

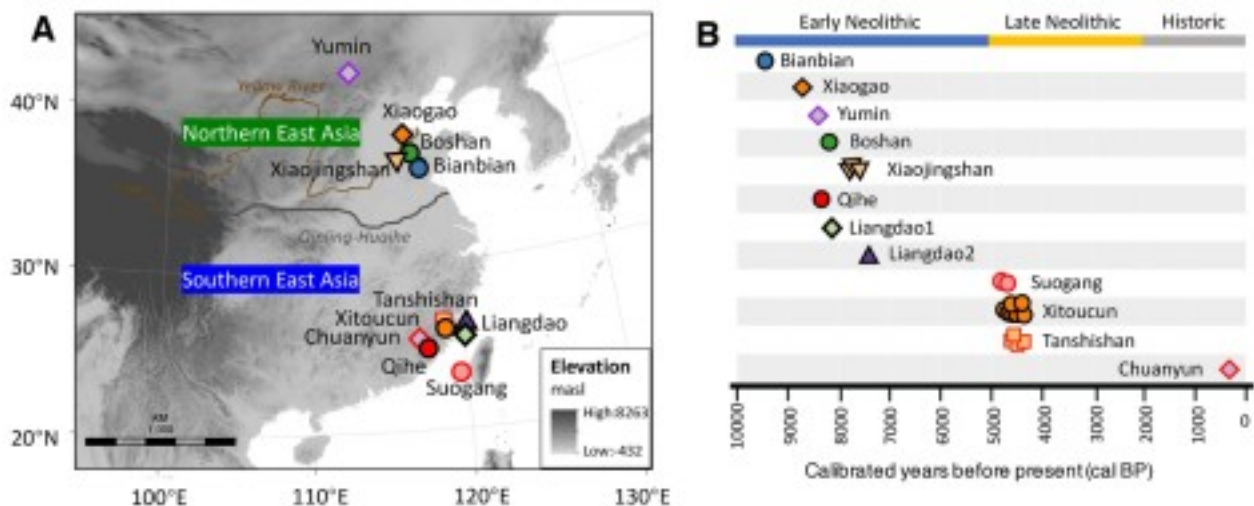
Палеогеномы о происхождении популяций Восточной Азии

Изучены геномные данные от 26 древних индивидов из северных и южных провинций Китая с датировками от 9500 до 300 лет назад. Отмечены генетические различия между севером и югом в раннем неолите, которые значительно сглажены в современных популяциях. Получены генетические обоснования протоавстронезийской гипотезы происхождения населения южного Китая. Показано, что миграционный путь вдоль тихоокеанского побережья играл важную роль в истории региона.

Исследование популяционной истории Восточной Азии по анализу древних геномов [опубликовано в журнале Science](#). В этой работе палеогенетики сосредоточились на поиске различий между севером и югом Восточной Азии, исходным материалом послужили геномные данные 26 древних индивидов из северных и южных регионов.

При изучении геномного разнообразия современных популяций Восточной Азии обнаруживается клина, направленная с севера на юг. Кроме того, высокий уровень генетического дрейфа говорит о том, что восточноазиатские популяции прошли через бутылочное горлышко, более узкое, чем в Европе. Судя по археологическим данным, население Восточной Азии в прошлом было более разнообразным, чем сегодня. Однако генетически это разнообразие до сих пор мало изучено, в том числе из-за нехватки образцов древней ДНК. Краниометрические исследования привели антропологов к гипотезе, что популяционная история Восточной Азии включает два слоя. Первый слой составляли донеолитические охотники-собиратели, второй слой – неолитические земледельцы, которые распространились с севера по всей территории и стали предками современного населения. Эту гипотезу палеогенетики собирались проверить по анализу древней ДНК.

Были собраны 26 образцов древней ДНК из северных и южных регионов. Северные регионы включали китайские провинции Внутренняя Монголия и Шаньдун, южные регионы – китайскую провинцию Фуцзянь и два острова Тайваня. По времени образцы древней ДНК охватывали период от 9500 до 300 лет назад.



Географическое расположение изученных древних образцов из северных и южных регионов и их положение на хронологической шкале.

Для секвенирования ядерной ДНК использовали технологию DNA capture, анализировали 1,2 млн SNP. Из 26 образцов 24 прошли фильтр качества и были секвенированы с покрытием от 0,01 до 7,6x. В анализе использовали геномные данные по современным популяциям Восточной Азии, а также по неолитическим образцам из Сибири, Тибета, Юго-Восточной Азии и островов западной части Тихого океана.

График анализа главных компонент показал, что неолитические индивиды Восточной Азии генетически более сходны с неолитическими индивидами Сибири, Тибета и тихоокеанских островов, чем с «ранними азиатами», представителем которых

служит Тяньюань (Китай) возрастом 40 тыс. лет назад. Неолитические индивиды оказались также генетически ближе к современному населению Восточной Азии.

В пространстве главных компонент изученные древние образцы разделились по географическому принципу. Неолитические южные образцы сгруппировались и оказались близко к современным жителям юга Восточной Азии. Неолитические северные образцы также сгруппировались и оказались близко к современным жителям севера Восточной Азии. Это говорит о том, что популяционная структура, разделяющая север и юг, возникла еще в раннем неолите. Кроме того, неолитические северные образцы продемонстрировали признаки родственного происхождения с неолитическими популяциями Сибири, Тибета и Приморья, а неолитические южные образцы обнаружили генетическую близость к австронезийскому населению тихоокеанских островов.

На графике изученные в данной работе древние геномы (крупные значки) можно сравнить с ранее опубликованными древними геномами из Восточной Азии (мелкие значки). Видно, что образцы из северных популяций (northern East Asians) генетически близки к палеосибирскому образцу Колыма (9800 лет назад) и неолитическим образцам, которые авторы относят к Сибири (группа 5 на рисунке), включая в нее Приморье (Чертовы ворота, Локомотив, Шаманка и Усть-Белая).

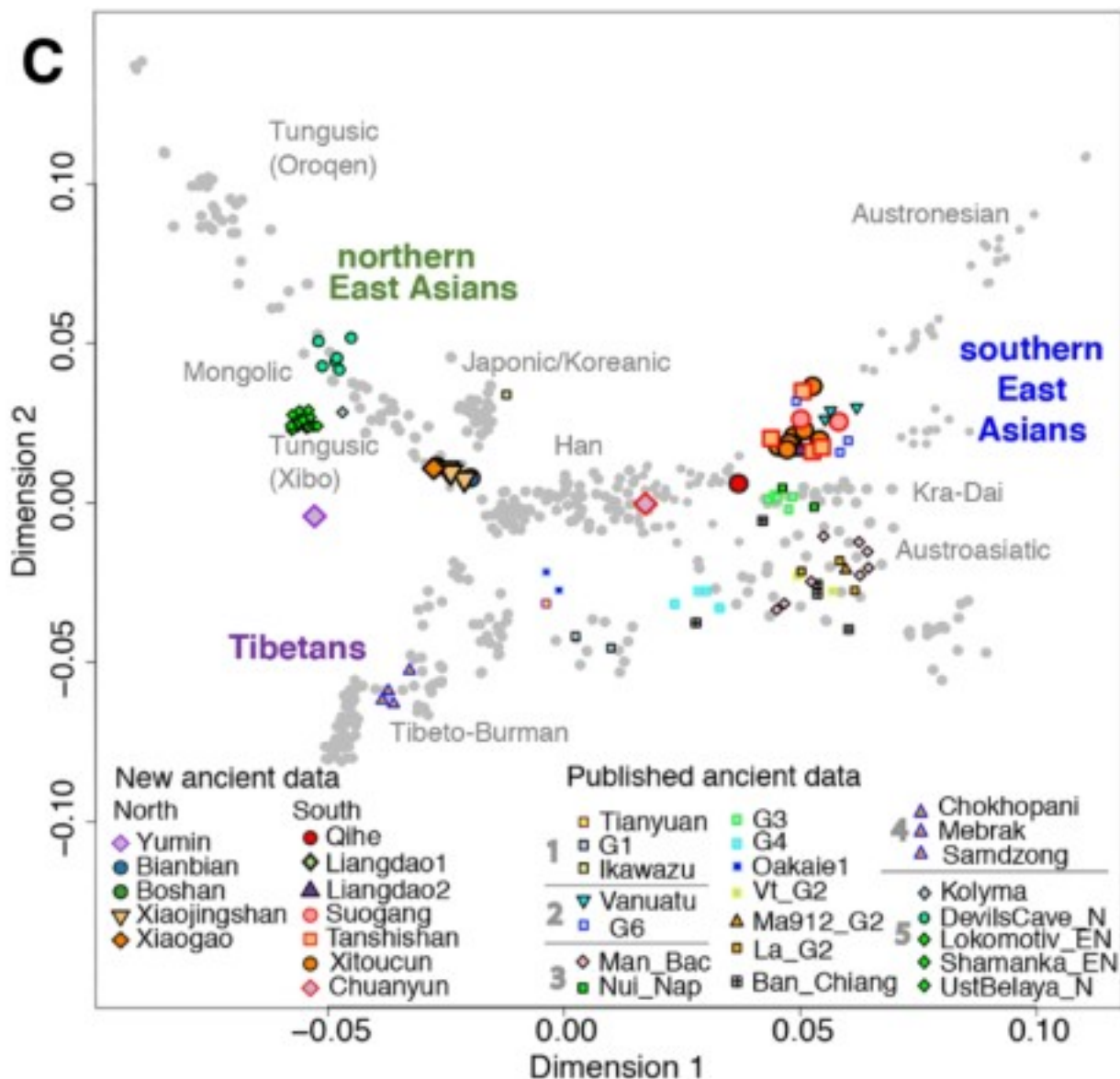
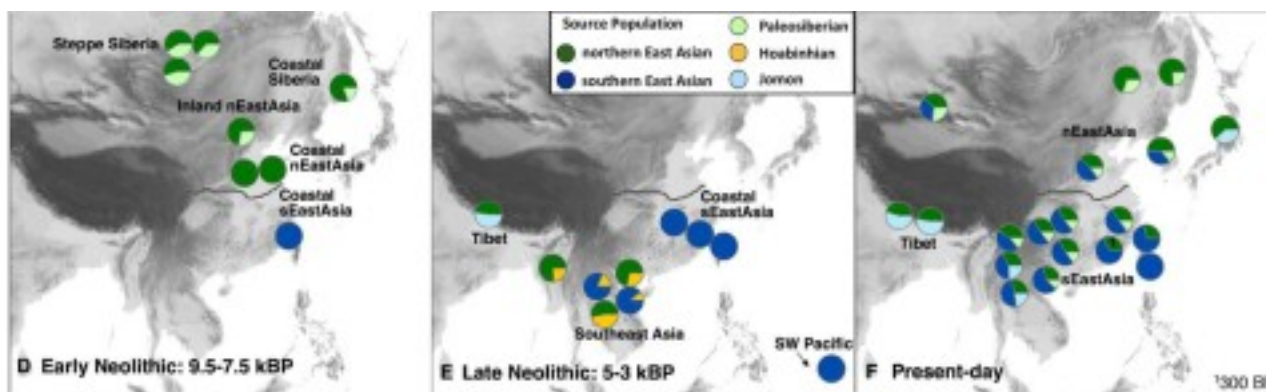


График анализа главных компонент, проекция геномных данных древних образцов на данные современных популяций Восточной Азии. Образцы, изученные в данной работе, показаны крупными значками, ранее опубликованные данные – мелкими значками, современные популяции – теньевыми точками.

Генетические данные подтверждают «двуслойную» гипотезу формирования популяций Восточной Азии. Они говорят о том,

что второй слой – неолитический – представлял собой генетический компонент северного восточноазиатского происхождения, который распространялся на весь регион.

Современные популяции Восточной Азии с северных и южных регионов генетически более гомогенны, чем неолитические. Анализ показал, что основной фактор, способствующий сглаживанию генетических различий между севером и югом, это увеличение доли северных компонентов в южных восточноазиатских популяциях. В то же время южный компонент распространился к северу. На популяции Восточной Азии позднего времени значительно повлиял также сибирский генетический компонент.



Доли разных предковых компонентах в геномах популяций раннего неолита, позднего неолита и современных: северный восточноазиатский компонент (зеленый), южный восточноазиатский компонент (синий), палеосибирский (бледно-зеленый), Хоа-Бинь (оранжевый), дзёмон (голубой).

В исследовании получила обоснование гипотеза о протоавстронезийском происхождении населения южного Китая. Популяции, говорящие на австронезийских языках, расселены от Тайваня до островов запада Тихого океана и Мадагаскара. Эта гипотеза опирается на археологические данные, а также на исследования митохондриальной ДНК современного населения (в популяциях южного Китая и австронезийских имеется общая гаплогруппа E1). На графике главных компонент, построенном по анализу палеоДНК, неолитические южные восточноазиатские популяции генетически тяготеют к современным австронезийским популяциям. Эта связь подтверждается также методом f_4 статистики.

Отсутствие генетической изоляции между популяциями наблюдается на всем протяжении тихоокеанского побережья. В том числе в работе показано, что индивиды японской культуры дзёмон демонстрируют генетическую близость к некоторым прибрежным неолитическим популяциям Сибири (имеются в виду индивиды из пещеры Чертовы ворота в Приморье), а также к некоторым прибрежным южным восточноазиатским популяциям. Это показывает, что прибрежные регионы были, скорее, зонами генетического взаимодействия, чем генетической изоляции. Генетическая близость между популяциями вдоль восточного побережья Азии, которая не наблюдается в большинстве внутриматериковых популяций, позволяет предположить, что взаимодействие вдоль прибрежного пути играло важную роль в истории этого региона.

С увеличением числа палеолитических образцов ДНК авторы ожидают дальнейшего уточнения взаимоотношений между палеолитическими охотниками-собираателями, неолитическими земледельцами и современными популяциями Восточной Азии.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Yang M., Fan X., Sun B., Chen Ch., Lang J., Ko Y-Ch., Tsang Ch., Chiu H., Wang T., Bao Q., Wu X., Hajdinjak M., Ko A., Ding M., Cao P., Yang R., Liu F., Nickel B., Da Q.i, Feng X., Zhang L., Sun Ch., Ning Ch., Zeng W., Zhao Y., Zhang M., Gao X., Cui Y., Reich D., Stoneking M., Fu Q. Ancient DNA indicates human population shifts and admixture in northern and southern China // Science. 14 May 2020: eaba0909 DOI: 10.1126/science.aba0909

<https://science.sciencemag.org/content/early/2020/05/14/science.aba0909>

