

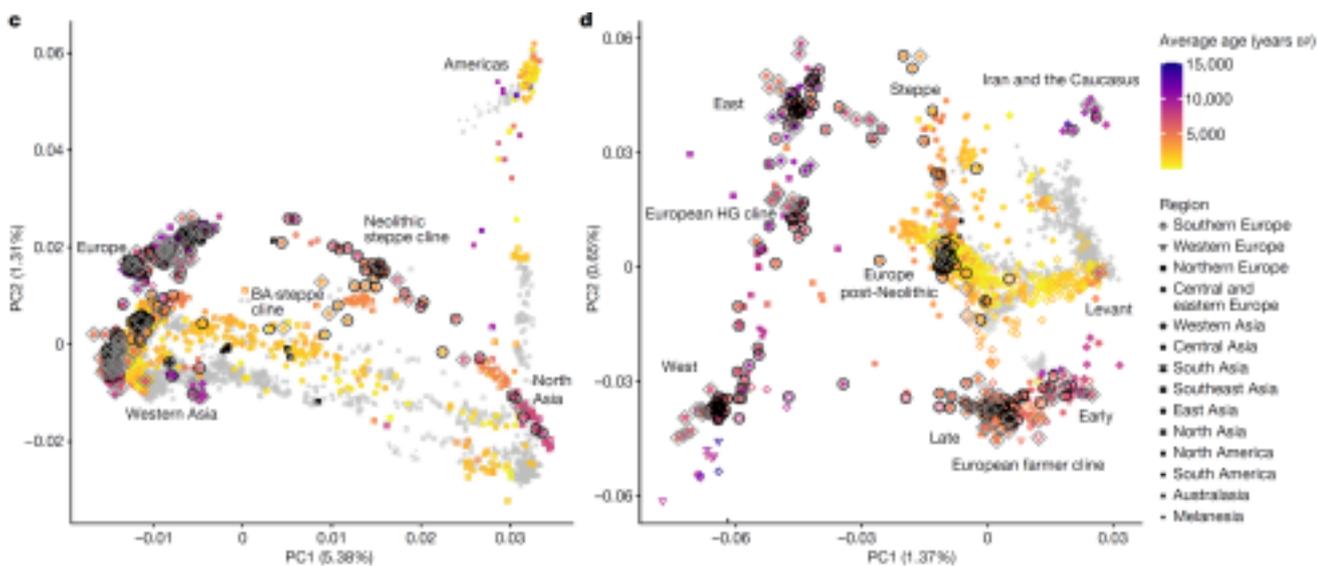
## Популяционная геномика постледниковой Западной Евразии

Анализ 317 древних геномов, от мезолита до неолита, с территории Европы и Зауралья позволил уточнить динамику популяций и найти некоторые неизвестные ранее источники их формирования. Авторы описали границу между популяциями, проходящую от Черного моря до Балтики, возникшую после окончания Последнего ледникового максимума. Группы охотников-собирателей к западу и к востоку от этой границы генетически различались, она также определяла различия в сроках и характере неолитизации. Граница размывается около 5000 лет назад, с возникновением массовой миграции степных кочевников, оказавшей влияние на генофонд как Западной, так и Восточной Евразии. Найден неизвестный ранее источник популяций ямной культуры, а также описано формирование популяций западноевропейской культуры шнуровой керамики с участием ямников и популяций культуры шаровидных амфор.

Статья коллектива палеогенетиков под руководством Эске Виллерслева, Копенгагенский университет, [опубликованная в журнале Nature](#), представляет уточненную популяционно-генетическую картину и динамику популяций в постледниковой Западной Евразии. Материалом послужили 317 впервые секвенированных древних геномов, относящихся к периодам мезолита и неолита, с обширной территории Евразии. Территориально изученные древние геномы разделяются на три региона 1) Центральная, Западная и Северная Европа; 2) Восточная Европа, включая запад России, Беларусь и Украину; 3) Урал и Западная Сибирь.

317 геномов были секвенированы шотган-методом с покрытием от 0,01x до 7,1x (среднее 0,75x), в том числе 81 геном секвенирован с покрытием более 1x. Полученные генотипы сравнивали с референсной базой данных «1000 геномов». В комплексе с 1300 ранее опубликованными древними геномами ученые получили суммарную базу данных по 8,5 млн SNP для около 1600 диплоидных древних генотипов.

Анализ главных компонент по этой геномной базе показал, что генетическая дифференциация между популяциями охотников-собирателей (113 геномов) была намного выше, чем между современными популяциями. Это указывает на большую генетическую изоляцию и меньший эффективный размер популяций охотников-собирателей. Для получения информации о структуре предковых компонентов в пространстве и во времени авторы использовали методы ChromoPainter–FineSTRUCTURE. Прежде всего изученные образцы разделились на два хорошо известных кластера: восточноевропейские охотники-собиратели (EHG) и западноевропейские охотники-собиратели (WHG). Это разделение охотников-собирателей на западную и восточную линии началось сразу после Последнего ледникового максимума (ПЛМ). Западные охотники-собиратели по большей части вобрали в себя генофонд верхнего палеолита с Кавказа (например, образцы из пещеры Котиаас, 25 тлн) а восточные — древнесибирский генофонд, представленный образцом со стоянки Мальта, 24 тлн. Локальные отличия популяций HG отражают характер постледниковой экспансии их климатических рефугиумов в разных регионах Европы. Среди образцов HG ученые описали два генома возрастом около 7300 лет из региона Среднего Дона в Причерноморско-Каспийской степи (могильник Голубая криница), происхождение которых они связывают с охотниками-собирателями с Кавказа.



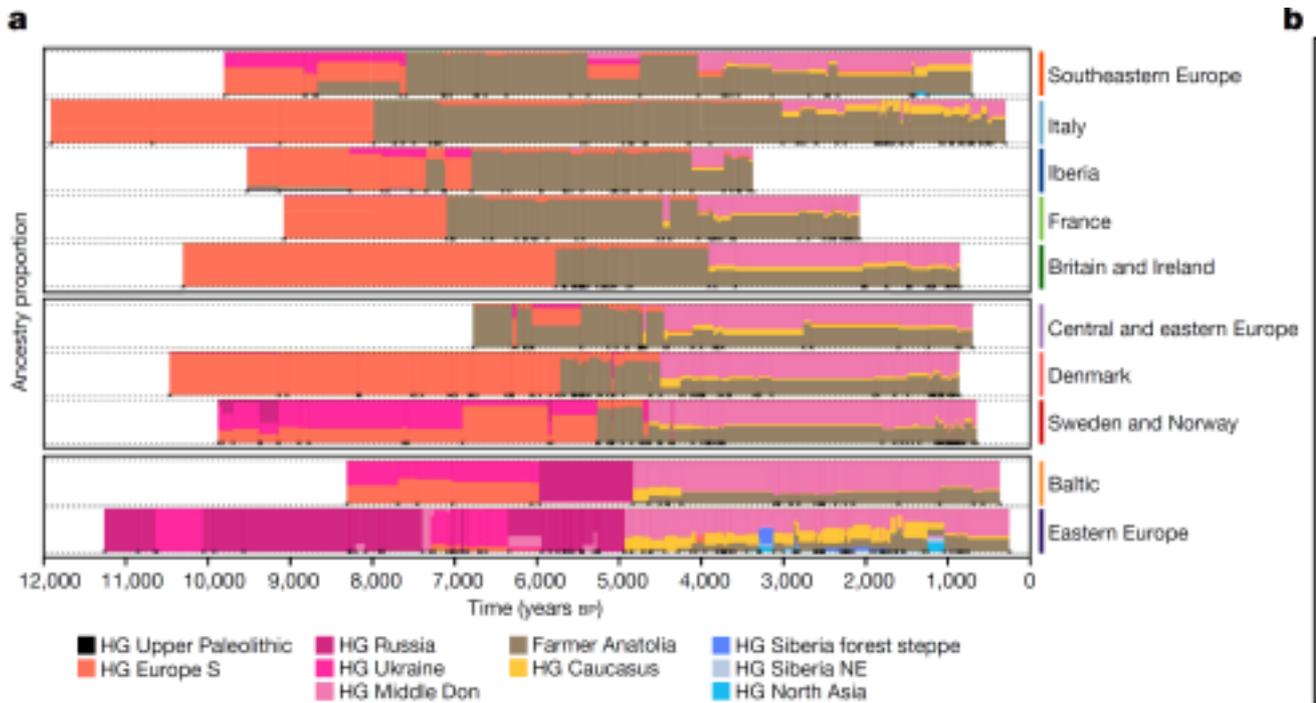
Анализ главных компонент 3316 современных и древних геномов Евразии, Океании и Америки (c) и 2126 геномов из Западной Евразии (d) (Allentoft et al., 2024).

Далее, авторы описали масштабные генетические изменения, сопровождающие процесс неолитизации, от Черного моря до

Балтики. Эти изменения были принесены миграцией в Европу групп земледельцев из Анатолии, которая продолжалась от 8700 лет назад (на Балканах) до 5900 лет назад (в Дании). В результате смешения земледельцев с локальными охотниками-собираателями формировался генофонд, к которому доля НГ чаще не превышала 10%, за исключением юго-западной Европы, например, в Иберии эта доля достигала 27-43%.

В Восточной Европе популяции охотников-собираателей просуществовали дольше, и

распространение земледелия задержалось примерно на 3000 лет, что было обусловлено менее благоприятными природными факторами. В восточной Балтике, Украине и западной России вплоть до 5000 лет назад в популяциях преобладал компонент локальных НГ с незначительным вкладом анатолийских земледельцев. Это согласуется с археологическими данными, которые говорят о том, что распространение керамики в этих регионах случилось на несколько тысяч лет раньше, чем переход к земледелию и скотоводству. В восточной Балтике последнее произошло лишь около 4800 лет назад.



Генетически-временные региональные транссекты предковых компонент в европейских популяциях на протяжении 12 000 лет (Allentoft et al., 2024).

Около 5000 лет назад началась миграция кочевых скотоводов из степей, оказавшая большое влияние на генофонд Европы. В частности, это привело к тому, что граница между западным и восточным европейским генофондом стала размываться. При этом до сих пор остается загадкой происхождение самих этих степняков, условно, ямной культуры. Авторы данной работы показали, что степной компонент моделируется как 65% охотников-собираателей со Среднего Дона и около 35% охотников-собираателей с Кавказа (СНГ). Генетический компонент Среднего Дона (этот ранее не описанный компонент популяций ямной культуры) в работе был представлен образцами из могильника Голубая криница, который относится к захоронениям мариупольского типа. Этот компонент, в свою очередь состоящий из ЕНГ и СНГ, — подходящий кандидат на роль неизвестного «северного» источника степняков ямной культуры; южный же источник представляют группы охотников-собираателей с Кавказа.

Степняки ямной культуры, как было показано в предыдущих исследованиях, внесли значительный генетический вклад в формирование популяций европейской культуры шнуровой керамики (КШК). Тем не менее, различия в Y-хромосомных гаплогруппах КШК и ямной свидетельствуют, что опубликованные геномы ямников не служили непосредственным источником степного компонента в КШК. То же касается и популяций афанасьевской культуры. Это указывает на сложную геномную структуру популяций этих культур. Авторы показали, что в формирование популяций КШК внесли вклад восточноевропейские группы, ассоциированные с культурой шаровидных амфор (КША). В контактной зоне, включающей северные лесные регионы, группы КШК формировались из групп, родственных ямникам и группам КША в Восточной Европе. КШК была основана на смешанной, гибкой экономике, приспособленной к разным экологическим условиям, что и обусловило успех популяций этой культуры за короткий период времени.

По сравнению с Западной Евразией данные по геномам охотников-собираателей к востоку от Урала до сих пор были очень немногочисленны. В данной работе они были представлены 38 индивидами, 28 из которых относились к керамическому периоду, от 8300 до 5000 лет до н.э. Моделирование представляет их из трех источников: ранние НГ Западной Сибири (SteppeC\_8300BP\_7000BP), этот компонент доминирует в западной лесной зоне; северо-восточные

азиатские HG (Amur\_7500BP), этот компонент высок на Байкале; и палеосибирский компонент (SiberiaNE\_9800BP), который наблюдается в виде клины, тянущейся от Байкала к западу вдоль лесостепи.

Полученные в данной работе данные предполагают генетический поток между охотниками-собираателями Байкала и популяциями лесостепной зоны юга Сибири; это подтверждается археологией (бифациальные наконечники). Изученные геномы также проливают свет на генетическое происхождение окуневской культуры бронзового века в Минусинском бассейне в Южной Сибири. В противоположность ранее полученным данным, авторы показали, что окуневцы произошли от смешения HG лесостепи и степного компонента, около 4600 лет назад. Это прямое доказательство генетического потока от людей афанасьевской культуры, тесно связанных с ямниками, на Алтай и в Минусинский бассейн.

Начиная с 3700 лет назад, степняки и люди с Байкала обладали заметно различными генетическими профилями. Авторы описали резкое увеличение внешнего вклада и ограниченные вклады локальных HG. Ранние стадии этого перехода характеризуются степным генетическим потоком, это согласуется со смешением в бронзовом веке западного степного скотоводства с восточным (синташкинский и андроновский комплексы). Поздние стадии перехода характеризуются увеличением компонентов Центральной Азии и северо-восточной Азии. Вместе взятые, эти результаты показывают, что в Восточной Евразии генетические компоненты HG доминировали гораздо дольше, чем в Западной Евразии, до того, как начались новые экспансии популяций, принесшие новые породы одомашненных животных, колесный транспорт и выращивание проса.

Исследователи использовали метод IBD для выявления временных сдвигов в родстве внутри генетических кластеров. Они нашли тренд на снижение этих связей со временем как в Западной, так и в Восточной Евразии. Это согласуется с увеличением эффективного размера популяций. При этом динамика в Западной и Восточной Евразии отличалась. На западе эффективный размер популяций увеличился с началом неолитического перехода, на востоке это произошло позже, около 4000 лет назад, что согласуется с более долгим существованием здесь немногочисленных групп охотников-собираателей и более позднему переходу к производящему хозяйству.

*текст Надежды Маркиной*

#### **Источник:**

Allentoft, M.E., Sikora, M., Refoyo-Martínez, A. *et al.* Population genomics of post-glacial western Eurasia. *Nature* **625**, 301–311 (2024). <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06865-0>