

История популяций Евразии по древним геномам

В журнале *Trend in Genetics* опубликован обзор китайских специалистов – обобщающий взгляд на раннюю историю населения Евразии по данным, полученным из древних геномов, в период от 45 до 7,5 тыс. лет назад.

Изучение древних геномов, которых с каждым годом становится все больше, дает возможность генетикам реконструировать историю заселения планеты человечеством. Пожалуй, наиболее полная картина была дана год назад в обзорной статье проф. Эске Виллерслева (Университет Копенгагена), [о которой можно прочитать на сайте](#). В свежей статье, [опубликованной в журнале Trend in Genetics](#), представлен обзор китайских генетиков (авторы Melinda A. Yang и Qiaomei Fu) по данным о ранней истории населения Евразии в период от 45 тыс. лет назад до 7,5 тыс. лет назад.

Интересующие авторов вопросы касаются родственных связей между популяциями современного человека в верхнем палеолите, взаимодействия между популяциями современного человека и древних видов людей, а также генетической преемственности от древних популяций к современным. Изучаемую эпоху они делят на три периода: Ancient Modern A (АМА, 45–35 тлн), Ancient Modern B (АМВ, 34–15 тлн) и Ancient Modern C (АМС, 14–7.5 тлн). По каждому периоду в статье выделены главные события, происходящие в популяциях анатомически современного человека в Евразии.

Период АМА (45–35 тлн)

В этот период на территории Евразии сосуществовали, по меньшей мере, четыре различных популяции *Homo sapiens*. Популяции, представленные самыми древними индивидами, не оставили генетический след в современном населении. К ним относится человек из Усть-Ишима в Центральной Сибири (45 тлн) и [Oase 1](#) из Румынии (42-37 тлн).

С другой стороны, индивид из [Костенок-14 \(36 тлн\)](#) и Goyet Q116-1 из Бельгии (35 тлн) обнаруживают более близкое сходство европейцами, чем с прочими жителями Евразии. Но в отличие от современных европейцев, древние европейцы периода АМА не содержат генетический вклад «базальных евразийцев».

Базальные евразийцы. Это понятие возникло в работе Lazaridis et al., 2014 ([обзор статьи на сайте](#)), где было показано, что в геномах неолитических европейских земледельцев и в геномах современных европейцев содержится генетический компонент, отсутствующий в геномах европейских охотников-собираателей. Авторы пришли к выводу, что этот генетический компонент (не представленный пока никакими древними геномами) происходит от популяции, отделившейся от вышедшего из Африки человечества до разделения его на европейскую и азиатскую ветви. Они назвали его компонентом «базальных евразийцев». В наибольшей степени этот компонент присутствует в ближневосточных геномах возрастом 12-1,4 тлн.

С территории Восточной Азии известен только один древний геном, относящийся к этому периоду – из китайской пещеры [Тяньюань \(40 тлн\)](#), наиболее сходный с геномами современных жителей Восточной Азии и американских индейцев.

Авторы приходят к выводу, что около 40 тлн в Евразии уже существовали отдельно европейский и азиатский генетические пулы, следовательно, разделение вышедшего из Африки человечества на европейскую и азиатскую ветви произошло до этого времени.

Остается загадкой генетическое сходство образца из Тяньюань и Goyet Q116-1 из Бельгии, которое можно объяснить только наличием неких связей между популяциями Западной и Восточной Евразии после европейско-азиатского разделения.

Период АМВ (34–15 тлн)

Древние индивиды этого периода с территории Западной и Восточной Евразии проявляют генетическое сходство с современными европейцами либо с населением Азии, соответственно. В Западной и Центральной Европе индивиды, относящиеся к периоду 34-26 тлн (например образцы Vestonice 16, Ostuni 1), ассоциированы с широко распространенной культурой граветт. К этому же времени относится Сунгирь-1 из России (34 тлн). В Азии к этому периоду относятся образцы [Мальта 1](#) и Афонтова гора 3, которые обнаруживают генетические связи как с европейцами, так и с американскими индейцами.

Период АМС (14–7.5 тлн)

В конце палеолита и на переходе к неолиту растет число контактов между регионами Евразии. Это выражается в появлении генетического сходства между географически удаленными популяциями. Так, в геномах этого времени из Центральной и Западной Европы (например, образцы Villabruna и Loschbour) просматривается связь не только с современными европейцами, но и с жителями Ближнего Востока и Восточной Азии. Геномы с Кавказа ([Satsurblia](#) и [Kotias](#)) несут в себе компонент «базальных евразийцев», наблюдаемый в популяциях Европы и Ближнего Востока.

Данные по некоторым древним геномам, относящимся к разным периодам, и основные полученные по ним результаты отображены в таблице.

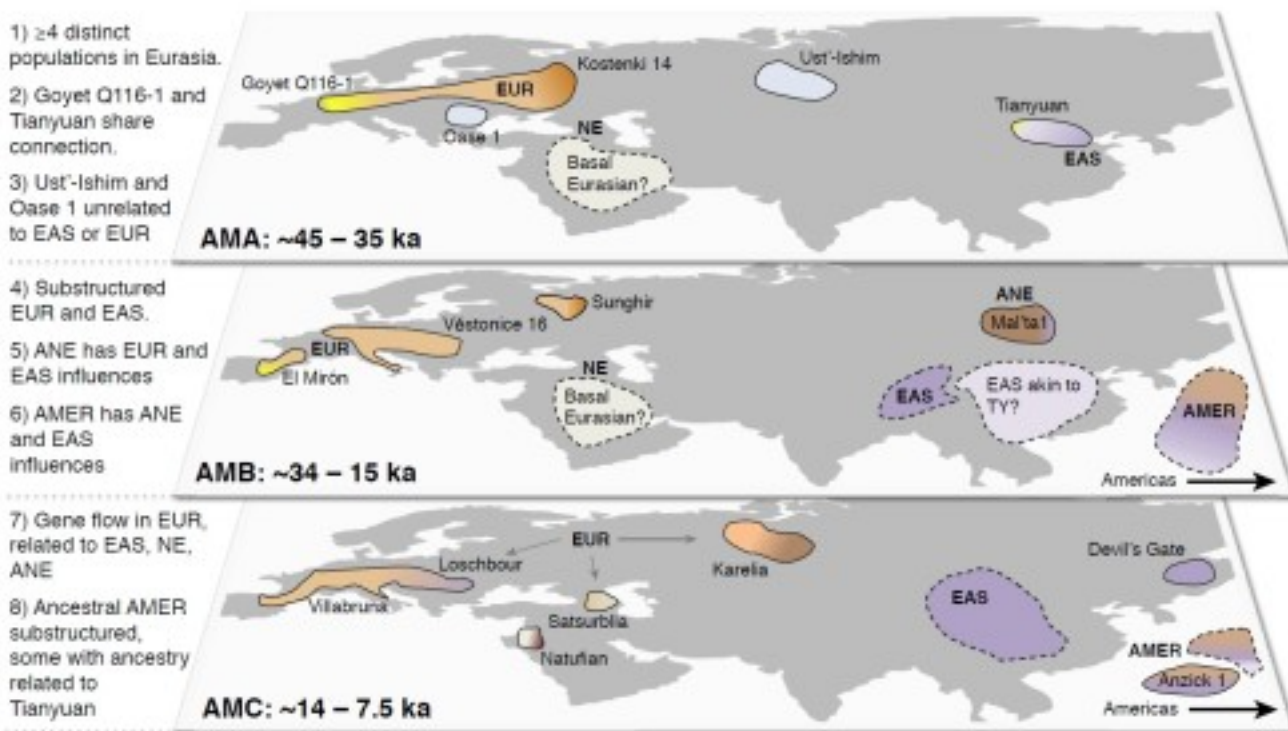
Данные по некоторым изученным древним геномам от 45 тлн до 7,5 тлн.

образец	Датировка(тлн)	страна	С каким покрытием секвенирован геном	Основные результаты
Усть-Ишим	47-42	Россия	42	Не представлен генетически в современных популяциях. Использован для датировки смешения с неандертальцами.
Oase 1	41-37	Румыния	0,16	Не представлен генетически в современных популяциях. Обнаружено смешение с неандертальцами 4-6 поколений назад.
Тяньюань	41-39	Китай	4,1	Генетическая близость с жителями Азии. Обнаружено генетическая связь с Goyet Q116-1 и некоторыми южноамериканскими индейцами.
Костенки-14	38-36	Россия	16,1	Древнейший индивид, имеющий близкое генетическое сходство с современными европейцами.
Goyet Q116-1	35-34	Бельгия	1,05	Сходство с современными европейцами. Обнаружена генетическая связь с индивидом Тяньюань из Китая.
Сунгирь (6)	35-29	Россия	10,75	Группа индивидов, родственных

Вестонице 16	30-29	Чехия	1,31	европейцам. Обнаружено сходство с образцами Костенки-14 и Вестонице 16. Родство с европейцами. Представляет популяцию, широко расселившуюся по Европе в период ПЛМ. Родство с европейцами.
Ostuni 1	27	Италия	0,24	Наиболее близок к Вестонице 16.
Мальта 1	24	Россия	1,17	Относится к древним северным евразийцам с европейским и азиатским предковым вкладом. Близкое родство с американскими индейцами.
Эль Мирон	18	Испания	1,01	Родство с европейцами, тесная связь с Gouet Q116-1. Предположительно, относился ко второй европейской популяции в период ПЛМ.
Афонтова гора 3	16	Россия	0,17	Относится к древним северным евразийцам, генетически близок к образцу Мальта 1.
Виллабруна	14	Италия	3,14	Родство с европейцами, более близок к Ближнему Востоку, чем более древние европейцы.
Bichon	14	Швейцария	8,12	Близок к образцу Виллабруна, но обнаруживается связь с Восточной Азией.
Satsurblia	13	Грузия	1,2	Родство с европейцами. Несет компонент «базальных евразийцев» с Кавказа.
Anzick 1	13	США	14,4	Родство с некоторыми индейцами Центральной и Южной Америки.
Natufian (6)	12-10	Израиль	0,53	Ближневосточные геномы с высоким вкладом «базальных евразийцев» из Леванта.
Hotu	10-9	Иран	0,14	Ближневосточные геномы с высоким вкладом «базальных евразийцев» и большей близостью к двум индивидам с Кавказа (Satsurblia и Kotias), чем к натуфийцам.
Kotias	10	Грузия	12,2	Родство с европейцами, но с компонентом «базальных евразийцев»

Карелия	9-8	Россия	1,95	с Кавказа. Родство с европейцами. Генетическая близость к образцам Мальта 1 и Афонтова гора 3.
Hora (2)	8	Малави	0,26	Родство с древними и современными бушменами Южной Африки.
Loschbour	8	Люксембург	20	Родство с образцом Виллабруна, но с компонентом Восточной Азии.
La Brana 1	8	Испания	3,34	Родство с образцом Виллабруна, но с компонентом Восточной Азии.
Kőrös 1	8	Венгрия	1,1	Родство с образцом Виллабруна, но с компонентом Восточной Азии.
Мотала 12	8	Швеция	2,18	Родство с европейцами. Генетическая связь с образцами из Карелии, Мальта 1 и Афонтова гора 3.

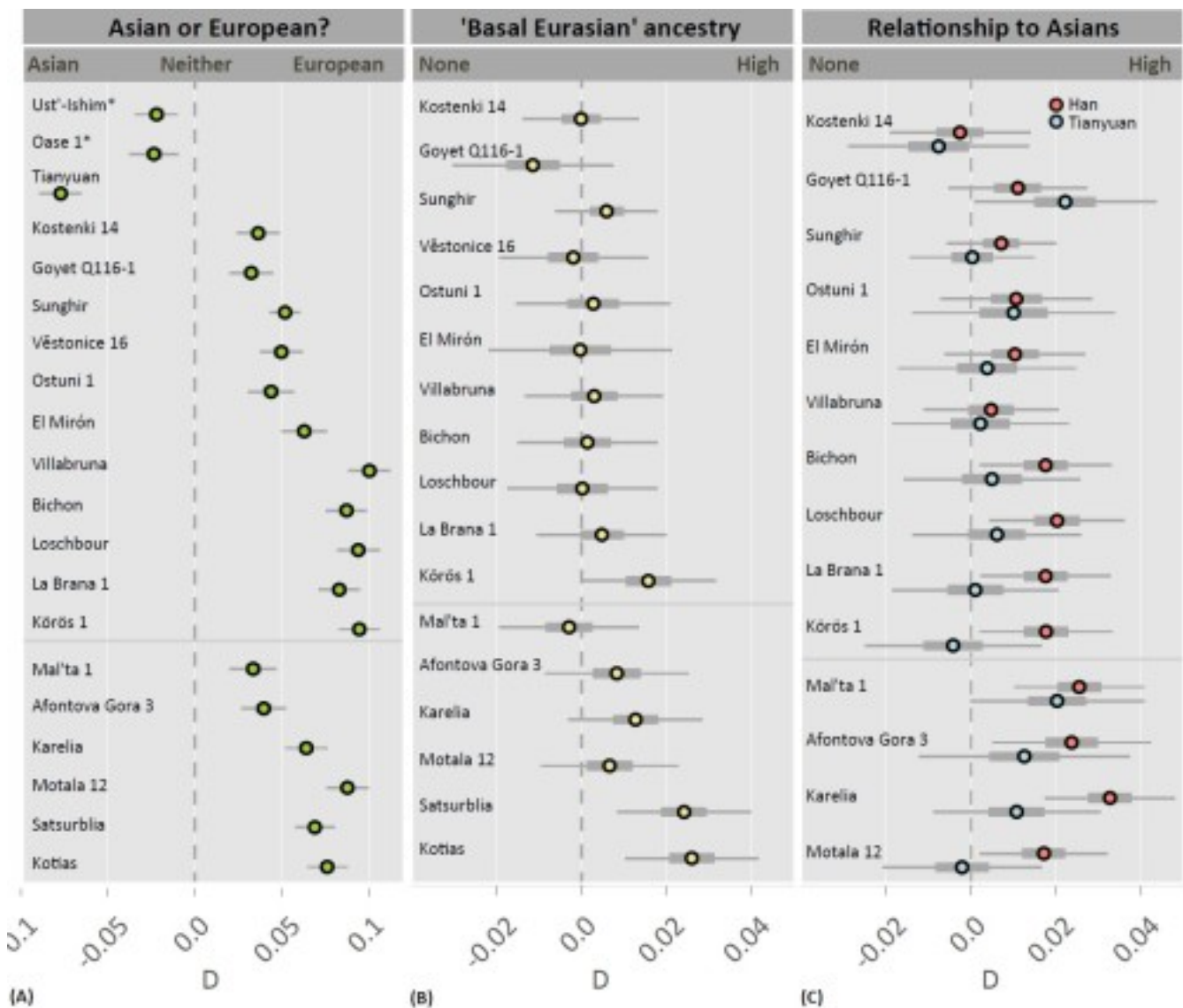
На рисунке ниже отображены популяции и связи между ними на территории Евразии в течение трех периодов: АМА (45–35 тлн), АМВ (34–15 тлн) и АМС (14–7.5 тлн). Генетические связи между популяциями обозначены цветом – более теплые цвета указывают на большее сходство.



Обозначения: AMER – компонент, родственный американским индейцам и геному Anzick 1; ANE – компонент древних северных евразийцев, родственный геному Мальта 1; EAS – компонент, родственный современному населению Восточной Азии и древним геномам из Тяньюань и Чертовых ворот; EUR – компонент, родственный древним европейцам и частично найденный у современных европейцев; NE – компонент популяции, определенной как «базальные евразийцы» и частично

найденный в современных и древних популяциях Ближнего Востока и у современных европейцев. Генетические связи между популяциями обозначены цветом – более теплые цвета указывают на большее сходство. Слева перечислены основные события в течение данного периода.

На следующем рисунке древние геномы ранжированы по степени сходства с современными европейскими или азиатскими популяциями (А); по доле у них компонента «базальных евразийцев» (В) и по степени генетических связей с древними азиатскими популяциями (на примере Тяньюань) и современными азиатскими популяциями (на примере китайской популяции хань) (С).



А. Степень сходства древних геномов с современными европейскими или азиатскими популяциями. В. Доля компонента «базальных евразийцев» в древних геномах. С. Степень родства древних геномов с древними азиатскими геномами (Тяньюань) и с современными азиатскими геномами (китайская популяция хань).

Авторы также обобщили имеющиеся данные по генетическому наследию древних видов людей (неандертальцев и денисовцев) в геномах современного человека. Как известно, в геномах современных людей неафриканского происхождения содержится от 1,8% до 2,6% неандертальских генов, причем в европейских популяциях 1,8–2,4%, в восточноазиатских популяциях – 2,3–2,6%. Данные указывают на, по меньшей мере, два эпизода метисации современного человека с неандертальцами: один имел место 60-50 тлн, вскоре после выхода из Африки, на другой указывает образец Oase 1, в геноме которого найдены признаки метисации с неандертальцами около 37 тлн. Что касается метисации с денисовцами, то в геномах из некоторых популяций Океании обнаружено от 4% до 5% денисовских включений.

Постепенное уменьшение в геномах современных людей включений, полученных от древних видов, говорит о том, что отрицательный отбор постепенно вычищает эти фрагменты из геномов.

В конце статьи авторы формулируют вопросы, на которые на сегодняшний день еще не получены ответы. Вот некоторые из них:

- Каковы генетические отношения популяций современного человека старше 45 тлн с древними видами человека и более молодыми людьми нашего вида?
- Какие события в период 14 – 7,5 тлн стали причиной наблюдаемого в геномах сигнала о генетических потоках между популяциями по всей Евразии?
- Что было факторами отбора в популяциях современного человека в период 45 – 7,5 тлн?
- Когда и где происходила метисация современных людей с неандертальцами, которая привела к включениям неандертальских последовательностей в геном сапиенсов и наоборот?
- Когда и где происходила метисация современного человека с денисовцами?
- Кем были загадочные «базальные евразийцы», какова их история?

текст Надежды Маркиной

Источник:

[Insights into Modern Human Prehistory Using Ancient Genomes](#)

Melinda A. Yang and Qiaomei Fu

Trend in Genetics, Published online: January 25, 2018

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tig.2017.11.008>

текст статьи можно скачать здесь [10.1016@j.tig.2017.11.008](https://doi.org/10.1016/j.tig.2017.11.008)