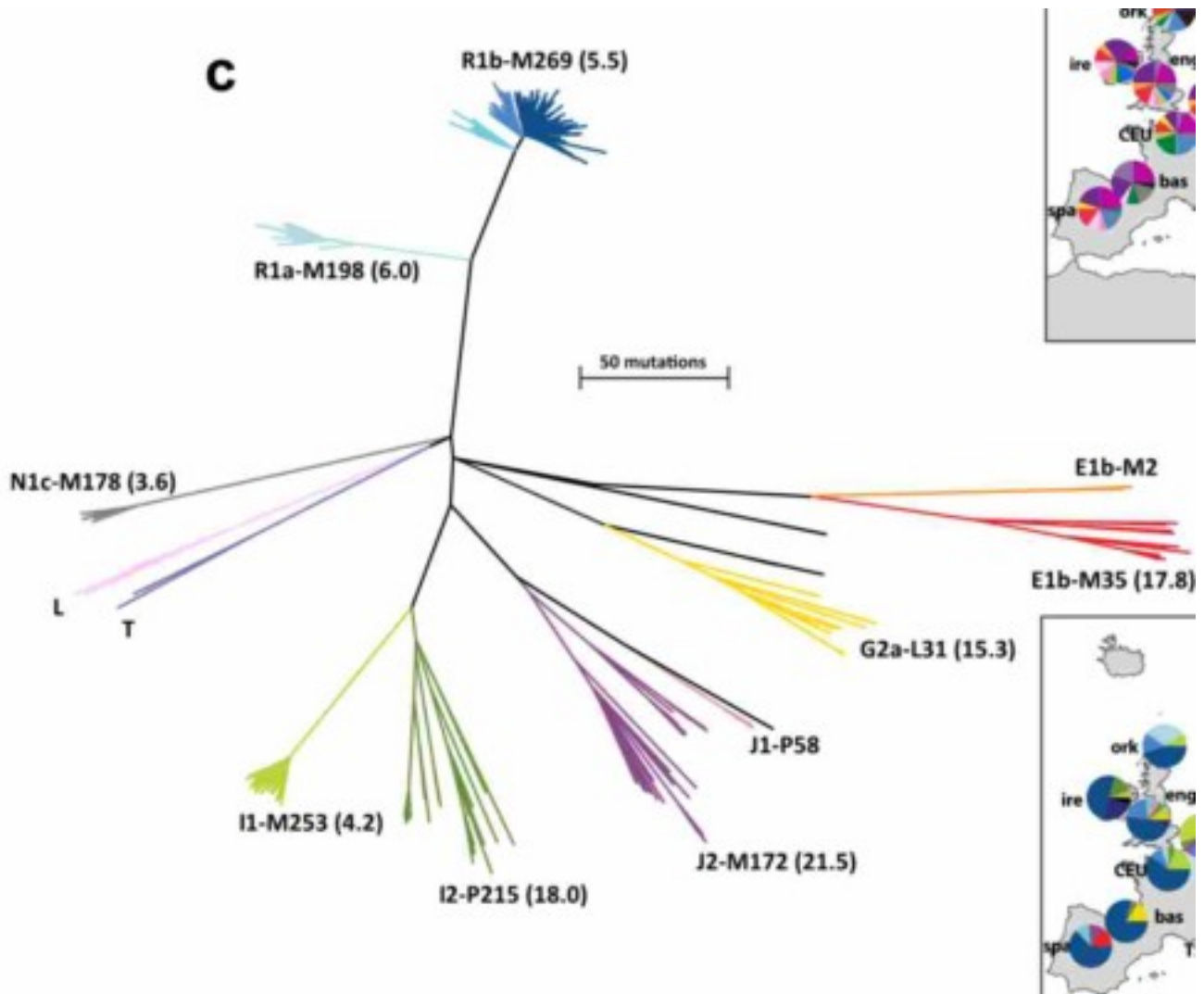


Дерево, построенное по секвенированию мтДНК. Обозначения популяций: bas: баски; bav: Бавария (Германия); CEU: n северные и западные европейцы из коллекции CEPH (Франция); dep: Дания; eng: Англия; fri: Фризия (Нидерланды); gre: Греция; hun: Венгрия; ire: Ирландия; nor: Норвегия; ork: Оркни; pal: Палестина; saa: саамы (Финляндия); ser: сербы; spa: Центральная Испания; TSI: Тоскана (Италия); tur: Турция.

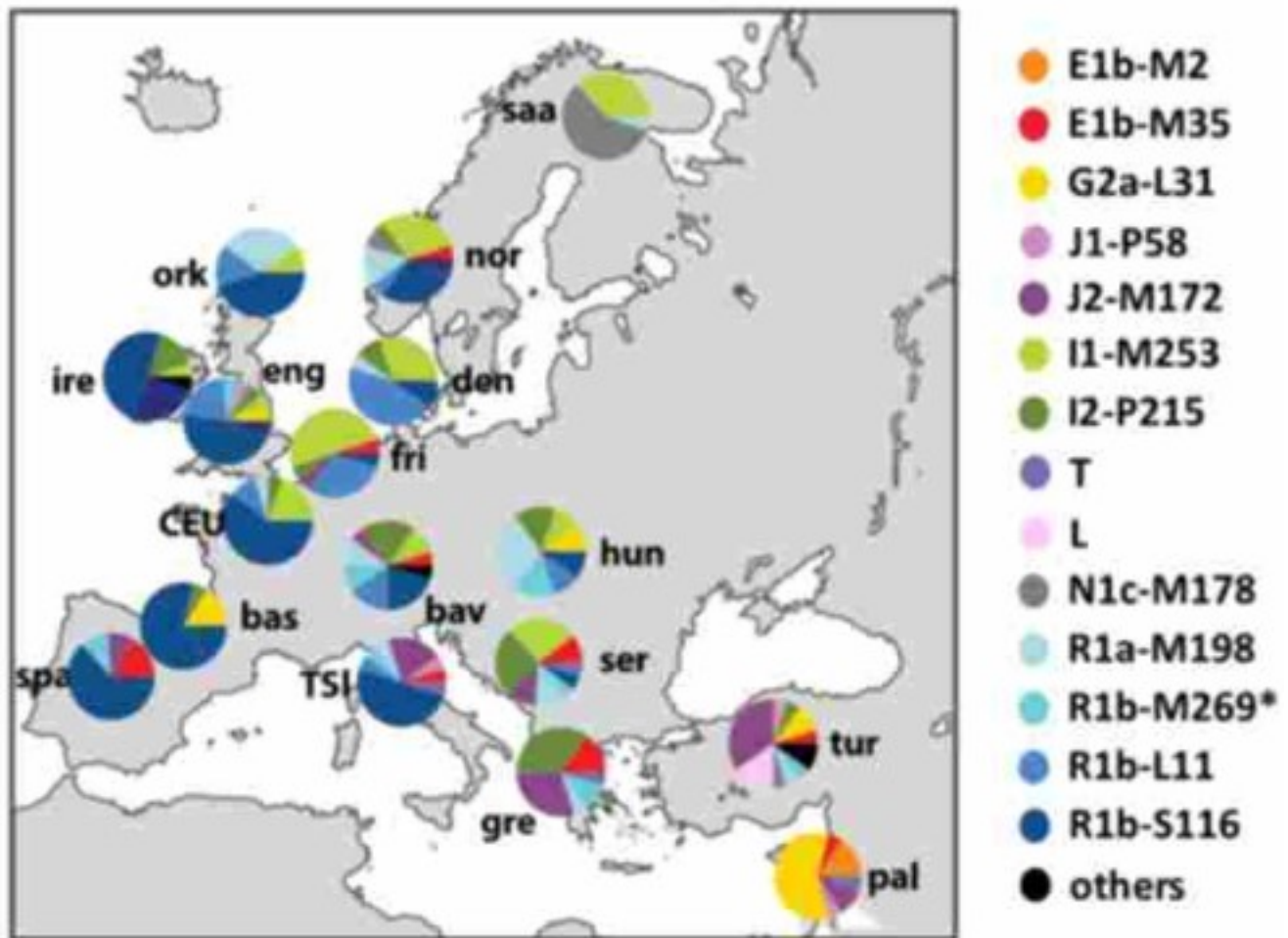


Частоты гаплогрупп мтДНК изученных популяций (обозначения популяций на предыдущем рисунке).

Для сравнения, то же самое показано для Y-хромосом тех же индивидов. Дерево построено на основе секвенирования 3,7 Мб Y-хромосомы. Длина линии пропорциональна дивергенции внутри гаплогруппы. Цифра в скобках показывает время общего предка для данной гаплогруппы, то есть, время ее разветвления. На карте для каждой изученной популяции показан спектр частот гаплогрупп Y-хромосомы. Авторы отмечают, что географическая локализация гаплогрупп гораздо сильнее выражена для Y-хромосомы, чем для мтДНК.

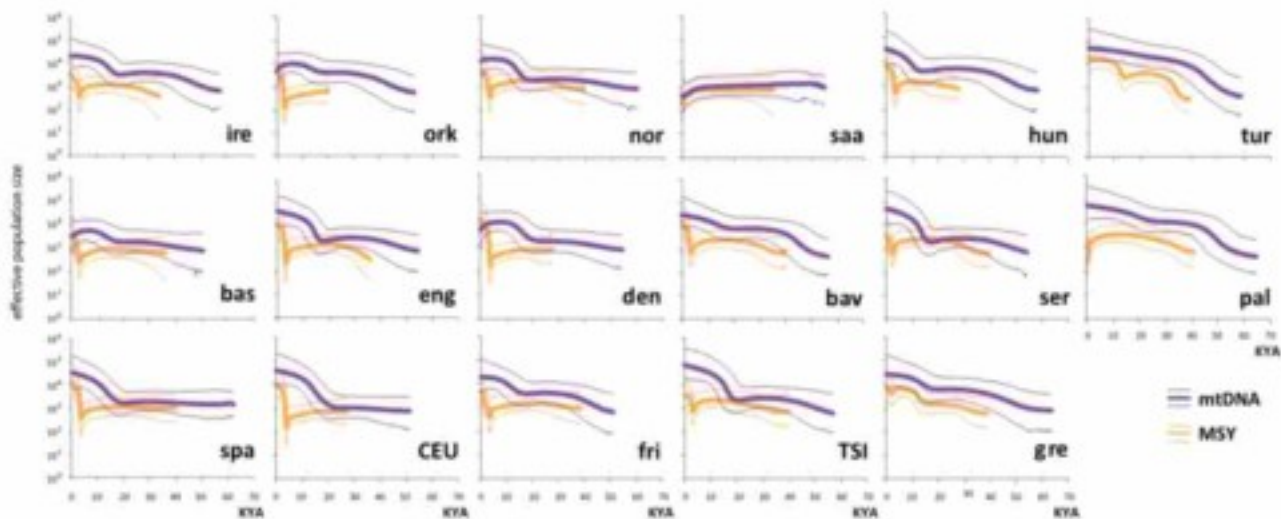


Дерево, построенное по секвенированию Y-хромосом. Обозначения популяций bas: баски; bav: Бавария (Германия); CEU: n северные и западные европейцы из коллекции CEPH (Франция); dep: Дания; eng: Англия; fri: Фризия (Нидерланды); gre: Греция; hun: Венгрия; ire: Ирландия; nor: Норвегия; ork: Оркни; pal: Палестина; saa: саамы (Финляндия); ser: сербы; spa: Центральная Испания; TSI: Тоскана (Италия); tur: Турция.



Частоты гаплогрупп Y-хромосомы изученных популяций (обозначения популяций на предыдущем рисунке).

Авторы реконструировали демографическую историю популяций на основании мтДНК (по материнским линиям наследования). И получили совсем другую картину, чем ранее была получена по Y-хромосомам. В отличие от Y-хромосом, мтДНК не обнаруживает признаков географической экспансии популяций в период бронзового века, когда предполагается массовая миграция кочевников из степей, изменившая европейский генофонд. По материнским линиям наследования все популяции (за исключением саамов) обнаруживают признаки экспансии, относящиеся к палеолиту, к периоду после Последнего ледникового максимума (от 20 до 13 тыс. лет назад). Эта картина представлена на байесовских графиках для мтДНК и Y-хромосомы, которые отражают изменение эффективного размера популяции со временем. Видно, что из общей картины более всего выбиваются саамы.



Bayesian Skyline Plots для мтДНК (фиолетовый цвет) и Y-хромосомы (оранжевый цвет). Показано изменение эффективного размера популяции по времени (по оси абсцисс — временная шкала).

Полученные результаты привели авторов к выводу, что демографическая история европейских популяций по мужским и женским линиям сильно различается. Для первых самым главным демографическим событием является экспансия (увеличение в численности и географическое распространение) в период бронзового века. В то же время, в мтДНК это событие практически не отразилось. Это подтверждает высказанное ранее предположение, что миграция степных кочевников бронзового века была гендерно-специфичной — преимущественно мужской. В материнских линиях наследования (в митохондриальной ДНК) отразились гораздо более древние события – увеличение в численности и распространение популяций в эпоху окончания оледенения, когда стало возможным покинуть климатические рефугиумы и осваивать новые территории.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Population resequencing of European mitochondrial genomes highlights sex-bias in Bronze Age demographic expansions

Chiara Batini et al.

Scientific Reports 7, Article number: 12086 (2017)

doi:10.1038/s41598-017-11307-9

[статья в открытом доступе](#)