Популяционная история Северо-Восточной Сибири

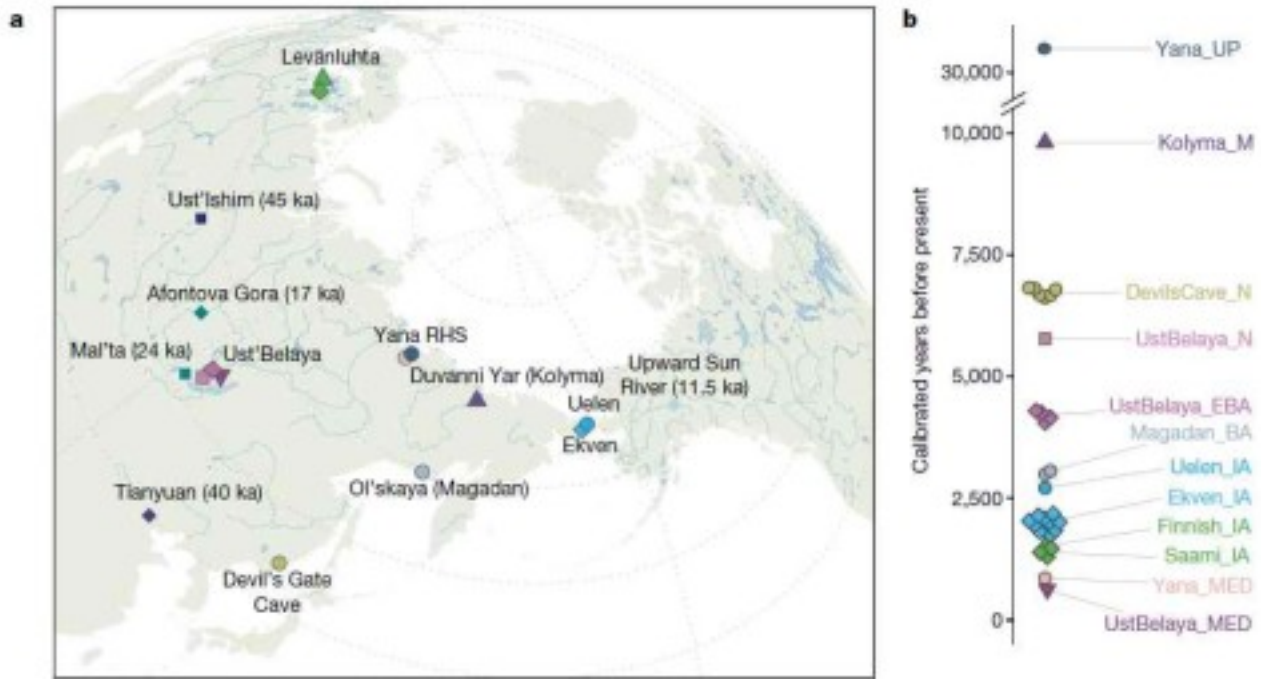
По 34 изученным древним геномам (от 31 тыс. до 600 лет назад) реконструирована история заселения Северо-Восточной Сибири и выявлены родственные связи между популяциями. В демографической истории региона обнаружены три волны. Первая — появление «древних северных сибиряков» (около 38 тыс. лет назад), родственных западноевразийским охотникам-собирателям (представители – индивиды с Янской стоянки). Вторая — миграция с юга «древних палеосибиряков» (около 20 тыс. лет назад), несущих восточноазиатский генетический компонент (представитель – индивид с Колымы). Третья — миграция с юга «неосибиряков» восточноазиатского происхождения. Выявлены генетические потоки, объясняющие след «древних северных сибиряков» у древних берингийцев и, соответственно, у американских индейцев.

В том же выпуске журнала Nature, где была опубликована статья Павла Флегонтова (о которой он рассказал на нашем сайте), вышла еще одна статья, посвященная популяционной истории Северо-Восточной Сибири и генетическим корням первых американцев. Ее первый автор – Мартин Сикора и ведущий автор – Эске Виллерслев, представляют группу, входящую в число мировых лидеров по исследованию древней ДНК, из Копенгагенского Университета, Дания. В соавторах статьи есть и российские генетики из Новосибирска, Магадана, Санкт-Петербурга и Москвы.

Северо-Восточная Сибирь была заселена около 40 тыс. лет назад, когда климатические условия этого региона были пригодны для жизни охотников на мамонтов. На фоне изменений климата происходила радикальная смена мест обитания, исчезновение и смена популяций – все эти демографические события до сих пор изучались в основном по генетическим данным современного населения. Анализ древней ДНК дает возможность более точной реконструкции популяционной истории.

В данной работе представлены 34 секвенированных древних генома с территории Северо-Восточной Сибири, охватывающих период от 31 тыс. до 600 лет назад. Древнейшие из них – это геномы двух индивидов с верхнепалеолитической стоянки на реке Яна возрастом 31600 лет назад (Yana1 и Yana2). Секвенирован также геном индивида из бассейна реки Колыма (Kolyma1) с датировкой 9,8 тыс. лет назад; 14 древних геномов с востока Чукотки и с северного побережья Охотского моря, близ Магадана (от 3 до 2 тыс. лет назад); геномы 6 индивидов из пещеры Чертовы ворота в Приморье (7600 лет назад); геномы 6 индивидов из Южной Сибири в районе Байкала (от 6,5 тыс. до 600 лет назад); а также геном индивида с реки Яна, но гораздо более позднего возраста (800 лет назад, Young Yana); и, наконец, геномы 4 индивидов из юго-западной Финляндии (около 1,5 тыс. лет назад).

Эти данные авторы анализировали в контексте ранее опубликованных данных по современным и древним геномам.



Географическое расположение изученных в работе древних геномов и временная шкала (Sikora et al. 2019).

Популяцию, к которой принадлежали два самых древних индивида с Янской стоянки, генетики именовали древними северными сибиряками (Ancient North Siberians, ANS). Эти индивиды мужского пола (Yana1 и Yana2) были носителями митохондриальной гаплогруппы U (обычной для западноевразийских охотников-собирателей) и Y-хромосомной гаплогруппы P1 (предковой для гаплогрупп Q и R – одна характерна для коренных американцев, другая распространена в Евразии).

По полногеномным данным индивиды с Янской стоянки были более близки к современным популяциям Западной Евразии, чем Восточной Азии, и этим походили на европейский верхнепалеолитический образец со стоянки Сунгирь, но не на образец той же эпохи Тяньянь из Китая, близкий к восточноазиатским популяциям. Геном «древних северных сибиряков» авторы моделировали как смешение древних западноевразийских популяций и восточноазиатских популяций в соотношении 2:1. Демографическое моделирование показало, что линия «древних северных сибиряков» отделилась от общих предков примерно 39 тыс. лет назад, и вскоре после этого получила значительную генетическую примесь от восточноазиатской ветви.

Из всех изученных древних образцов наибольшее генетическое сходство образцы с Янской стоянки проявили с образцами Мальта (регион Байкала, 24 тыс. лет назад) и Афонтова гора (близ Красноярска, 16,5 тыс. лет назад). Авторы пришли к заключению, что группы людей, к которым принадлежали индивиды Мальта и Афонтова гора, это потомки линии «древних северных сибиряков». Отсюда следует, что в верхнем палеолите эта линия была широко расселена по Северо-Восточной Евразии. Индивиды с Янской стоянки не были близкими родственниками и не несли признаки инбридинга. Они принадлежали к довольно большой популяции — авторы приблизительно оценили ее эффективную численность в 500 человек.

Между обитателями Янской стоянки и более поздним населением Северо-Восточной Сибири существует большой временной разрыв. Вторую волну заселения региона, которую представляет индивид с Колымы (Kolyma1, 9,8 тыс. лет назад), авторы назвали «древними палеосибиряками» (Ancient Paleo-Siberians, APS). Эта линия демонстрирует произошедший в регионе генетический сдвиг. В то время как «древние северные сибиряки» были близки к западным евразийцам, «древние палеосибиряки» генетически тяготеют к современным корякам, ительменам и чукчам, а также к американским индейцам. Моделирование показывает, что индивид Kolyma1 происходит от смешения линии «древних северных сибиряков» и восточноазиатских популяций. То же соотношение генетических компонентов прослеживается и у первых коренных американцев. Таким образом, колымский индивид представляет собой на сегодняшний день самого близкого родственника предков коренных американцев в Северо-Восточной Сибири. Оценка долей в генетическом смешении показывает, что компонент «древних палеосибиряков» был распространен в других сибирских регионах вплоть до раннего бронзового века, но затем сузил свой ареал до северо-востока.

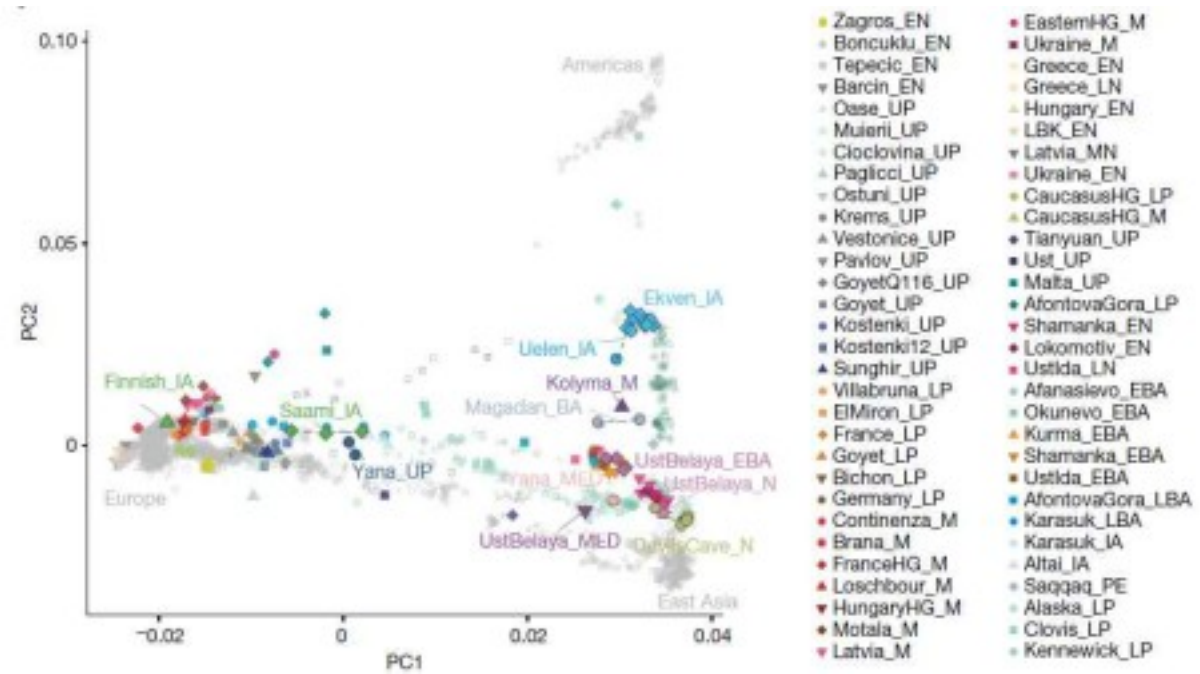


График анализа главных компонент по данным 257 древних геномов и 1541 современных геномов. UP – верхний палеолит; LP – поздний палеолит; M – мезолит; EN – ранний неолит; N – неолит; MN – средний неолит; LN – поздний неолит; EBA – ранний бронзовый век; LBA – поздний бронзовый век; IA – железный век; PE – палеоэскимосы; MED – средние века; HG –

охотники-собиратели (Sikora et al. 2019).

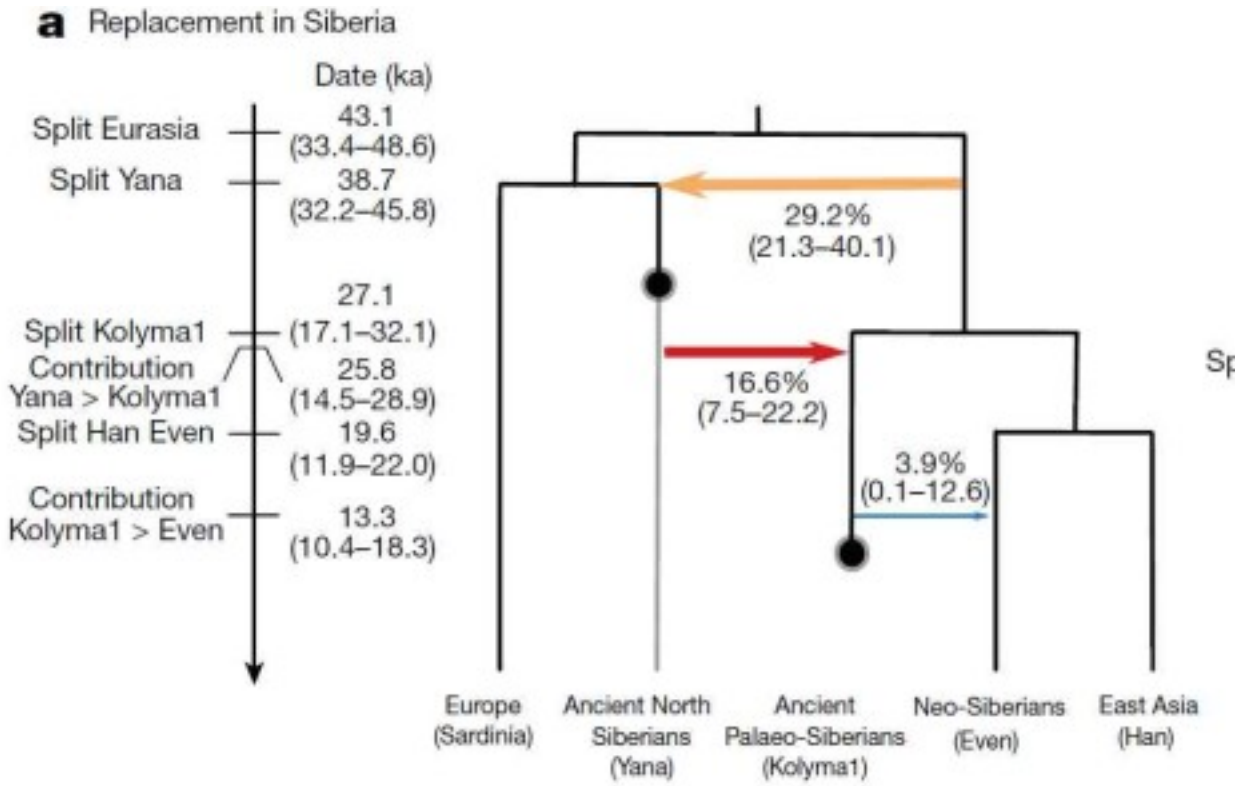
Проследив временную транссекту от 6 тыс. лет до 500 лет назад, исследователи отметили и появление третьей волны — «неосибиряков», представленных современными коренными народами Северо-Восточной Сибири. В пространстве главных компонент эти народы образуют две генетических клины: одна расположена между населением Европы и Восточной Азии, другая – между Восточной Азией и коренными американцами. Распространяясь с юга на север, неосибиряки в значительной степени заместили «древних палеосибиряков». Исключение составляют кеты (изолированная популяция, говорящая на языке енисейской группы), у которых ранее была найдена высокая доля «древнего североевразийского» компонента и генетическое сходство с палеоэскимосами.

Подводя итог, авторы констатируют, что популяционная история Северо-Восточной Сибири намного более сложна, чем считали ранее, исходя из геномных данных современного населения. В ней было, как минимум, три больших демографических волны и последующих смены популяций в течение позднего плейстоцена и раннего голоцена.

Первая волна заселения докатилась в этот регион примерно 39 тыс. лет назад, вскоре после разделения двух основных ветвей современного человека в Евразии – западноевразийской и восточноазиатской. Это были «древние северные сибиряки», представленные обитателями Янской стоянки. С приближением Последнего ледникового максимума климат стал более суровым, и люди ушли из этого региона, переживая этот период в нескольких климатических рефугиумах (в том числе, предположительно, в Восточной Берингии). В этих рефугиумах и сохранился генофонд «древних северных сибиряков».

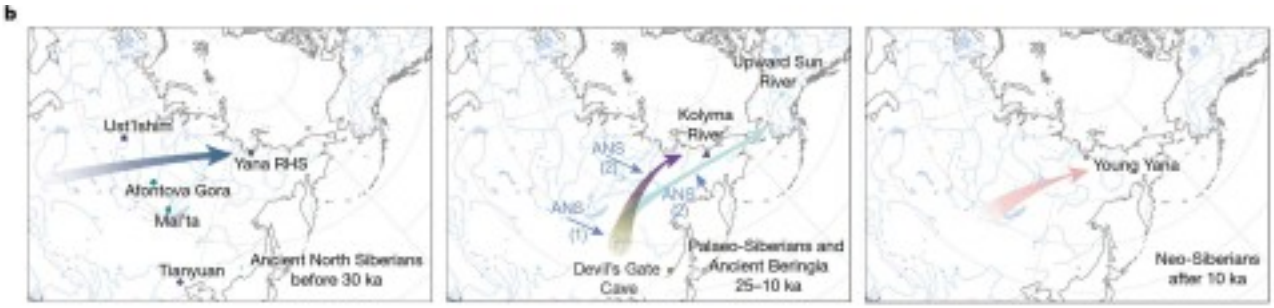
Вторая волна возникла, когда около 20-18 тыс. лет назад в регион мигрировали группы, несущие восточноазиатский генетический компонент, и их смешение с потомками «древних северных сибиряков» привело к формированию линии «древних палеосибиряков» (индивид с Колымы). Третья волна демографической экспансии – это неосибиряки, пришедшие в регион с юга, которые в большой степени заместили «древних палеосибиряков» в раннем и среднем голоцене. Но генетический компонент последних не исчез, а сохранился как в современных сибирских популяциях (в основном на северо-востоке: коряки, ительмены, чукчи), так и у американских индейцев. Кроме того, опосредованно неосибиряки получили вклад и «древних северных сибиряков».

На схеме показана реконструкция популяционной истории Северо-Восточной Сибири и датировка основных демографических событий. Это разделение западноевразийской и восточноазиатской ветвей современного человека (43,1 тыс. лет назад); отделение линии «древних северных сибиряков» от западной ветви (ANS, 38,7 тыс. лет назад); генетический поток к ним от восточной ветви (оранжевая стрелка); отделение «древних палеосибиряков» от восточной ветви (APS, 27,1 тыс. лет назад); генетический поток от «древних северных сибиряков» к «древним палеосибирякам» (красная стрелка, 25,8 тыс. лет назад); отделение предков неосибиряков (на схеме представлены эвенами) от восточноазиатских популяций (хань) (19,6 тыс. лет назад); генетический поток от «древних палеосибиряков» к неосибирякам (синяя стрелка, 13,3 тыс. лет назад).



Реконструкция популяционной истории Северо-восточной Сибири. Основные демографические события перечислены в тексте. Черные кружки обозначают популяцию с Янской стоянки (слева) и с Колымы (справа). Серая линия — продолжение «древних северных сибиряков», к которой принадлежат индивиды с Мальты и Афонтовой горы (Sikora et al. 2019).

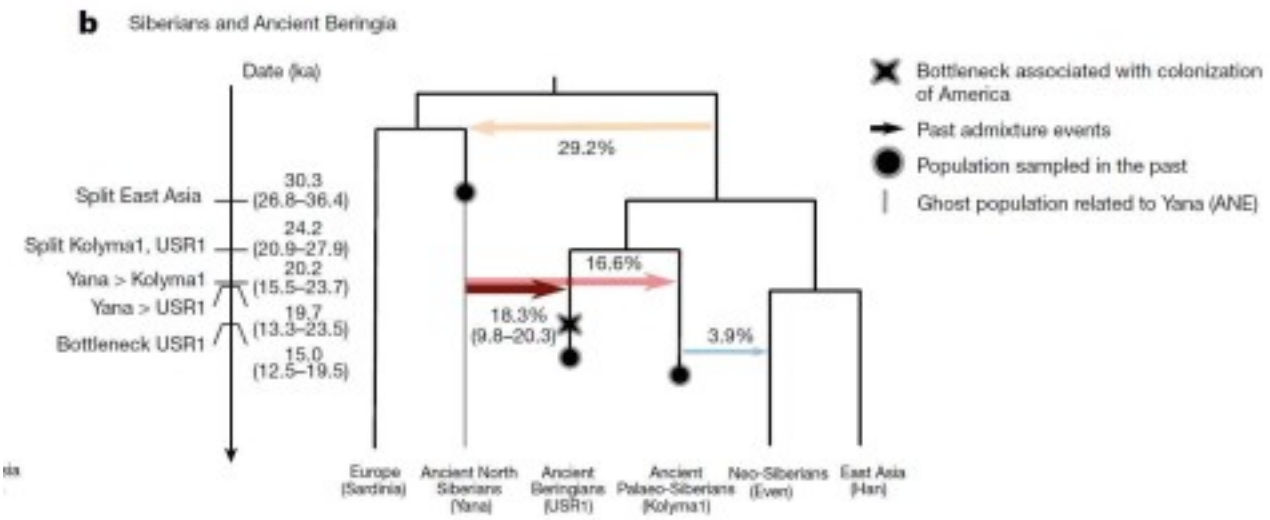
Три волны заселения Северо-Восточной Сибири, выявленные в данном исследовании, авторы представили на следующем рисунке. Здесь показаны последовательные периоды в популяционной истории региона: до 30 тыс. лет назад — появление «древних северных сибиряков», ANS (обитатели Янской стоянки), синяя стрелка; 25-10 тыс. лет назад — миграция «древних палеосибиряков» с юга (представитель – индивид с Колымы), серая стрелка и отделившиеся от них берингийцы, тонкая голубая стрелка; после 10 тыс. лет назад – миграция с юга неосибиряков, розовая стрелка.



Три периода в истории заселения Северо-Восточной Сибири, три волны миграций: «древние северные сибиряки» (синяя стрелка), «древние палеосибиряки» (серая стрелка) и отделившиеся от них берингийцы (голубая стрелка), неосибиряки (розовая стрелка) (Sikora et al. 2019).

Что касается заселения Америки, данные свидетельствуют, что первые обитатели Северо-Восточной Сибири («древние северные сибиряки», Янская стоянка) не были непосредственными предками коренных американцев (так же как не были прямыми предками современных народов Сибири). Хотя генетический след «древних северных сибиряков» присутствует у современных сибиряков и американских индейцев (об этом говорит генетическое сходство верхнепалеолитического человека со стоянки Мальта и коренного населения Америки), но получили они его опосредованно. Как именно, показано на следующем рисунке, где к популяциям древних сибиряков добавлена популяция жителей Берингии, непосредственных предков американских индейцев. Они представлены геномом индивида с Аляски (USR1, 11.5 тыс. лет назад). По

реконструкции авторов, примерно 24 тыс. лет назад берингийцы отделились от линии «древних палеосибиряков». А около 20 тыс. лет назад они получили генетический поток от «древних северных сибиряков» (коричневая стрелка). В процессе колонизации Америки популяция берингийцев прошла через «бутылочное горлышко» (крест на линии).



Родственные отношения берингийцев (геном USR1) и древних популяций Северо-Восточной Сибири с датировками основных демографических событий. Пояснения в тексте (Sikora et al. 2019).

текст Надежды Маркиной

Источник:

Sikora M, Pitulko VV, Sousa VC et al. The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene // Nature. 2019 Jun;570(7760):182-188. doi: 10.1038/s41586-019-1279-z. Epub 2019 Jun 5.

https://www.nature.com/articles/s41586-019-1279-z