

Генеалогическое супердерево объединило 13 млн человек

По данным из открытых источников специалисты построили рекордное по величине генеалогическое дерево, объединившее 13 млн индивидов, жителей Европы, Америки, Австралии и Южной Африки. Дерево протянулось на 11 поколений. С его помощью авторы уточнили степень наследования продолжительности жизни, оценили гендерные особенности миграций и проследили за изменениями в выборе брачных партнеров.

Статья, [опубликованная в журнале Science](#), рассказывает о прорывном исследовании в области современной генетической генеалогии и о том, как методами этой «гражданской науки» можно получить ответы на самые разные вопросы. Авторы исследования использовали краудсорсинговый генеалогический ресурс [Geni.com](#). На этом ресурсе пользователи создают индивидуальные профили и размещают свои семейные деревья. Эти профили автоматически сканируются на вебсайте для поиска сходства, и на основании сходства происходит их сортировка и объединение. Таким путем создаются большие объединенные генеалогические деревья.

После получения соответствующего разрешения авторы статьи загрузили с этого ресурса 86 миллионов размещенных в открытом доступе профилей вместе с выявленными между ними связями, которые и позволяли объединять деревья. С помощью оригинального алгоритма авторам удалось получить самое большое из когда-либо полученных до сих пор объединенных деревьев. Генеалогическое «супердерево» своими ветвями объединило 13 миллионов человек, жителей Европы, Америки, Австралии и Южной Африки, связанных между собой через общих предков и брачные узы. В среднем на дереве конечные «веточки» были отделены от общего корня 11 поколениями.

Получив такое беспрецедентно большое генеалогическое дерево, авторы работы стали решать с его помощью различные вопросы. Для изучения отцовских и материнских линий наследования они проанализировали гаплотипы Y-хромосомы и мтДНК и насчитали 211 линий мтДНК и 27 линий по Y-STR маркерам. Анализ гаплотипического разнообразия однородительских маркеров показал, что в 1,9% случаев отцовство не является биологическим, а в 0,3% случаев материнство не является биологическим. И то, и другое соответствует статистическим данным для США.

Далее, авторы исследовали важнейший демографический показатель – продолжительность жизни включенных в дерево индивидов. Полученные данные отразили исторические события и тренды, такие как увеличение смертей в период гражданской войны в США, Первой и Второй мировых войн, а также снижение детской смертности в течение XX века. Вычисленную в работе среднюю продолжительность жизни сравнили с полученной в глобальном историческом анализе за период 1840-2000 гг. и получили 98% соответствие с базой Human Mortality Database (HMD).

Исследователи сделали попытку оценить генетическую составляющую продолжительности жизни. Они построили модель, в которую были заложены ожидаемая продолжительность жизни и возраст смерти. Ее результаты сравнили с данными по анализу 130 «троек»: родители – ребенок и с базой по 3 млн пар родственников – от родных сиблингов до кузенов в 4-м колене. Разными методами авторы оценили коэффициент наследования продолжительности жизни от 12,2% до 16%. Они сделали вывод, что наследуемость этого показателя ранее переоценивалась (ее считали около 25%).

Наконец, по данным о географии мест рождения индивидов авторы исследовали гендерные особенности миграций. Результаты показали, что в западном обществе женщины меняют место жительства чаще, чем мужчины, но перемещаются на короткие расстояния. Специалисты пришли к такому выводу, сравнивая место рождения матери и ребенка. То есть, на малых расстояниях наблюдается патрилокальность, когда мужчина берет себе жену из другой деревни. С другой стороны, миграции на дальние расстояния совершают в основном мужчины. Отцы и их дети рождаются в разных странах с большей вероятностью, чем матери и их дети.

Авторы проследили также за изменениями величины брачного радиуса – расстояния между местами рождения супругов. До индустриальной революции (до 1750 г.) большинство браков заключались в пределах 10 км. Затем, с развитием транспортной

сети и увеличением мобильности населения это расстояние стало расти и к 1950 г. достигло 100 км. Параллельно менялись и родственные отношения между супругами. От 1650 до 1850 гг. супруги в среднем состояли в родстве как кузены в 4-м колене. В дальнейшем, параллельно с увеличением расстояния между местами рождения супругов, родство стало уменьшаться. Но интересно, что это происходило с примерно 50-летней задержкой. То есть сначала люди продолжали вступать в брак с дальними кузенами, несмотря на увеличивающиеся расстояния между ними, и лишь через 50 лет парадигма сменилась.

Подводя итог, авторы пишут об эффективности кооперации между фундаментальной наукой и генетической генеалогией. С ростом оцифровывания всей нашей жизни и развитием потребительской генетики, как они считают, такая кооперация может быть эффективным путем поиска ответов на фундаментальные вопросы биомедицины.

текст Надежды Маркиной

Источник:

[Quantitative analysis of population-scale family trees with millions of relatives](#)

Joanna Kaplanis et al.

Science 10.1126/science.aam9309 (2018)