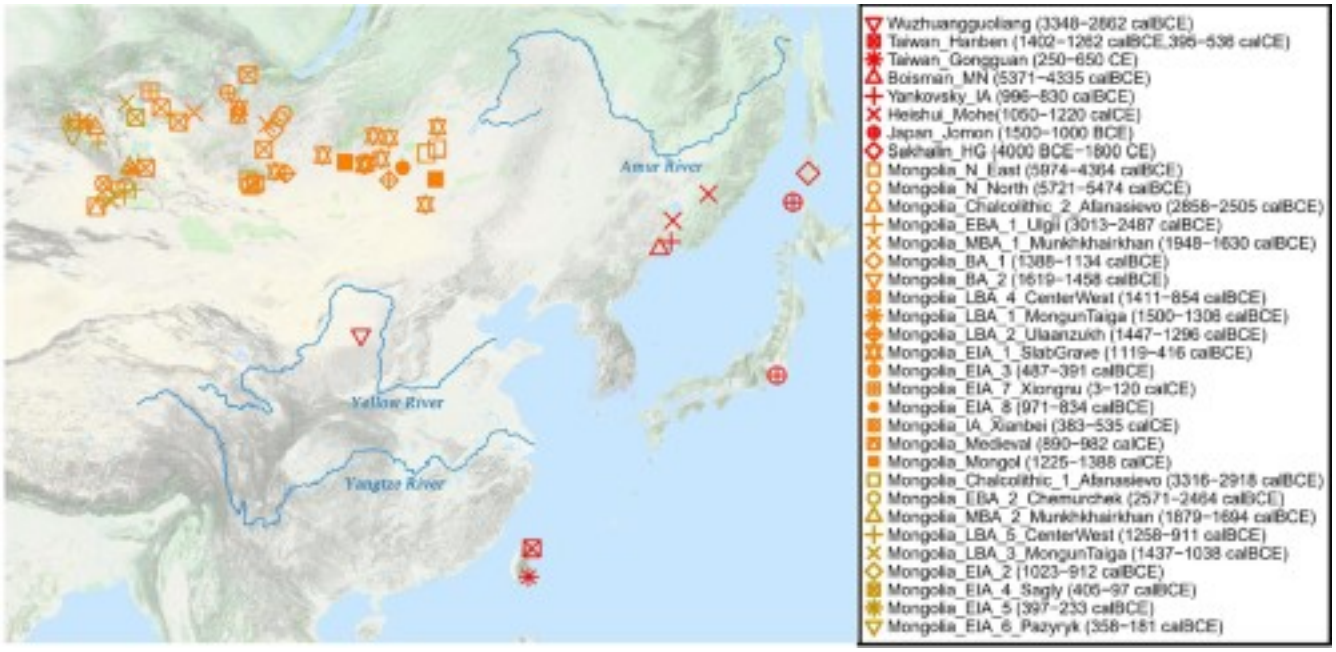
Генетическая история популяций Восточной Азии

Геномные данные от 191 древних индивидов (6000 до н.э. – 1000 н.э.) позволили реконструировать формирование некоторых популяций Восточной Азии. Описан степной западноевразийский генетический след в популяциях Монголии, который в бронзовом веке был связан с афанасьевской культурой. Описаны миграции, которые привели к распространению монгольских и тунгусских языков, а также найден вероятный источник тохарской ветви языков. Распространение сино-тибетских языков предположительно связывают с продвижением земледельцев долины Желтой реки на Тибетское нагорье и на север Китая, где они стали предками китайцев хань. Предполагают, что земледельцы долины реки Янцзы распространили австронезийские, тай-кадайские и австроазиатские языки по Юго-Восточной и Южной Азии. Генетическое сходство охотников-собирателей японской культуры дзёмон, бассейна Амура, древнего Тайваня и австронезийских популяций, по мнению авторов, говорит о значении миграционного пути вдоль тихоокеанского побережья. Общий вывод — смешение популяций Восточной Азии в железном веке и позже радикально уменьшило гетерогенность населения аналогично тому, как это произошло в Западной Евразии.

В Восточной Азии проживает пятая часть населения мира, использующая языки 11 лингвистических семей. Изучение популяционной истории этого региона до сих пор было ограничено небольшим количеством геномных данных современного населения Тибетского нагорья и Южного Китая и еще меньшим количеством данных по древней ДНК. В работе большого коллектива палеогенетиков под руководством Дэвида Райха из Гарвардского университета сделан значительный шаг в этом направлении – опубликованы геномные данные по 191 древнему индивиду из Монголии, северного Китая, Тайваня, бассейна реки Амур и Японии, статья вышла на сайте препринтов.

Образцы древних геномов от 191 индивида были собраны на 52 археологических сайтах и охватывают период от 6000 до н.э. до 1000 н.э. Среди них были 20 образцов из Китая (около 3000 до н.э.); 7 охотников-собирателей периода дзёмон из Японии (3500-1500 до н.э.); 23 образца с российского Дальнего Востока: 18 из неолитического захоронения Бойсман-2 (около 5000 до н.э.), 1 от представителя янковской культуры (около 1000 до н.э.), 3 от представителей средневековой культуры мохэ (около 1000 до н.э.) и 1 образец от охотника-собирателя с Сахалина; 52 образца происходили из Восточного Тайваня, периодов от позднего неолита до железного века (1400 до н.э. — 600 н.э.).

Полученные геномные данные авторы сравнили с ранее опубликованными из этого региона: от 4 индивидов периода дзёмон в Японии, 8 индивидов из пещеры Черновы ворота в Приморье, 72 индивидов от неолита до железного века из Юго-Восточной Азии и 8 из Непала. В работе опубликованы также геномные данные 383 современных индивидов из 46 популяций Тибетского нагорья и Южного Китая.



Географическое расположение изученных в работе образцов древних геномов.

Исследователи провели анализ главных компонент древних геномов, спроецировав их на современные геномы. Анализ показал, что популяционная структура Восточной Азии в целом коррелирует с географическими и лингвистическими параметрами, хотя и с некоторыми исключениями.

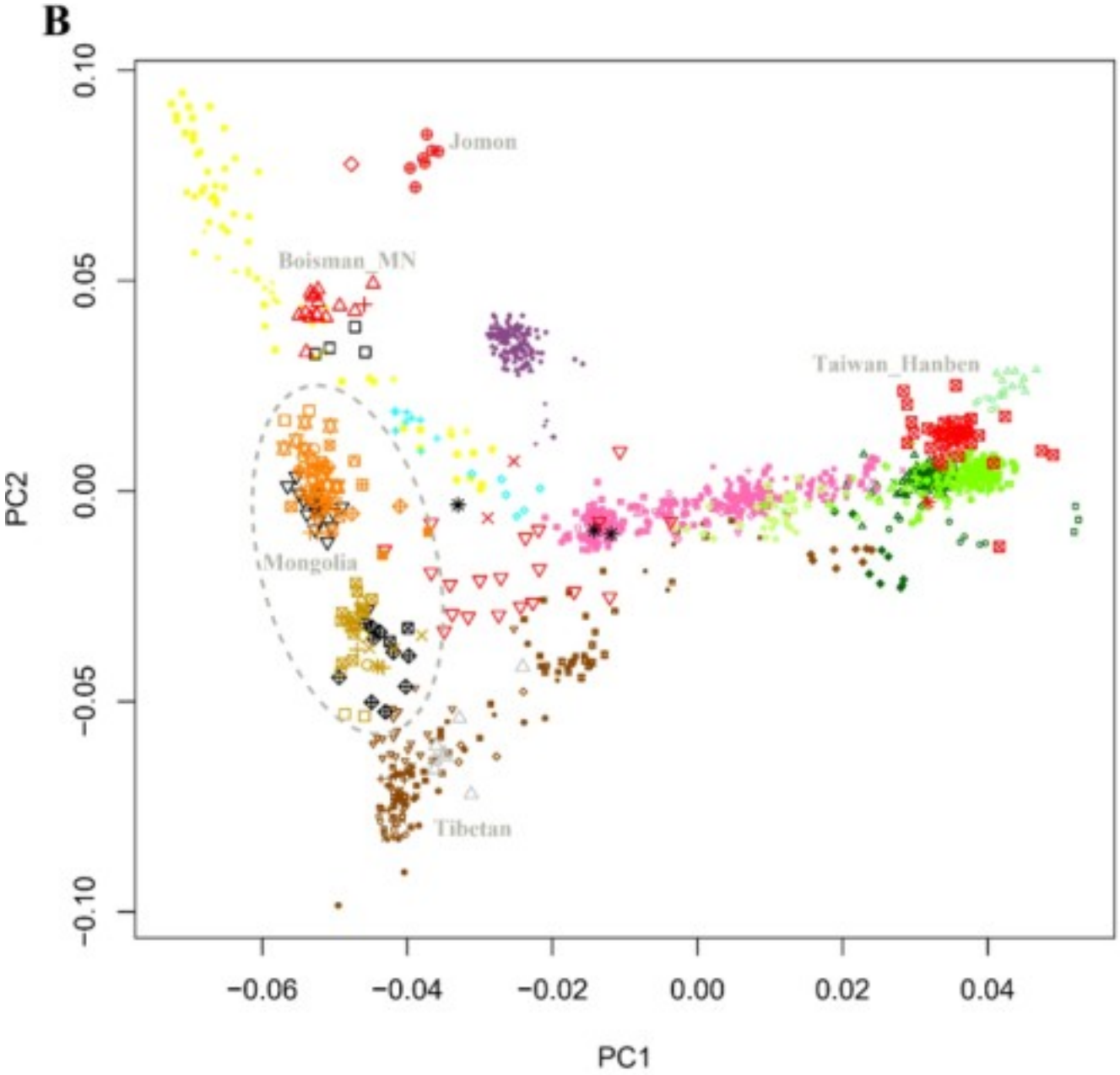


График анализа главных компонент. Древние геномы обозначены крупными значками, современные геномы – мелкими значками.

Обозначения древних и современных популяций на графике анализа главных компонент.

Среди населения Восточной Азии исследователи выделяют три генетических кластера. Кластер «Бассейн Амура» объединяет древние и современные популяции Приамурья, а также современные тунгусоязычные популяци и нивхов. В кластер «Тибетское плато» входят древние жители Чукотки, Непала и современные популяции, говорящие на тибетско-бирманских языках. Кластер «Юго-Восточная Азия» объединяет древних жителей Тайваня и современные популяции Юго-Восточной Азии и юга Китая, говорящие на австроазиатских, тай-кадайских и австронезийских языках. Популяции китайцев хань расположились между этими кластерами. В Монголии авторы выделяют два генетических кластера: один (восточный) оказался генетически близок к древнему населению бассейна Амура, другой (западный) близок к носителям афанасьевской культуры.

Монголия

Выборка с территории Монголии включает 89 образцов, образующих временной срез от неолита до современности. Исследователи обращают особенное внимание на генетическое сходство индивидов «западного» монгольского кластера периода неолита (3316-2918 до н.э.) с представителями афанасьевской культуры на Алтае и ямной культуры западноевразийской степи (предполагается, что афанасьевская культура возникла из миграции ямников). Более поздние группы населения Монголии, очевидно, происходят от смешения монгольских неолитических групп и западноевразийских степных групп. Например, у двух индивидов чемурчекской культуры найдено 49% генетического афанасьевского компонента. В позднем бронзовом и железном веке в населении Монголии степной генетический компонент связан уже не с афанасьевской культурой, а с культурами Синташта и андроновской (в последних ямный компонент смешался с компонентом европейских земледельцев). Иными словами, он передавался в Монголию другим путем. Кроме того, в железном веке в Монголии появляется генетический поток, родственный китайцам хань.

Китай

На западе Китая степной генетический компонент присутствует в культуре железного века (410-190 до н.э.). Есть две гипотезы его происхождения – от афанасьевской культуры либо от ботайской культуры из казахских степей, причем моделирование свидетельствует в пользу афанасьевской гипотезы. Авторы связывают это с представлением, что тохарские языки в бассейне реки Тарим – вторая по древности ветвь индоевропейского языка – распространялись на восток через миграцию степных кочевников ямной культуры, которая породила афанасьевскую культуру и затем пошла дальше в Синьцзян.

Китайцы хань — самая крупная этническая группа в мире. Гипотеза, основанная на археологических и лингвистических данных, предполагает, что одна из их предковых популяций могла состоять из ранних земледельцев долины Желтой реки, которые также распространились на Тибетское нагорье и влились в современных тибето-бирманцев. Анализ показал, что в большинстве групп хань смешаны два предковых источника. На 77-93% они родственны неолитическим земледельцам долины Желтой реки, а остальная доля приходится на земледельцев долины реки Янцзы. В современных популяциях Северного Китая прослеживается и западноевразийский вклад, полученный 32-45 поколений назад, это согласуется с историческими источниками.

Дальний Восток

На Дальнем Востоке индивиды неолитической бойсманской культуры (5000 до н.э.) и янковской культуры железного века (1000 до н.э.) оказались генетически сходны с индивидами из пещеры Чертовы ворота (6000 до н.э.). Это говорит о непрерывности этого генетического профиля в бассейне Амура. Генетическая непрерывность прослеживается также в преобладании Y-хромосомной гаплогруппы C2b-F1396 и митохондриальных гаплогрупп D4 и C5 у индивидов из Бойсмана; эти гаплогруппы доминируют и в современных тунгусоязычных, монголоязычных и некоторых тюркоязычных популяциях. Носители неолитической бойсмановской культуры оказались также генетически близки к японской культуре дзёмон .

Результаты *f4* статистики показывают, что представители бойсмановской культуры и население северо-востока Монголии имеет такую же долю общих аллелей с американскими индейцами, что и верхнепалеолитический человек со стоянки Мальта (24 тыс. лет назад); она выше, чем у большинства других восточноазиатских популяций с американскими индейцами. Это вряд ли говорит об обратном потоке генов из Америки в Восточную Азию. Возможное объяснение состоит в том, что генетические компоненты, найденные в бойсмановской культуре и в монгольском неолите, имеют общие корни с восточноазиатским генетическим компонентом американских индейцев. Некоторые современные популяции бассейна Амура имеют от 13% до 50% генетических компонентов, родственных китайцамь хань. Авторы показали, что он был получен, по меньшей мере, в раннем средневековье.

Тибет

Тибетское нагорье, средняя высота которого 4000 м над уровнем моря — одно из самых экстремальных мест для жизни. Археологические данные свидетельствуют о двух этапах поселения человека на Тибетском нагорье. Первыми, как минимум 160 тысяч лет назад, это место освоили, предположительно, денисовцы, 40-30 тыс. лет назад сюда пришли уже современные люди, о чем говорят многочисленные орудия. Но только в последние 3600 лет этот регион обитаем постоянно и здесь развивается сельское хозяйство.

17 современных популяций с Тибетского нагорья авторы разбили на три генетических кластера. Кластер «Тибетское ядро (Core)» оказался близок к древним жителям Непала с минимальной примесью групп, родственных населению Западной Евразии и равнинному населению Восточной Азии. Кластер «Северный Тибет» образован от смешения «Тибетского ядра» и западноевразийских групп. Третий кластер «Тибето-Yi коридор» объединяет популяции восточного края Тибетского нагорья, которые на 30-70% происходят из Юго-Восточной Азии.

Археологические данные свидетельствуют, что на популяции Тибетского нагорья от неолита до бронзового века повлияло распространение земледельцев из долины Желтой реки в северном Китае. Они согласуются с генетическим данными по Y-хромосоме – китайцы хань и тибетцы имеют общую гаплогруппу Oα-F5, возникшую менее 5800 лет назад.

Тайвань

Анализ геномных данных 52 древних индивидов с Тайваня во временном промежутке от 1400 до н.э. до 600 н.э. показал, что они генетически являются потомками первых земледельцев долины реки Янцзы. Последние, вероятно, распространили австронезийские, тай-кадайские и австроазиатские языки по Юго-Восточной и Южной Азии.

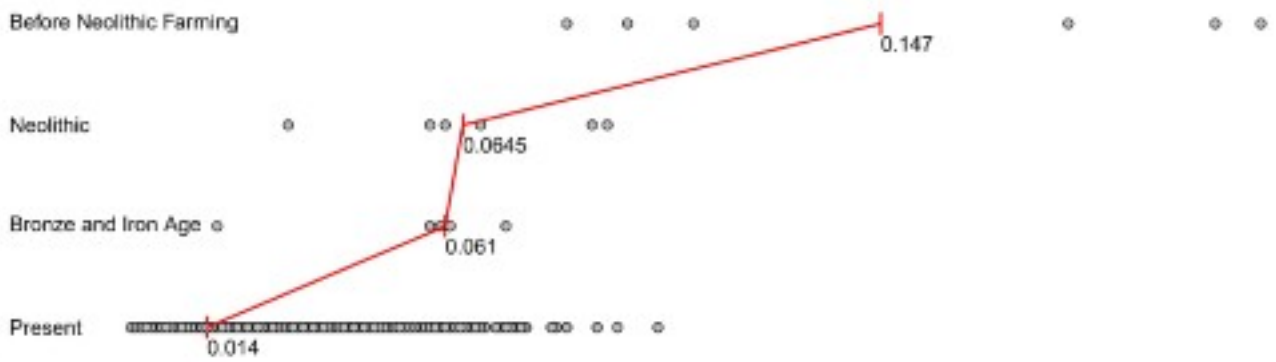
Япония

В современном населении Японских островов исследователи нашли от 12% до 15% генетического вклада носителей культуры дзёмон. Они показали генетическую близость популяций дзёмон, бассейна Амура, древних тайваньцев и австронезийских популяций. По мнению авторов, это говорит о вкладе в генофонд Восточной Азии миграционного пути по побережью эпохи позднего плейстоцена.

Подытоживая результаты своего исследования, авторы обращают внимание на общие закономерности в динамике населения Западной Евразии и Восточной Азии. В конце последнего оледенения весь континент был населен множеством немногочисленных и генетически очень различных популяций. Как говорят данные палеогенетики, в дальнейшем эти популяции, скорее смешивались друг с другом, чем замещали одна другую. В Западной Евразии насчитывалось, по меньшей мере, четыре популяции, которые генетически различались настолько, насколько современные европейцы и жители Восточной Азии (среднее генетическое расстояние F_{ST}=0.10). В неолите в результате смешения между ними гетерогенность населения радикально снизилась (среднее F_{ST}=0.03). В бронзовом и железном веке смешение продолжилось, и население Западной Евразии стало еще более однородным (среднее F_{ST}=0.01).

В Восточной Азии, судя по полученным данным, вероятно, происходил аналогичный процесс снижения гетерогенности населения. Генетическое расстояние между популяциями бассейна Амура, неолитическими земледельцами Желтой реки и популяциями Тайваня в железном веке составляло F_{ST}=0.06. В ходе последующего смешения гетерогенность упала (F_{ST}=0.01-0.02). Для последующих исследований, подчеркивают авторы, более всего нужна древняя ДНК от неолитических

земледельцев бассейна реки Янцзы. Именно эту популяцию считают вероятным источником предковых компонентов, сегодня преобладающих в Юго-Восточной Азии. Эти данные позволят проверить, насколько древние миграции определяют современное генетическое разнообразие Восточной Азии.



Снижение гетерогенности населения Восточной Азии из-за смешения популяций. Популяции обозначены точками; цифра указывает на среднее генетическое расстояние между популяциями; слева указаны временные периоды.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Chuan-Chao Wang et al. **The Genomic Formation of Human Populations in East Asia //** bioRxiv preprint https://doi.org/10.1101/2020.03.25.004606

https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.03.25.004606v1?fbclid=IwAR0itf1_5k-lgO1oT5U6f3xN72mayBAUDu4NOody69eH8BKPza2_4ckKzF4