Ульчи — потомки восточноазиатских охотников-собирателей

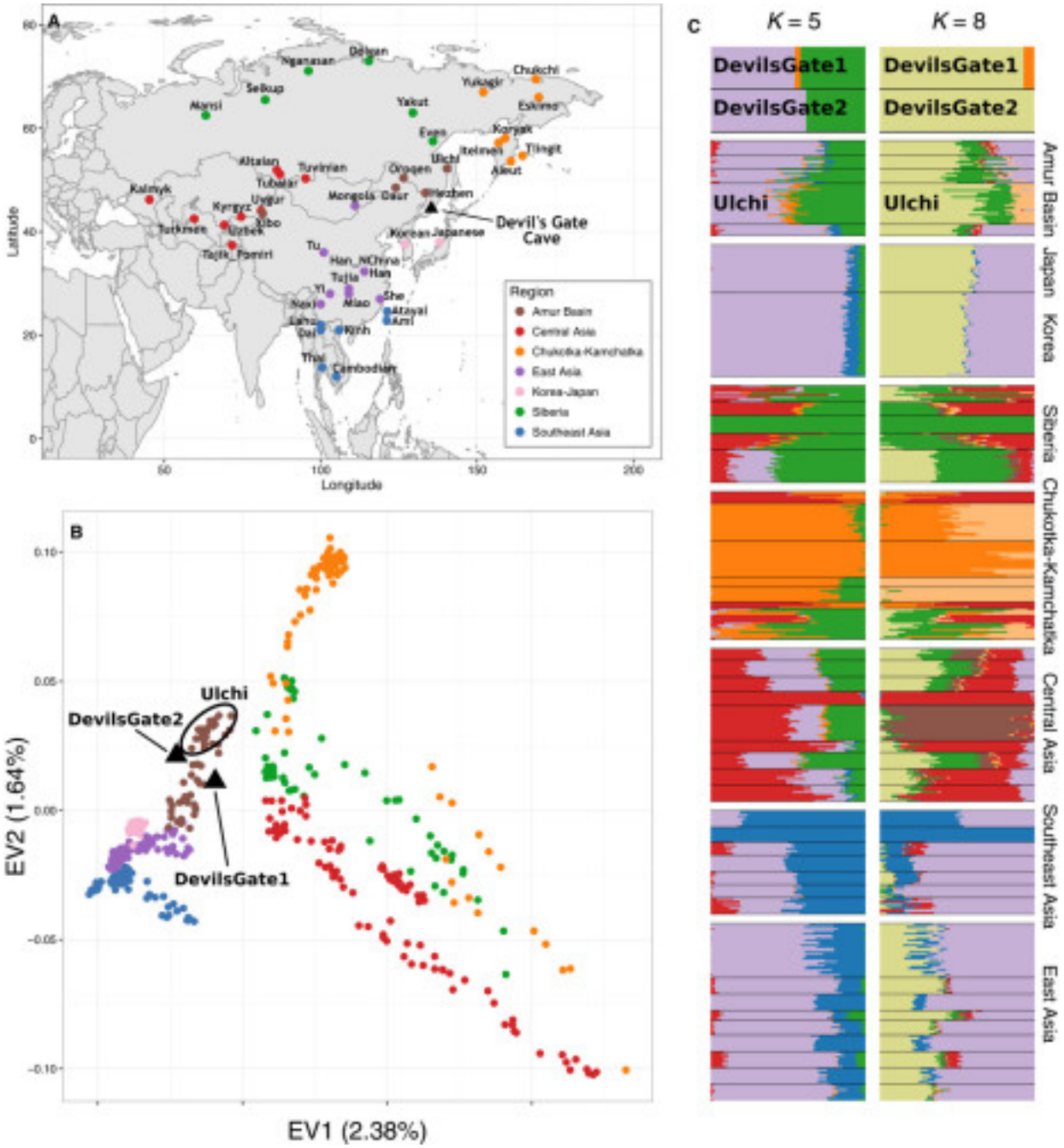
В журнале Science Advances опубликованы результаты исследования геномов двух индивидов из восточноазиатской популяции эпохи неолита. Определено их генетическое сходство с ныне живущими популяциями. До сих пор исследования древней ДНК очень мало затрагивали регион Восточной Азии. Новые данные были получены при исследовании ДНК из останков двух женщин, найденных в пещере «Чертовы ворота» в Приморье, их возраст составляет около 7700 лет. Эти индивиды принадлежали к популяции охотников-рыболовов-собирателей, без каких-либо признаков производящего хозяйства, хотя было показано, что из волокон диких растений они изготавливали текстиль.

Исследователи секвенировали с низким покрытием геномы пяти индивидов, найденных в пещере; на втором этапе они отобрали два генома которые удалось секвенировать с более высоким покрытием, хотя все равно оно остается низким, даже по сравнению с сиквенсами других древних геномов (0,059x и 0,023x). Анализ показал, что эти два генома Gate1 и Gate2 принадлежат женщинам. Митохондриальная ДНК одной женщины относится к гаплогруппе D4, которая сегодня широко распространена в Восточной Азии, а мтДНК другой женщины — к гаплогруппе M, материнской ветви для D4.

Данные секвенирования древних приморских геномов сравнили с данными по современным популяциям и другим древним геномам. По методу анализа главных компонент и методу ADMIXTURE (выявления предковых компонентов) обнаружили их сходство с популяциями в бассейне Амура, говорящими на языках тунгусо-маньчжурской группы; особенно близки неолитические геномы оказались к популяции ульчи. Авторы статьи считают, что ульчи можно считать вероятными генетическими потомками охотников-рыболовов-собирателей из «Чертовых ворот».

С другими же древними образцами индивиды из «Чертовых ворот» не проявляют заметного генетического сходства.

Эти данные свидетельствуют о генетической преемственности населения в регионе Восточной Азии, в противоположность населению Западной Евразии, где популяции охотников-собирателей генетически не похожи на современные, живущие на той же территории.



(A) Местоположение «Чертовых ворот» (черный треугольник) и современных популяций, использованных в анализе. (B) График анализа главных компонент; геномы из «Чертовых ворот» обозначены черным треугольником, популяция ульчи обведена овалом; современные популяции перечислены на рис. (A); (C) график анализа ADMIXTURE, число предковых популяций k=5 и k=8; справа перечислены регионы Центральной и Восточной Азии; два верхних спектра – популяции из «Чертовых ворот», под ними з- популяция ульчи.

Источник:

Genome-wide data from two early Neolithic East Asian individuals dating to 7700 years ago

Veronika Siska et al., Science Advances

Статья в открытом доступе