

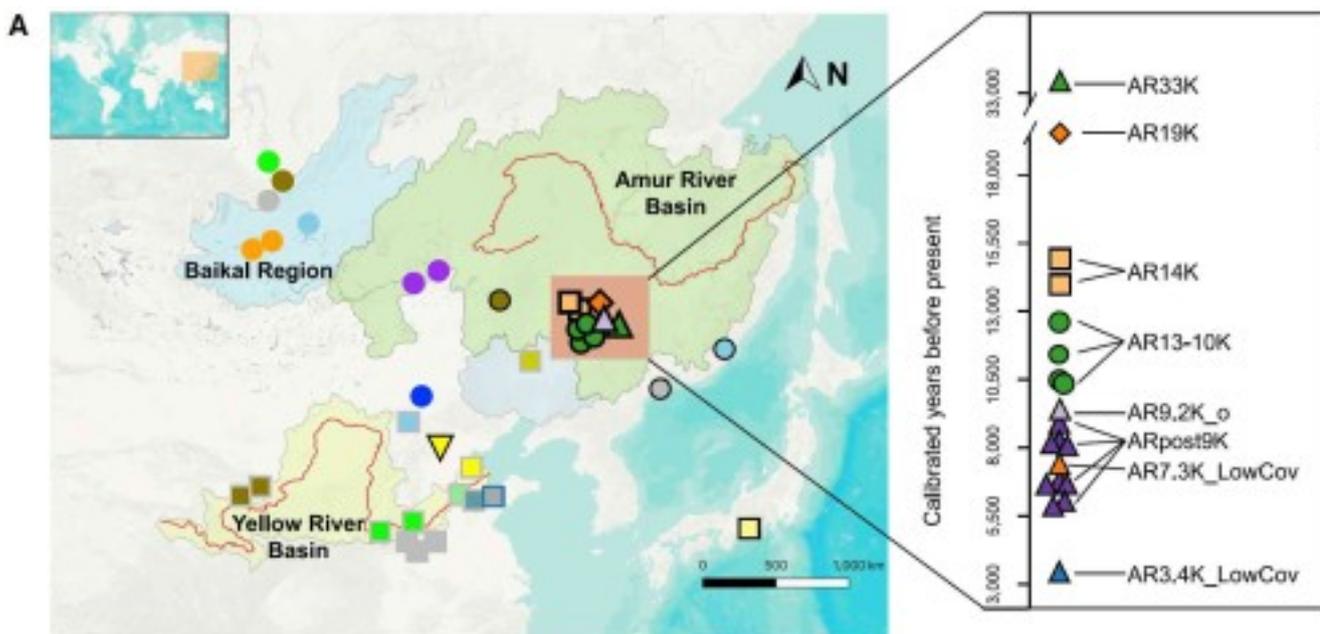
## Популяционная история северного региона Восточной Азии

Изучены 25 древних геномов из бассейна Амура (на территории Китая) возрастом от 33,4 до 3,6 тысяч лет. Полученные данные показали, что генетический компонент, родственник индивиду из китайской пещеры Тяньюань, широко распространился на севере Восточной Азии еще до последнего ледникового максимума (ПЛМ). Ранние популяции бассейна Амура являются базальными для древнего населения севера Восточной Азии. Начиная со времени 14 тыс. лет назад, в бассейне Амура отмечается генетическая непрерывность, эти же популяции влились в генофонд палеосибиряков. Авторы проследили за эволюцией специфической восточноазиатской мутации EDAR V370A, показав, что она достигает высокой частоты в регионе после ПЛМ.

Северная часть Восточной Азии обитаема современным человеком в течение 40 тысяч лет. До сих пор в распоряжении ученых было лишь два изученных древних генома из этого региона: из пещеры Тяньюань в Китае (40 тыс. лет) и долины Сальхут на северо-востоке Монголии (34 тыс. лет). Популяционная структура этого региона до и после последнего ледникового максимума (ПЛМ) оставалась неизученной. Было неясно, какое значение на нее оказали радикальные изменения климата.

Это белое пятно в большой степени покрывается в исследовании китайских специалистов, опубликованном в журнале *Cell*, в котором представлены данные по 25 древним геномам из бассейна Амура (на северо-востоке Китая, провинция Heilongjiang); их возраст составляет от 33,6 до 3,4 тысяч лет. Извлеченная ДНК проанализирована на панели 1,2 млн SNP. Методом обогащения геномных библиотек было достигнуто покрытие SNP от 0,002x до 14,45x.

Авторы исключили из анализа близких родственников и геномы с менее 25 000 прочитанных SNP, так что в итоговую базу вошли 20 неродственных индивидов. Их сгруппировали в пять хронологических групп: 1) один индивид до ПЛМ (AR33K; 34,324–32,360 тлн); 2) один индивид периода конца ПЛМ (AR19K; 19,587–19,175 тлн); 3) индивида периода конца последнего оледенения (AR14K, 14,932–14,017 тлн); 4) четыре индивида 12,735–10,302 тлн (AR13–10K); 5) 12 индивидов 9,425–3,360 тлн (AR9.2K\_o, ARpost9K (n = 9), AR7.3K\_LowCov, and AR3.4K\_LowCov).



Географическое и временное распределение и популяционная структура изученных в данной работе (значки в квадрате) и ранее опубликованных образцов.

Анализ самого древнего образца из бассейна Амура (AR33K, 33,6 тлн) показал его генетическое сходство с образцом из китайской пещеры Тяньюань, близ Пекина (40 тлн); эти образцы формируют отдельный кластер в контексте других древних и современных геномов. По отношению ко всем популяциям Восточной Азии AR33K составляет базовый генетический компонент. У AR33K и Тяньюань обнаружена большая величина денисовского вклада в геном, чем у более молодых индивидов. Но в отличие от Тяньюань амурский AR33K не проявлял генетического сходства с европейским образцом GoyetQ116-1 (35 тлн, Бельгия). Амурский AR33K примерно того же времени, что и Сальхут (43 тлн) из Монголии; последний

рассматривают как результат смешения генетических компонентов Тяньюань (75%) и индивидов с Янской стоянки (25%). В отличие от него AR33K не показал близость к образцам с Янской стоянки.

Авторы приходят к заключению, что генетический компонент Тяньюань/ AR33K уже широко распространялся на севере Восточной Азии до ПЛМ (40–33 тлн). Этот компонент смешался с Янским в монгольских популяциях и в то же время остался изолированным в бассейне Амура.

Анализ индивида AR19K, жившего в период ПЛМ (26.5–19 тлн), важен для понимания популяционной динамики северного региона Восточной Азии. Генетическое положение этого образца оценили методом анализа главных компонент и  $f_3$ -статистики. Оказалось, что AR19K проявляет больше генетического сходства с поздними популяциями Восточной Азии, чем ранние индивиды Восточной Азии. AR19K не демонстрирует общего генетического дрейфа с Тяньюань, в отличие от индивида AR33K. Можно предположить, что популяционные изменения на севере Восточной Азии уже происходили в конце ПЛМ, раньше, чем недавно показанные постледниковые изменения (геном из пещеры Хайыграс, Якутия). Генетическое разделение между севером и югом Восточной Азии уже возникло 19 тыс. лет назад, на 10 тысяч лет раньше, чем считали прежде.

Анализ постледниковых образцов (AR14K, AR13-10K, и ARpost9K) показал их генетическую близость к популяции из пещеры Чертовы ворота в Приморье (8 тлн). Это говорит о генетической непрерывности в бассейне Амура, которая началась еще 14 тыс. лет назад (на 6 тысяч лет раньше, чем считали прежде). По показателю гомозиготности (ROH) наблюдается снижение близкородственных браков после 14 тыс. лет назад, что говорит об увеличении эффективного размера популяции в бассейне Амура, возможно благодаря переходу к оседлому земледелию в неолите.

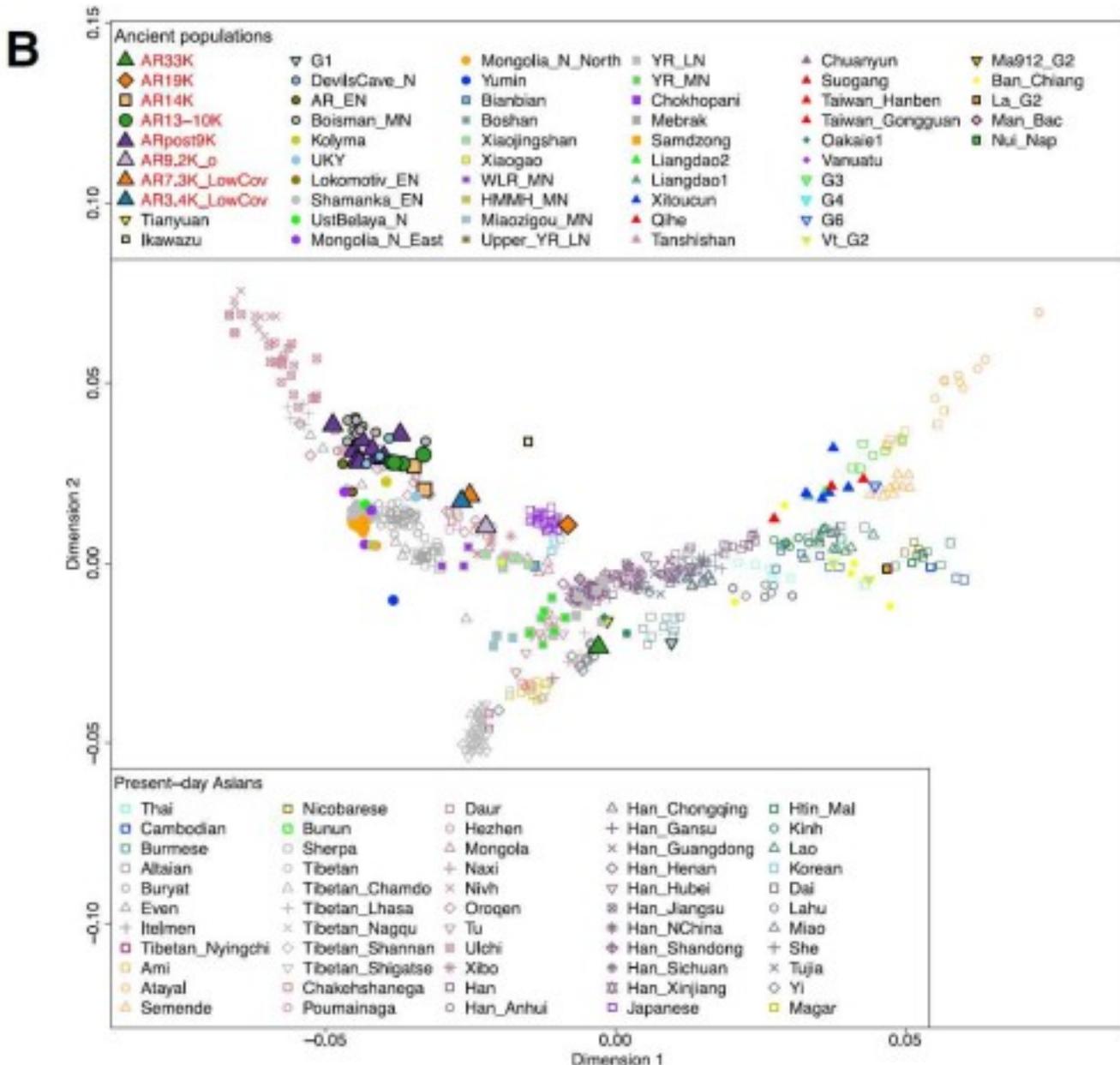


График анализа главных компонент популяций Восточной Азии и Сибири. Древние популяции перечислены на легенде вверху, современные – на легенде внизу.

Методом qpGraph авторы показали, что популяция, к которой принадлежал AR14K, могла быть непосредственным источником восточноазиатского компонента у палеосибириков. Палеосибирики (представители — индивид с Колымы, 10 тлн; Усть-Кяхта близ Байкала, 14 тлн) были генетически ближе к последниковым популяциям бассейна Амура, чем к другим популяциям севера Восточной Азии. Авторы предполагают, что популяции бассейна Амура в большей степени, чем популяция Чертовых ворот, подходит для восточноазиатского компонента палеосибириков. В генофонде палеосибириков они смешались с линией древних северных евразийцев (ANE).

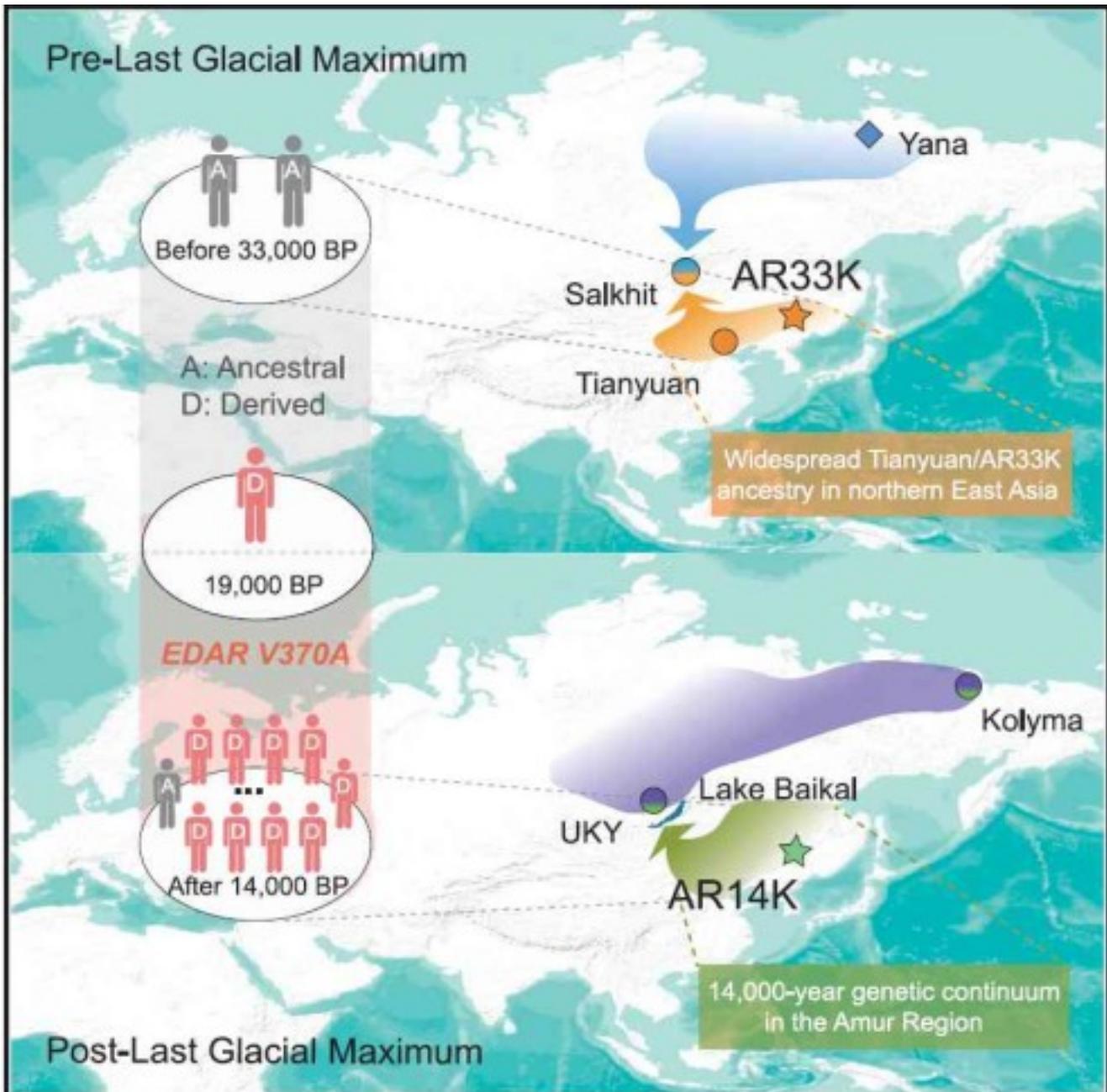


Схема популяционных изменений на севере Восточной Азии по данным, полученным в исследовании.

В рамках своего исследования авторы изучили действие отбора в регионе севера Восточной Азии на протяжении от 40 до 6 тысяч лет назад. Они впервые проследили за эволюцией специфического азиатского генетического варианта – мутацией EDAR в гене V370A. Сегодня ее частота у пекинских китайцев составляет 93,7%; как было показано, она ассоциирована с

толщиной волос, большим числом потовых желез и лопатовидными резцами. Ее эволюцию трудно понять лишь на основании современных геномов. Предложены два механизма отбора: на увеличение витамина D в грудном молоке в условиях малого количества ультрафиолета (около 20 тлн) и на совершенствование терморегуляции через потоотделение в теплых и влажных условиях (около 30 тлн).

Авторы показали, что мутация V370A в гене *EDAR* имеется у AR19K и более поздних индивидов, но отсутствует у AR33K и Тяньюань. То есть, вероятно, эта мутация достигла высокой частоты в течение ПЛМ и вскоре после него. Так что ее связь с теплым и влажным климатом менее вероятна, скорее, отбор шел на увеличение витамина D в грудном молоке. Возраст мутации авторы оценили в 11,4 тыс. лет, хотя прямые исследования показывают, что аллель существовал еще 19 тыс. лет назад.

Итак, в проведенном исследовании выявлены демографические изменения, происходившие на севере Восточной Азии на протяжении длительного периода, включая стадию до ПЛМ (33 тлн) и после ПЛМ (19-6 тлн). Генетический компонент, ранее представленный геномом Тяньюань, стал распространяться в бассейне Амура еще до ПЛМ (образец AR33K). Ранние популяции севера Восточной Азии (AR19K) возникают в бассейне Амура в конце ПЛМ, около 19 тыс. лет назад этот последний компонент замещает более древний компонент Тяньюань. С периода 14 тыс. лет назад в популяциях бассейна Амура наблюдается генетическая непрерывность, и они становятся основой восточноазиатского вклада в генофонд палеосибириков, самой близкой к коренным американцам линии за пределами Америки.

*текст Надежды Маркиной*

#### **Источник:**

Xiaowei Mao, Hucai Zhang, ShiyuQiao et al. The deep population history of northern East Asia from the Late Pleistocene to the Holocene // 2021, Cell 184, 1–11 <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.04.040>