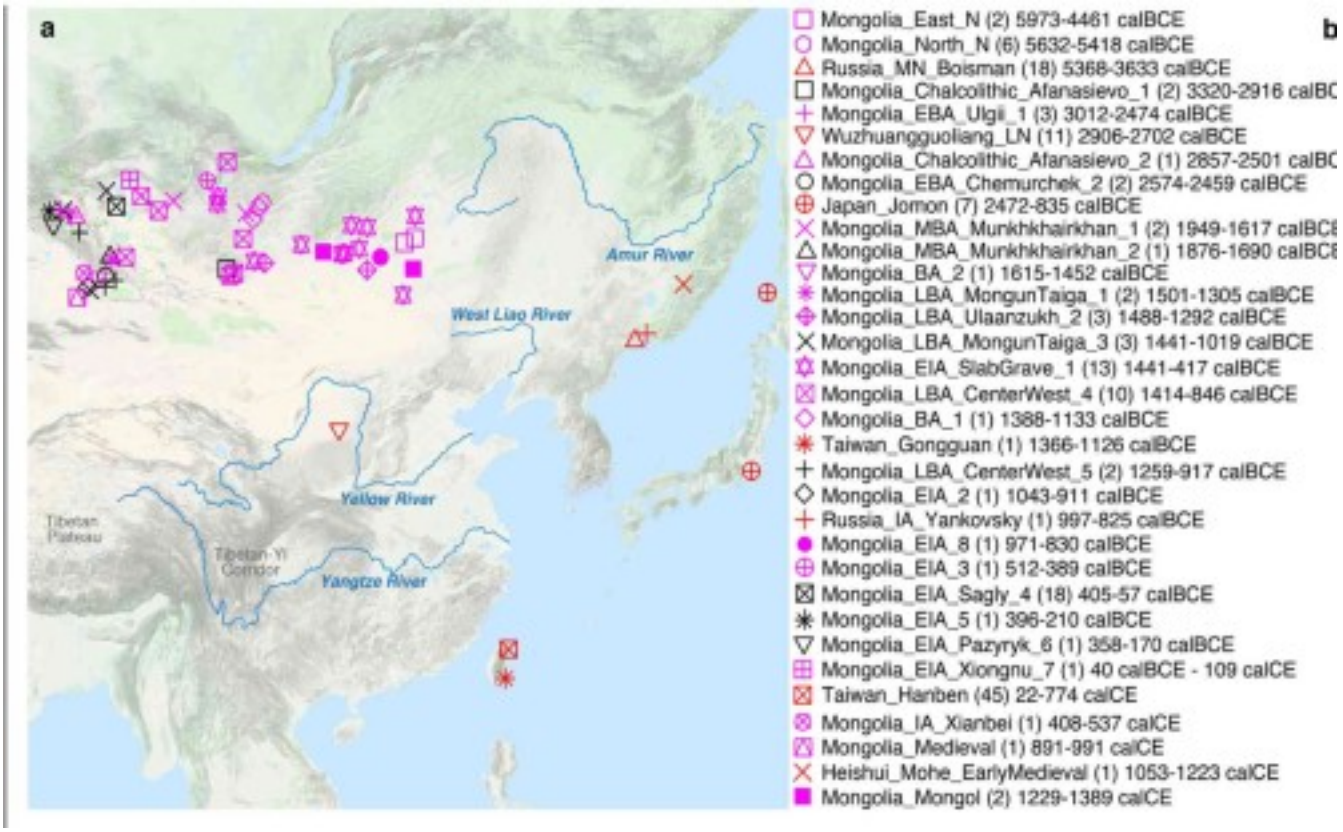
Геномный взгляд на формирование популяций Восточной Азии

Исследованы древние геномы из Восточной Азии (от 6000 лет до н.э. до 1000 лет н.э.) и современные геномы из 46 популяций Китая и Тибета. По результатам сделаны некоторые выводы о формировании популяций в этом регионе, а также о распространении языков. Показано, что первоначальное глубокое разделение популяций впоследствии сглаживалось в ходе генетического смешения. Обнаружена относительная генетическая непрерывность населения бассейна Амура на протяжении более 5 тысяч лет. Не подтвердилась гипотеза о распространении протоязыков нескольких семей (монгольская, тюркская, тунгусская, корейская и японская) параллельно с распространением культуры земледелия из юго-восточного Китая (бассейн реки Ляохэ). Но сделано предположение, что земледельцы бассейна Хуанхэ (3000 до н.э.), вероятно, играли важную роль в распространении сино-тибетских языков. Древние жители Тайваня продемонстрировали генетическую близость с земледельцами долины реки Янцзы. Прослежен генетический след скотоводов ямной культуры на западе Монголии, который впоследствии был замещен генетическим компонентов синташкинской культуры, а позднее регион испытал влияние миграций из Турана.

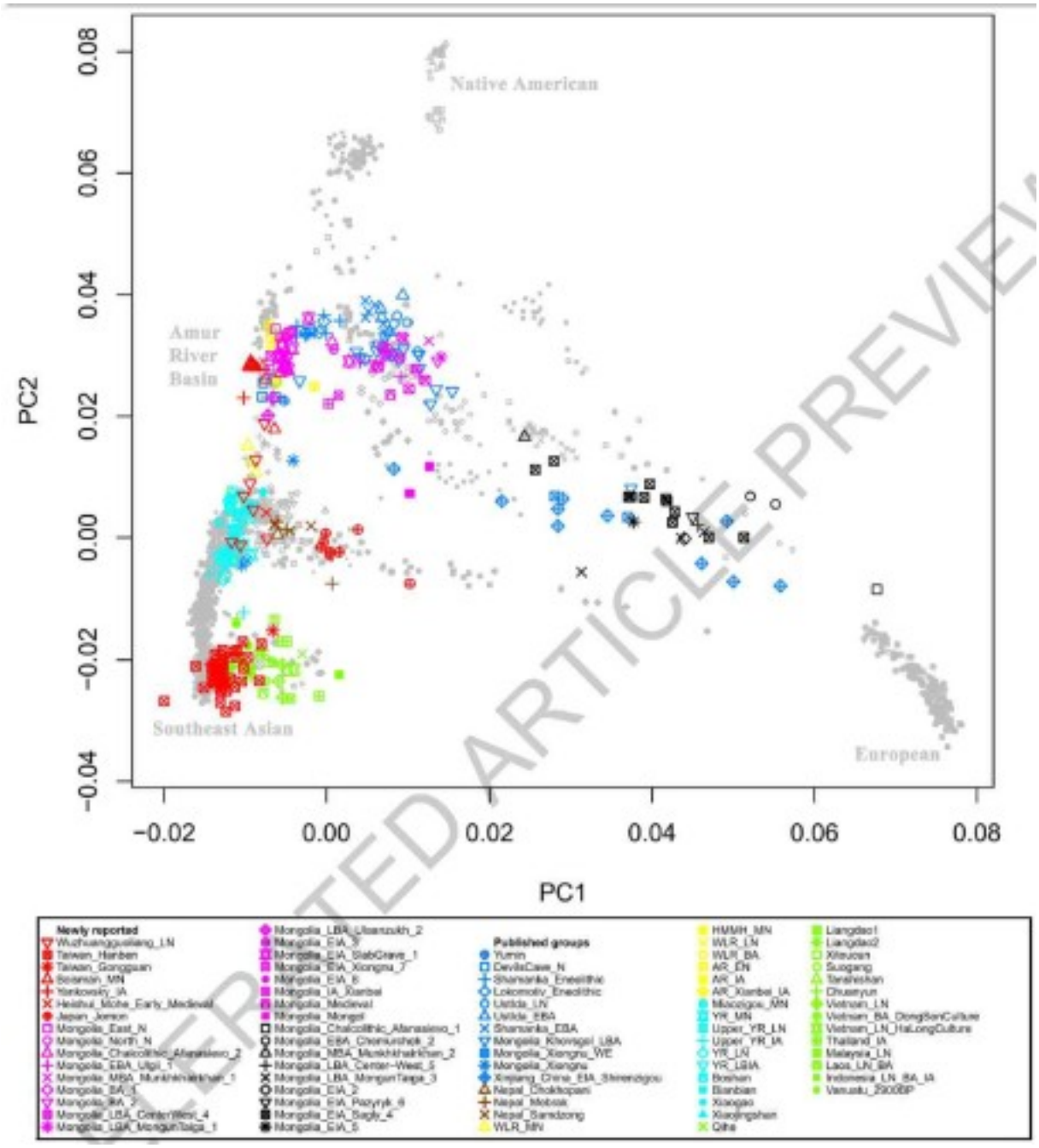
Восточная Азия представляет интерес как один из ранних центров одомашнивания растений и животных, кроме того этот регион отличается необычайно высоким разнообразием языков. В то же время популяционная история Восточной Азии остается малоизученной из-за недостатка данных по древней ДНК и ограниченных — по генофонду современного населения. Большой шаг в этом направлении сделан в новой работе большого международного коллектива под руководством Дэвида Райха (Гарвардский медицинский центр), которая опубликована в журнале Nature. В ней представлены геномные данные 166 древних индивидов Восточной Азии с датировками от 6000 лет до н.э. до 1000 лет н.э. в сравнении с современным населением Китая и Непала.

Ученые собрали образцы ДНК от 383 человек из 46 популяций Китая (n=337) и Непала (n=46). ДНК генотипировали с использованием панели Affymetrix Human Origins, включающей 600 тысяч SNP маркеров. Изученные 166 древних геномов были получены из останков, найденных в Монголии (82 индивида от 5700 до н.э. до 1400 н.э.), в Китае (11 индивидов 3000 до н.э. в бассейне Хуанхэ), в Японии (7 охотников-собирателей культуры дзёмон 2500-800 до н.э.), на Дальнем Востоке России (18 индивидов с захоронения Бойсман-2 5400-3600 до н.э., один 900 до н.э. и один 1100 н.э.), на Тайване (46 индивидов 1300-800 н.э.). Для детального изучения отобрали 130 с наиболее качественными геномами, в которых проанализировали 1,2 млн SNP. В анализе использовали также данные по 1079 ранее опубликованным древним геномам и 3265 геномам современного населения.



Географическое расположение и датировки изученных древних образцов ДНК из Восточной Азии.

По полученным данным провели анализ главных компонент, спроецировав древние геномы на геномы современного населения. Анализ показал, что популяционная структура в большей степени коррелирует с географией и в меньшей степени с языком. Авторы отмечают, что группы населения в Северо-Западном Китае, Непале и Сибири генетически отклоняются к Западной Евразии, что отражает смешение, происходившее от 5 до 70 поколений назад. Показано, что в раннем голоцене популяции Восточной Азии были сильнее дифференцированы, чем сегодня, и это означает, что между первоначально глубоко разделенными восточноазиатскими генетическими линиями позднее происходило смешение.



Анализ главных компонент изученных в данной работе (красные, розовые и черные значки) и ранее опубликованных древних геномов.

В популяционной структуре Восточной Азии исследователи выделяют три кластера. Кластер «бассейн Амура» включает древних и современных людей, проживающих в бассейне Амура, лингвистически они относятся к тунгусоязычным народам и нивхам. Кластер «Тибетское нагорье» по большей части состоит из древних индивидов из Непала и коренных тибетцев. Кластер «Юго-Восточная Азия» объединяет древних индивидов из Тайваня и современные группы тай-кадайских,

австроазиатских и австронезийских языков.

Образцы ДНК населения бассейна Амура составили временную транссекту длительностью более 5 тысяч лет, причем от раннего неолитического населения (5500 до н.э.) и бойсмановской культуры (5000 до н.э.) до янковской культуры (900 до н.э.) и культуры Сяньби (50-250 н.э.) индивиды бассейна Амура составляют одну кладу. Это локальная непрерывность популяции подтверждается и по Y-хромосоме, и по мтДНК. Авторы пишут про генетическую линию бассейна Амура как часть клины с большей долей компонента дзёмон на востоке и большей долей компонента монгольского неолита на западе (77-94% компонента монгольского неолита обнаружилось у байкальских охотников-собирателей). Кроме того, оказалось, что американские индейцы разделяют больше аллелей с бойсмановской культурой и монгольским неолитом, чем с большинством других восточноазиатских популяций.

Один из вопросов заселения Восточной Азии касается путей, по которым оно происходило: какова роль тихоокеанского берегового пути и внутреннего материкового пути. В распоряжении ученых есть лишь два доледниковых генома из Восточной Азии: 40-тысячелетний Тяньюань из Северного Китая и 35-тысячелетний Сальхит из Монголии, но важную информацию можно получить и из анализа постледниковых геномов. О важности берегового пути говорят, в частности, данные Y-хромосомного анализа тибетцев, у которых оказалась очень высокая частота (около 50%) гаплогруппы D-M174, которая характерна для современных японцев, а также для японских охотников-собирателей культуры дзёмон.

Авторы использовали метод qpGraph, чтобы прояснить сценарии популяционного разделения и генетических потоков в Восточной Азии. Модель показала, что большая часть предковых компонентов восточноазиатов получена из смешения в разных пропорциях двух древних популяций: одна той же лини и, что Тяньюань, а другая – той же линии, что современное население Андаманских островов. Компонент Тяньюань северного распределения составляет 98% в геноме неолитического населения Монголии и 90% в геноме неолитических земледельцев бассейна Хуанхэ. Другой компонент Тяньюань более южного распределения составляет 73% в геноме охотников-собирателей из Лянгдао на юго-востоке Китая и 56% у охотников-собирателей дзёмон в Японии.

Компонент, родственный онге, составляет 100% у населения Андаманских островов, 44% у дзёмон и 20% у древних земледельцев Тайваня, что согласуется с распространением по береговому пути, его можно проследить и по Y-хромосомной гаплогруппе D-M174. Что касается тибетцев, у которых ее доля также высока, авторы предполагают, что тибетские охотники-собиратели представляют рано отделившуюся ветвь этой позднеплейстоценовой береговой миграции, которая пошла внутрь материка и заселила высокогорье.

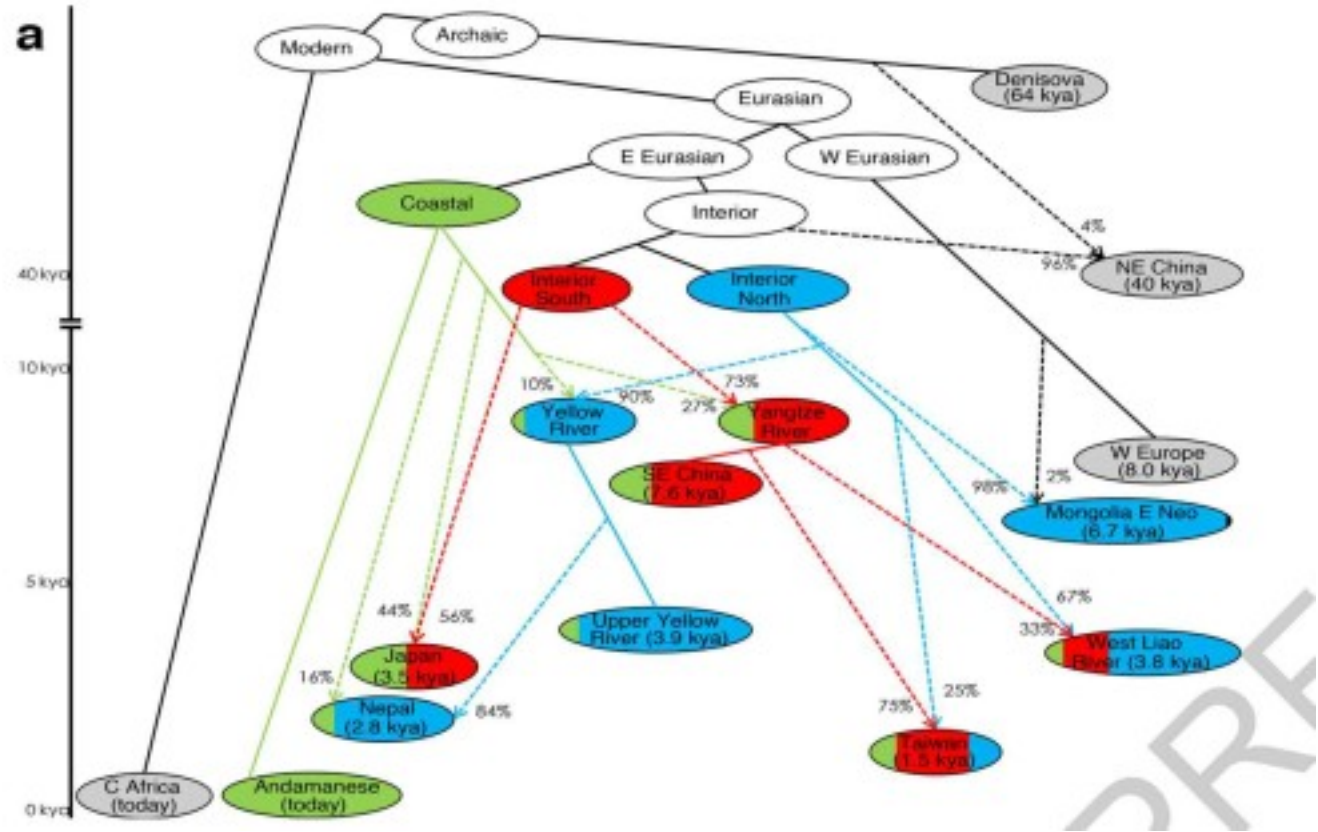


Схема предполагаемого разделения популяций и генетических потоков между ними. Зеленым цветом обозначена гипотетическая миграция по береговому пути, голубым – по северному внутреннему пути, красным – по южному внутреннему пути.

На геномных данных ученые проверили трансазиатскую гипотезу распространения языков. Она исходит из гипотезы совместного распространения сельского хозяйства и языков, в соответствии с которой увеличение плотности популяции в центрах развития земледелия стимулировало движение населения, и тем самым передачу языков. Для тестирования этой гипотезы в Восточной Азии до сих пор было мало данных. Трансазиатская гипотеза предполагает, что языковые макросемьи (монгольская, тюркская, тунгусская, корейская и японская) произошли от протоязыка, связанного с распространением культуры возделывания проса. Если следовать данной гипотезе, то языки распространялись вдоль реки Ляохэ на северо-востоке Китая, на запад в Монголию, на север в Сибирь и на восток в Корею и Японию. По соотношениям генетических компонентов в разных группах населения ученые не подтвердили эту гипотезу для монгольских и тунгусских языков, но подтвердили для японских и корейских.

Была также проверена гипотеза о распространении сино-тибетских языков с севера. Тибетское нагорье было впервые заселено людьми еще 40-30 тысяч лет назад, но только около 1600 лет до н.э., с появлением земледелия, оно стало местом постоянного проживания людей. Коренные тибетцы говорят на сино-тибетских языках, связанных с языками прибрежной равнины Китая.

Гипотеза северного происхождения сино-тибетцев предполагает, что земледельцы, культивирующие просо в верхнем и среднем течении Хуанхэ, продвигались на юго-запад к Тибетскому плато и распространяли тибето-бирманские языки, а также на восток и на юг к центральным равнинам, распространяя китайские языки. Гипотеза южного происхождения предполагает, что протоязыки возникли в Тибето-И (Tibetan-Yi) коридоре, соединяющем высокогорье с равнинами.

Для проверки гипотез авторы сгруппировали 17 тибетских популяций в три генетических кластера: “Тибетское ядро”; “Северные тибетцы” и “ Тибето-И коридор”. Анализ геномных данных этих кластеров свидетельствует в пользу гипотезу северного происхождения. Это подтверждается и данными по Y-хромосоме (общая гаплогруппа Oα-F5 у китайцев хань и тибетцев, возникшая около 3800 лет до н.э.).

Одной из задач работы стал поиск западноевразийского генетического следа в популяциях Восточной Азии. Имея в распоряжении временную транссекту образцов ДНК из Монголии (6000 — 600 до н.э.) авторы моделировали монгольский генофонд из четырех источников. Первый – первично восточноазиатский; второй – западносибирские охотники-собиратели; третий – афанасьевская культура, генетически сходная с ямной; четвертый – скотоводы синташкинской культуры, генетически возникшие из смешения ямников и европейских земледельцев. Для уточнения истории смешения использовали *qpAdm* метод.

В монгольских образцах вплоть до середины бронзового века присутствует генетический компонент ямной культуры, который распространялся через афанасьевскую культуру. После этого времени компонент ямной культуры исчезает и появляется компонент синташкинской культуры, особенно выраженный на западе Монголии. С VI до IV веков до н.э. в монгольском регионе распространяется генетический компонент из Турана (исторический регион в Центральной Азии). В отличие от Монголии, на западе Китая компонент ямной, он же афанасьевской культуры усиливается, что видно по культуре Shirenzigou железного века (410-190 до н.э.).

В образцах культуры Shirenzigou железного века на западе Китая авторы исследовали генетические полиморфизмы, связанные с фенотипическими признаками. Они нашли, что два аллеля (rs1426654 и rs16891982), ассоциированные со светлой пигментацией кожи, и один (rs12913832) – с голубым цветом глаз, достигают здесь заметной частоты. В то же время аллель толерантности к лактозе, как и во всей Восточной Азии, почти полностью отсутствует.

Наконец, генетики по полученным данным делают вывод о том, что тохарские языки бассейна реки Тарим распространялись через миграцию людей, несущих генетическую линию ямной культуры, на Алтай и в Монголию, а оттуда в Синьцзян. Эти результаты, пишут они, добавляют доказательства в пользу гипотезы, что отделение второй по древности ветви индоевропейских языков происходило в конце 4-го тысячелетия до н.э.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Chuan-Chao Wang et al. Genomic Insights into the Formation of Human Populations in East Asia // *Nature* (2021) https://doi.org/10.1038/s41586-021-03336-2

https://www.nature.com/articles/s41586-021-03336-2?error=cookies_not_supported&code=50936500-f8c7-4c50-85cb-ce28e8f1c340&fbclid=IwAR03-mkoz-rnfZpY1aSajqcaV5LAxZR_xlU0xO282-BHGyuqN6pRiPG-yxs

текст статьи можно скачать в Библиотеке сайта