

Древние геномы о формировании популяций Южной и Центральной Азии

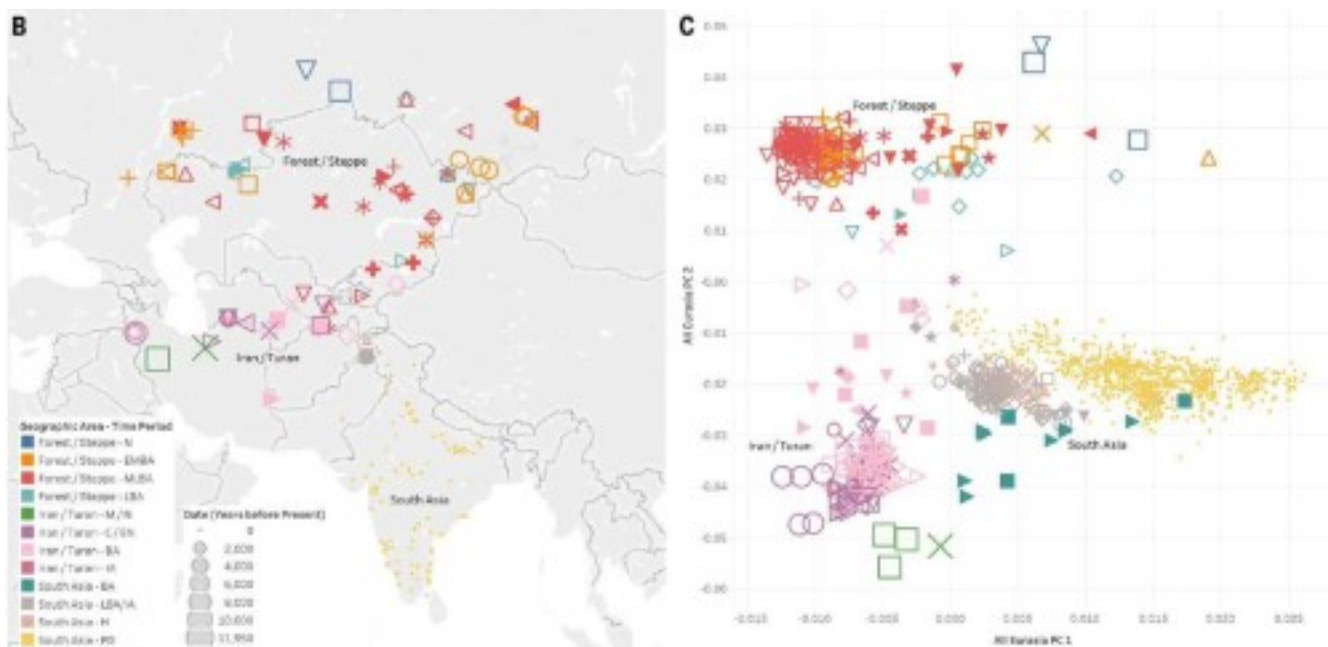
Изучив геномы 532 древних индивидов с территории Южной и Центральной Азии, исследователи обнаружили генетический компонент скотоводов западноевразийской степи (условно, ямной культуры), причем максимальный – у индийских брахманов. Из этого делается вывод о связи степного генетического компонента с распространением индоевропейских языков, но только в Западной Евразии, но и в Южной Азии. Представлена схема формирования современных южноазиатских популяций из смешения генофонда Индской (Харрапской) цивилизации с двумя мигрирующими группами населения.

В журнале Science [появилась статья](#) большого мультидисциплинарного коллектива, в который входят генетики, археологи и лингвисты из разных стран, один из соруководителей работы – мировой лидер в области палеогенетики Дэвид Райх. В названии статьи фигурирует формирование популяций Южной и Центральной Азии. В основе работы лежит анализ очень большого числа новых геномных данных от 532 древних индивидов, охватывающих 8 тысяч лет, большая часть их происходит из Южной и Центральной Азии, генетическая история которых до сих пор была слабо изучена.

Авторы ставят перед собой цель выяснить, в какой степени такие радикальные культурные изменения населения Южной и Центральной Азии как земледелие и скотоводство, а также распространение языков, были ассоциированы с миграциями населения. То есть, найти для этого региона ответ на ключевой вопрос – миграция людей или идей лежала в основе культурных изменений, который на сегодня практически решен для Западной Евразии.

Для этой задачи ученые секвенировали геномы 532 древних индивидов, а также улучшили качество ранее полученных геномных данных от 19 индивидов. Они разделили их на три группы: 182 образца представляли Иран и южную часть Центральной Азии, которую авторы называют Туран (Туркменистан, Узбекистан, Таджикистан, Афганистан и Киргизстан); 209 происходили из степной и лесной зон Казахстана и России; 132 представляли север Пакистана. В дальнейшем эти географические группы обозначаются как Иран/Туран, лес/степь и Южная Азия. По времени изученные древние индивиды группы Иран-Туран относятся к мезолиту, медному, бронзовому и железному веку (от 12000 лет до н.э.), в их числе индивиды Бактрийско-Маргианского археологического комплекса (ВМАС) бронзового века в Гонур-Депе на юго-востоке Туркмении. В группу «лес-степь» входят охотники-собиратели из Западной Сибири периода ранней керамики (6400-3900 до н.э.) и скотоводы медного и бронзового века из центральноазиатских степей, включая Казахстан (3400 – 800 до н.э.). В группу Южной Азии входят индивиды позднего бронзового и железного веков и исторических поселений с территории Пакистана (1200 до н.э. – 1700 н.э.). В анализе использовали также ранее опубликованные полногеномные данные от 686 древних и 1789 современных индивидов из 246 этногеографических групп в Южной Азии.

При построении графика главных компонент (РСА) авторы спроецировали геномные данные древних индивидов на геномные данные современных. В генетическом пространстве сформировались три кластера, соответствующие выделенным географическим группам: лес/степь, Иран/Туран и Южная Азия.



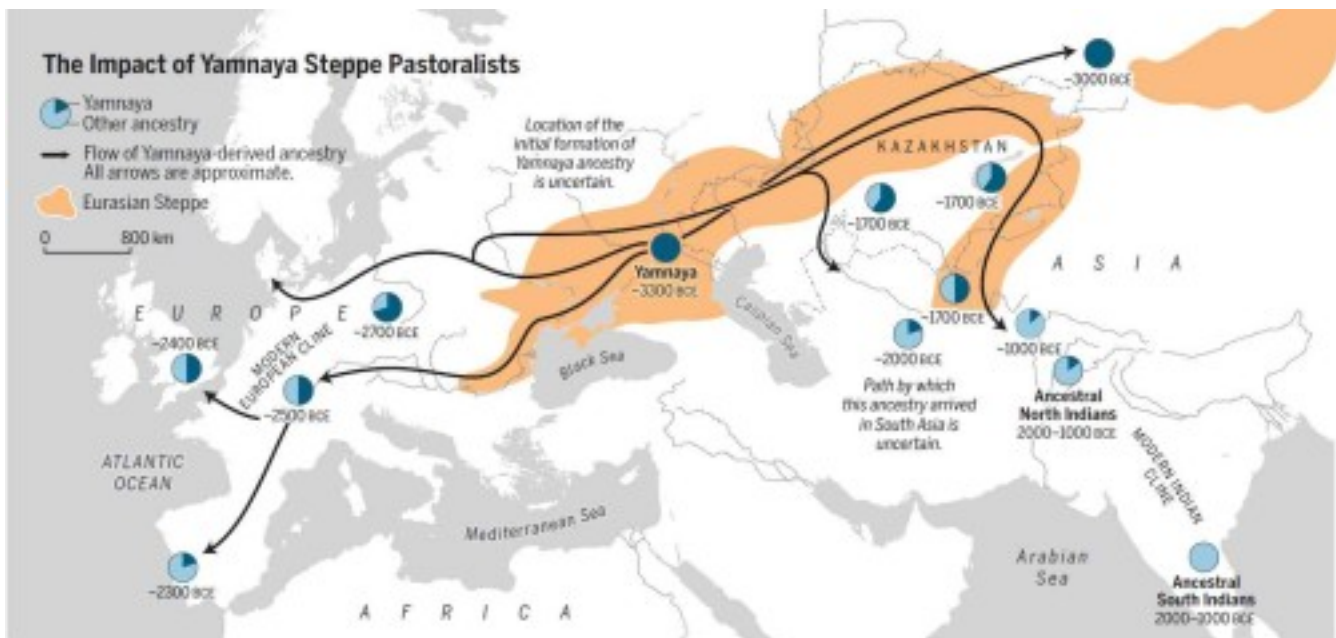
В. Географическое положение изученных древних индивидов. С. График анализа главных компонент. Разными цветами обозначены группы индивидов, размеры значков отражают их возраст (см. легенду).

Рассматривая популяции разных времен на территории Центральной и Южной Азии, исследователи моделируют их из смещения семи исходных популяций: анатолийские неолитические земледельцы, иранские неолитические земледельцы, западноевропейские охотники-собиратели, восточноевропейские охотники-собиратели, охотники-собиратели Западной Сибири, охотники-собиратели Восточной Сибири, охотники-собиратели Андаманских островов.

Генетический след этих исходных популяций обнаруживается в населении Евразии с определенным градиентом, иными словами, генетическое разнообразие населения подчиняется клинальной изменчивости. Этот генетический градиент формировался, начиная с неолита, и продолжил формироваться в бронзовом веке, авторы связывают его с распространением земледелия и скотоводства. Так, в более западных популяциях преобладал генетический вклад анатолийских земледельцев, а в более восточных – вклад иранских земледельцев.

Эта клина, по мнению авторов, продолжилась в оазисах пустынь Центральной Азии и стала основным источником формирования популяции Бактрийско-Маргианского археологического комплекса (ВМАС) на юго-востоке Туркмении. И в данном случае речь идет о распространении не земледелия, а скотоводства из нескольких центров одомашнивания животных.

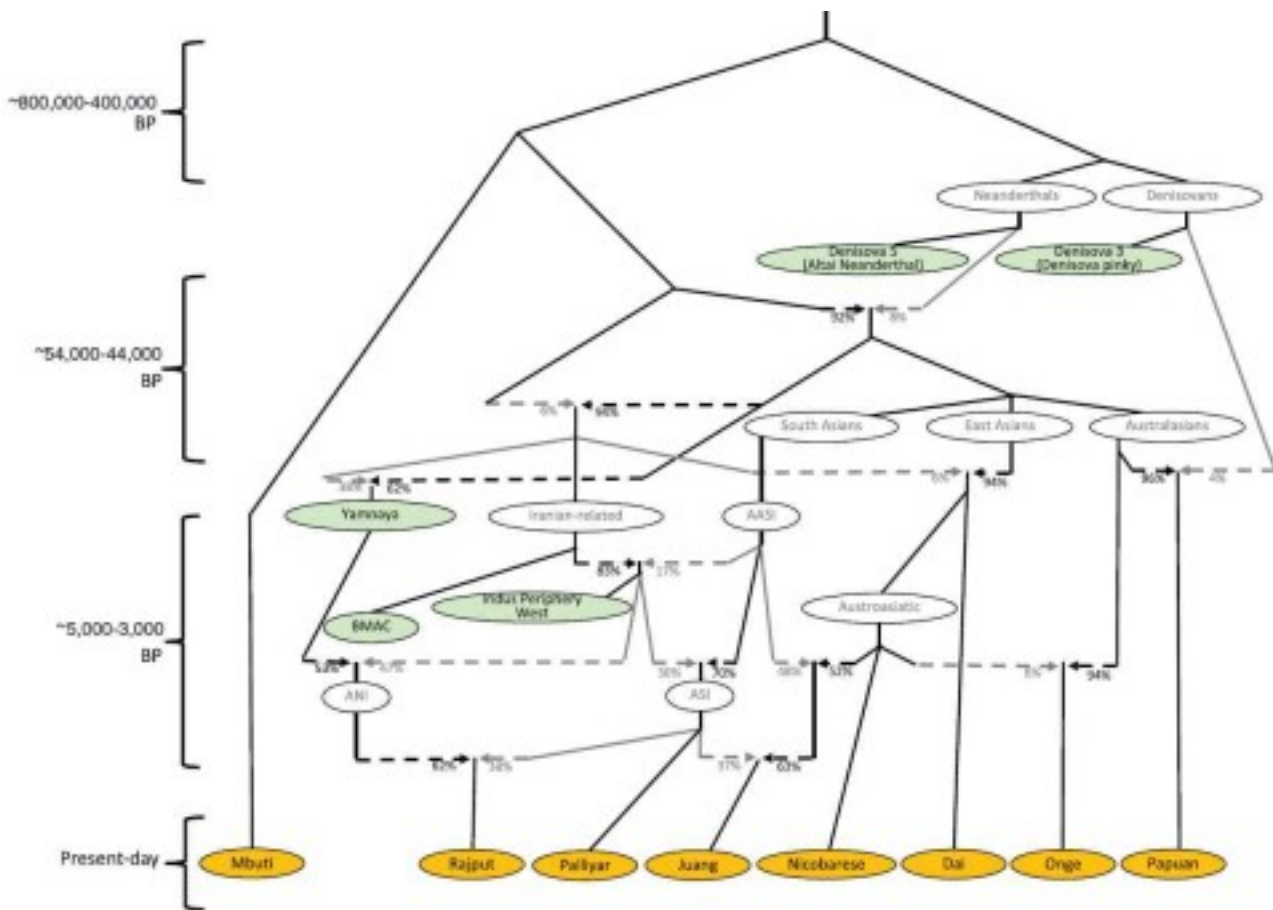
Важным результатом работы стало обнаружение в древних популяциях Центральной и Южной Азии генетического вклада кочевников-скотоводов причерноморско-каспийских степей, того самого, что связывают с носителями [ямной культуры](#) и который, [как было показано](#), в конце бронзового века радикально изменил генофонд Европы. Этот вклад авторы нашли у некоторых индивидов популяции Бактрийско-Маргианского археологического комплекса, лежащих вне основной группы (аутлайеров), хотя основная популяция ВМАС не несет степного генетического компонента.



Предлагаемое распространение мигрирующих групп степных скотоводов ямной культуры параллельно – в Европу и в Южную Азию. Круговые диаграммы-пироги отражают долю степного генетического компонента в каждом регионе. Для ANI и ASI древняя ДНК отсутствует, поэтому эта доля вычислена.

Используя данные древних геномов из долины Сват на территории Пакистана, исследователи показали, что степной генетический компонент затем распространяется дальше к югу, по-видимому в первой половине второго тысячелетия до н.э. Он имеется и у современного населения Южной Азии, причем его наиболее высокую долю в геноме (до 30%) ученые нашли у представителей высшей касты в Индии, духовных наставников [брахманов](#). Поскольку брахманы проводят богослужения на санскрите, древнем индоевропейском языке, авторы считают это доказательством того, что распространение степного генетического вклада сопровождалось распространением индоевропейских языков (ранее эта связь [доказывалась для Западной Евразии](#), хотя эта гипотеза [далеко не всем специалистам представляется убедительной](#)). Но, по мнению авторов статьи, новые данные говорят о сходстве в путях распространения индоиранских и балто-славянских языков.

Делается вывод, что популяции Южной Азии сформировались из смешения генофонда [Индской, или Харалпской, цивилизации](#) (существовавшей 5300-3300 лет назад на территории современных Пакистана, Индии и Афганистана) с двумя миграционными потоками. Смешение ее с северо-западными группами со степным генетическим компонентом сформировало популяцию «древних северных индийцев» (Ancestral North Indians, ANI), а смешение с юго-восточными группами сформировало популяцию «древних южных индийцев» (Ancestral South Indians, ASI). Эти группы, ANI и ASI, в разных сочетаниях, стали основой генетического разнообразия современного населения Южной Азии.



Реконструкция формирования популяций Южной Азии. Современные популяции показаны в желтых овалах (популяции Южной Азии и мбути как популяция сравнения); древние популяции с имеющимися образцами ДНК показаны в голубых овалах; древние популяции без образцов ДНК показаны в пустых овалах. Слева – хронологическая шкала.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Vagheesh M. Narasimhan et al. The formation of human populations in South and Central Asia // Science 365, eaat7487 (2019)

<https://science.sciencemag.org/content/365/6457/eaat7487>