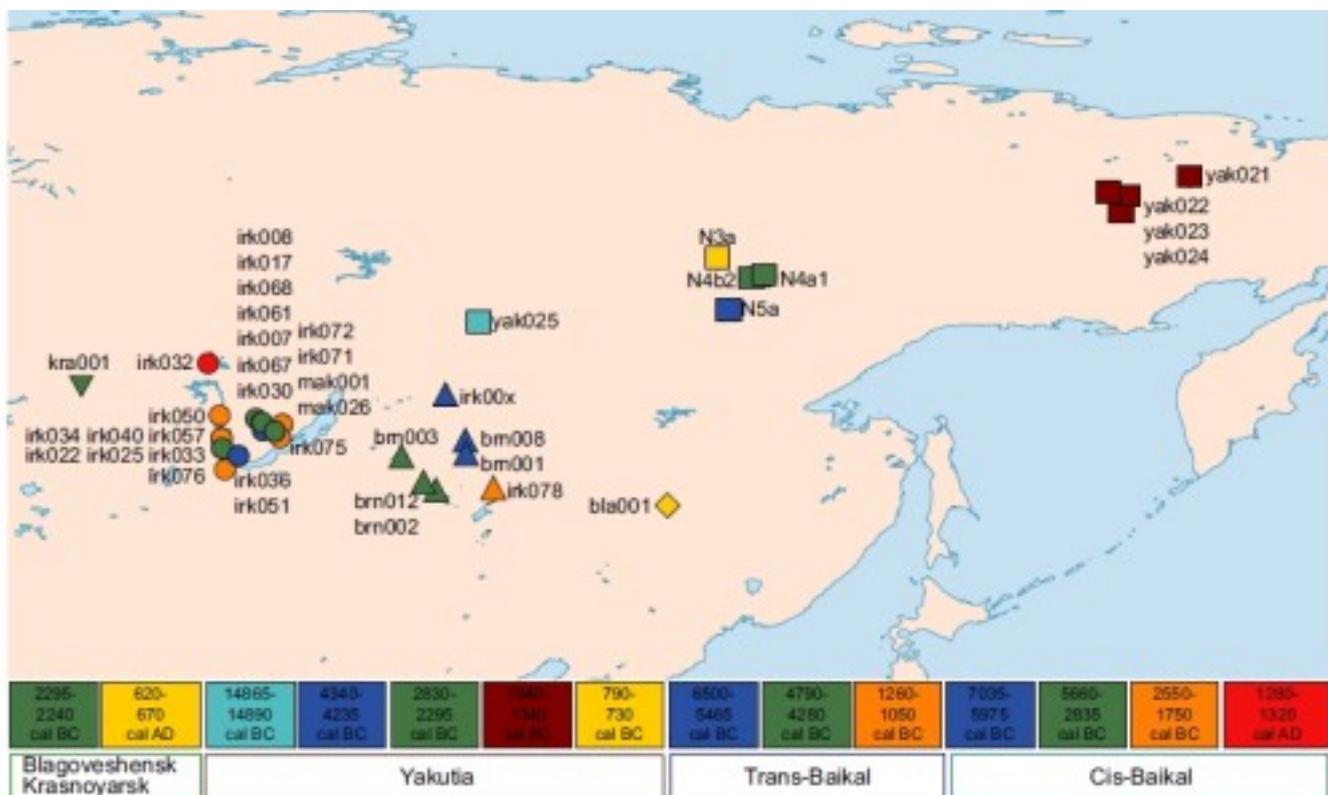


Популяционная история Северной Азии по митохондриальным геномам

Исследование древних митохондриальных геномов из Прибайкалья, Забайкалья и Якутии привело авторов к выводу о значительной генетической непрерывности в регионе от палеолита для современности. Но различия, которые все же отмечаются между популяциями разных времен, они связывают с внешними потоками генов.

В статье, опубликованной в журнале *Scientific Reports*, представлены результаты исследования митохондриальных геномов 41 древнего индивида из Северной Азии с датировками от 13 790 лет назад до 1380 лет назад, то есть от палеолита до железного века. В международный авторский коллектив под руководством генетиков из Стокгольмского университета входят ученые из Иркутска, Якутска, Благовещенска, Красноярска, Барнаула, Читы.

Изученный регион включает Прибайкалье, Забайкалье и Якутию. На рисунке показано географическое положение древних образцов с проведенными в работе радиоизотопными датировками.



Географическое положение и датировки изученных в работе образцов мтДНК. Образцы из Прибайкалья показаны кружочками, из Забайкалья – треугольниками, из Якутии – квадратами.

Авторы полностью секвенировали мтДНК и определили гаплогруппы изученных образцов. По своим результатам они пришли к заключению о генетической близости по мтДНК древних популяций и современного населения Северной Азии. Сделан вывод о длительной генетической непрерывности по материнским линиям наследования в данном регионе. Авторы также обнаружили снижение митохондриального генетического разнообразия со временем и уменьшение эффективного размера популяции примерно 7 тысяч лет назад.

Моделирование подтвердило генетическую непрерывность по мтДНК популяций, живущих в регионе 7 тыс. лет назад, 4,8 тыс. лет назад, 3 тыс. лет назад и в настоящее время. Тем не менее, все же наблюдаемые генетические различия между популяциями разных времен не объясняются одним лишь генетическим дрейфом, но предполагают генетические потоки из других регионов.

В итоге, несмотря на обнаруженную значительную генетическую непрерывность, делается вывод о сложной демографической

истории Северной Азии в голоцене.

Источник:

Investigating Holocene human population history in North Asia using ancient mitogenomes

Gülşah Merve Kılınç et al.

Scientific Reports volume 8, Article number: 8969 (2018)

[Статья в открытом доступе](#)