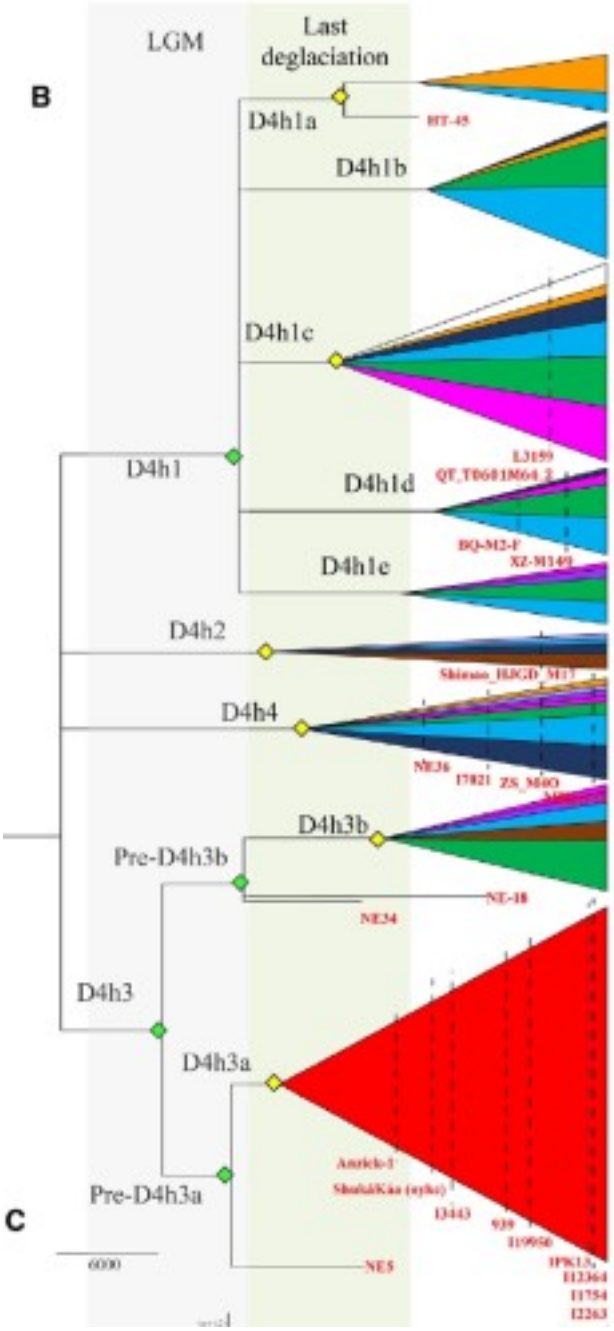
В генофонд первых жителей Америки был внесен небольшой вклад из северного Китая

Анализ древних и современных митохондриальных геномов линии D4h показывает, что в генофонд первых коренных жителей Америки, помимо основного сибирского, влился небольшой генетически й поток из северного Китая. Другие ветви этого генетического потока достигли Японских островов. Эти данные по мтДНК согласуются с данными по Y-хромосомной гаплогруппе C2-M217, которая, вероятно, также из северного Китая распространилась в Америку и на Японские острова.

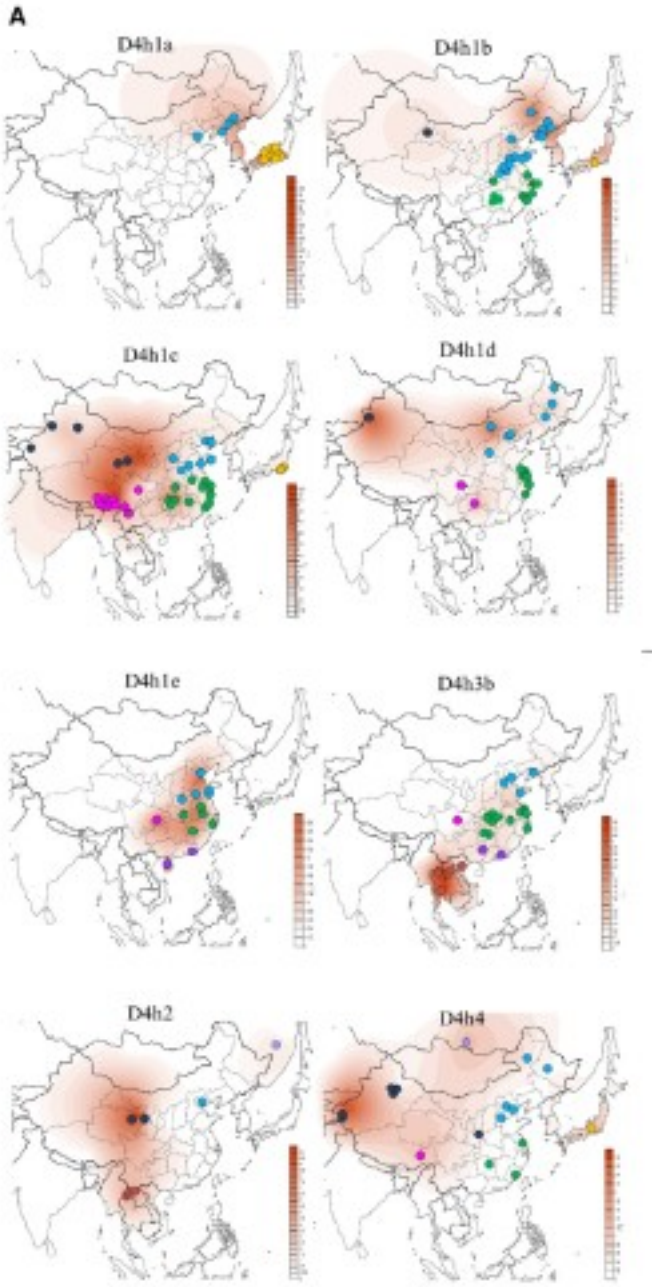
Заселение Америки, как было показано в многочисленных исследованиях, происходило путем миграции из северо-восточной части Азии. Группы мигрирующих людей из Сибири через Берингийский сухопутный мост достигли Северной Америки и далее продвигались на юг по побережью и/или по внутреннему коридору между двух ледниковых щитов. Происхождение первых коренных жителей Америки по большей части связано с Сибирью, в то же время, в их генофонде в небольшом количестве имеются и другие компоненты, что делает картину более сложной.

Один из таких компонентов исследуется в работе китайских специалистов, опубликованной в журнале Cell Reports. В митохондриальном генофонде коренных жителей Америки, помимо сибирских гаплогрупп A2, B2, C1, D4b1a2a1a и др., имеется гаплогруппа D4h3a. Сестринская ей D4h3b найдена в Китае и Таиланде. Чтобы разобраться в корнях этого родства, авторы проследили историю гаплогруппы D4h, проанализировав 216 современных митохондриальных геномов из Восточной Азии и сравнив их с ранее опубликованными данными по 39 древним митогеномам.

Филогенетическое дерево гаплогруппы D4h3 показывает, что, за исключением американской ветви D4h3a, все остальные ветви D4h3 распространены главным образом, в Китае, северном и центральном. Среди древних образцов мтДНК три, принадлежащих к гаплогруппе D4h3, были найдены в долине Амура в северном Китае. Один из них (NE-5, 14 тлн) происходил от предшественника линии D4h3a, и его филогеография соответствовала предкам коренных жителей Америки. Два других (NE34, 14 тлн и NE-18, 7 тлн), оба были предшественниками линии D4h3b.



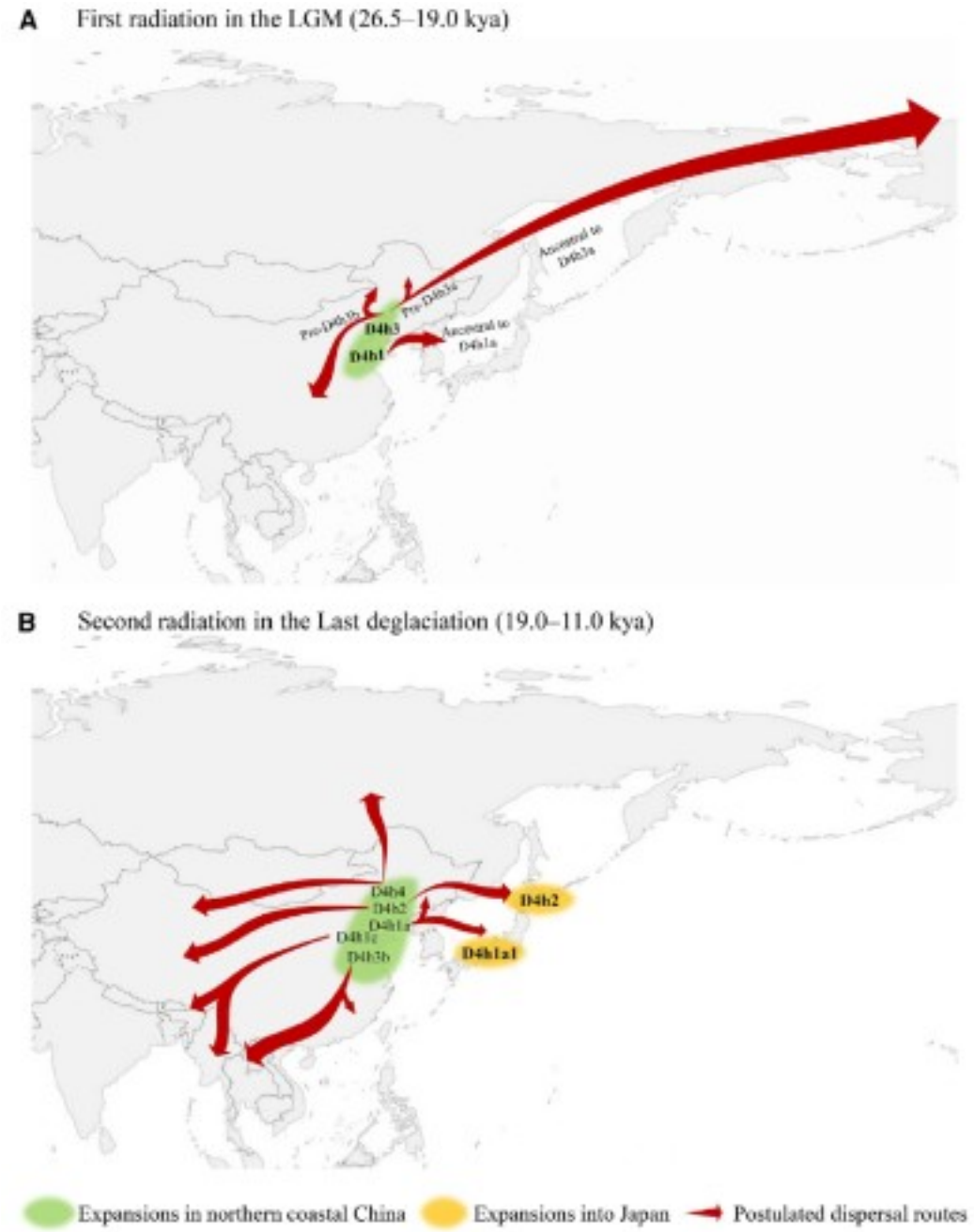
Филогенетическое дерево D4h с оценкой возраста и размера популяции субгаплогрупп (соответствует площади треугольников). Цвет соответствует региону. Древние образцы показаны красным. Зелеными и желтыми ромбиками отмечены моменты первого и второго разделения на субветви (Li et al., 2023).



Географическое распределение разных ветвей D4h. Каждый кружок соответствует одному образцу, цвет кружка соответствует региону. Цвет на карте указывает на частоту гаплогруппы (Li et al., 2023).

Эти данные показывают, что прародина D4h3 — вероятно, центральный и северный Китай, и обе сестринских линии сосуществовали здесь в палеолите. Они отражают родственные связи по материнской линии первых коренных американцев с популяциями Китая. Из других ветвей гаплогруппы D4h некоторые (D4h1a и D4h2) обнаруживаются в Японии, а D4h1c – в южном Китае.

Из анализа нескольких тысяч мтДНК из разных популяций авторы приходят к выводу, что разделение D4h на субветви происходило в центральном и северном Китае, вероятно, путь этой дифференциации проходил по северному побережью Китая. Первое разделение происходило в период ПЛМ (26-19 тлн), и именно тогда возникла D4h3a, которая достигла Северной Америки. Второе разделение было приурочено к постледниковью (19 – 11,5 тлн), когда субветви D4h распространились по юго-восточной Азии, а некоторые (D4h1a и D4h2) попали на Японские острова через сухопутный мост, который связывал их с материком вплоть до 12 тлн. Гаплогруппа D4h2b была найдена в популяции японских охотников-собирателей культуры дзёмон.



Две последовательные дифференцировки гаплогруппы D4h: в период Последнего ледникового максимума (A) и в постледниковье (B) (Li et al., 2023).

Такая картина согласуется и с данными по Y-хромосомной гаплогруппе C2a-L1373, предковой для американских линий C-MPB373 и C-P39. Корни C2a-L1373 обнаруживаются в северном Китае, вероятно, именно здесь произошла ее дифференциация, причем близко к побережью, к району дифференциации митохондриальной D4h. Об этом говорят два древних образцах из северного Китая, в которых сочетаются мтДНК D4h3 и Y-хромосомная C2a-L1373. Таким образом, возможно, группа людей из этого региона внесла вклад в генофонд первых коренных жителей Америки как по материнской, так и по отцовской линиям. Вместе с тем, Y-хромосомная гаплогруппа C2-M217 отмечается с высокой частотой у айнов и в Японии. А сочетание мтДНК D4h3 и Y-хромосомной C2 найдено в древнем образце (8 тлн) в Южной Америке. Все вместе позволяет авторам предположить, что предковая популяция из северного Китая, несущая одновременно мтДНК D4h и Y-хромосомную C2, тала источником миграций как на американский континент, так и и на Японские острова.

Таким образом, анализ древних и современных митогеномов линии D4h указывает на то, что существовал небольшой дополнительный генетический поток в Америку, помимо сибирского. С этим выводом согласуются и данные по Y-хромосомной гаплогруппе C2-M217. Та и другая гаплогруппы дифференцировались на субветви в районе северного Китая. Ученые предполагают, что путь этого генетического потока проходил по тихоокеанскому побережью Китая. И хотя его вклад невелик, это дополняет картину популяционной истории Америки. С другой стороны, по-видимому, такой же генетический поток достиг Японских островов. Авторы отмечают, что обнаруженные генетические связи между Китаем, Америкой и

Японией согласуются с археологическими данными о сходстве каменных наконечников 17-18 тлн.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Yu-Chun Li et al. Mitogenome evidence shows two radiation events and dispersals of matrilineal ancestry from northern coastal China to the Americas and Japan // Cell Reports, 2023, https://doi.org/10.1016/j.celrep.2023.112413