Жители отдаленных друг от друга регионов Северной Азии в голоцене обменивались генами

Палеогенетики описали ранее не изученный генофонд алтайских охотников-собирателей, обнаружили генетические связи Алтая с Дальним Востоком, а Дальнего Востока — с Японским архипелагом. Также они нашли свидетельства обратного генетического потока из Северной Америки в Северо-Восточную Сибирь и на Камчатку.

Опубликовано на PCR. news

Северная Азия — очень важный для палеогенетических исследований регион, поскольку она связывает Евразию и Америку. Отсюда не позднее 23 тысяч лет назад, люди мигрировали на североамериканский континент через Берингийский перешеек — существовавший в то время сухопутный мост. Вместе с тем популяционная история Северной Азии остается малоизученной. Новые данные по древним геномам с Алтая, Дальнего Востока и Камчатки были получены в работе коллектива палеогенетиков из Института эволюционной антропологии Общества Макса Планка в Лейпциге, Университета Тюбингена и других организаций с участием российских археологов и антропологов из Барнаула, Новосибирска, Владивостока, Санкт-Петербурга и Москвы

Авторы статьи в журнале *Current Biology* изучили геномы 10 индивидов — шести охотников-собирателей с Алтая, возрастом от 7500 до 5500 лет, охотника-собирателя с Дальнего Востока из пещеры Летучая мышь, возрастом 7000 лет и трех индивидов с Камчатки возрастом около 500 лет. В спектре гаплогрупп их митохондриальной ДНК преобладали C и G1, доминирующие в арктической Сибири и на Камчатке, а Y-хромосомы принадлежали к гаплогруппам Q1a1 или C2b, которые часты в современной Северо-Восточной Евразии.

Ученые построили график анализа главных компонент по современным популяциям Евразии и Северной Америки, и поместили на него ранее изученные древние геномы. На графике они увидели четко выраженную клинальную изменчивость генофондов евразийских популяций с запада на восток. Геномы пяти алтайских охотников-собирателей попали в середину этой западно-восточной евразийской клины, а один расположился особняком, ближе к ее восточному краю. Происхождение древних индивидов моделировали при помощи метода qpAdm, который указал на смешение двух источников. Первый — генетический компонент, названный «древним североевразийским» (ANE), который представлен людьми с верхнепалеолитических стоянок Афонтова гора на Алтае (17 тысяч лет назад) и Мальта близ озера Байкал (24 тысячи лет). Второй — палеосибирский генетический компонент, его представляют геномы людей из Усть-Кяхты близ Байкала (14 тысяч лет) и с Колымы (9 тысяч лет). Из их смешения возник ранее не описанный генофонд алтайских охотников-собирателей, формирование которого, по оценкам авторов, началось 11 тысяч лет назад.

«Мы описали ранее не известную популяцию охотников-собирателей, жившую на Алтае начиная с 7500 лет назад, как смешение между двумя разными группами, обитавшими в Сибири во время последнего оледенения, — сказал Козимо Пост из Университета Тюбингена, один из ведущих авторов статьи. — В дальнейшем она внесла вклад во многие современные ей и последующие популяции по Северной Азии».

Так, генетический след алтайских охотников-собирателей авторы нашли на Байкале – в популяциях неолита и бронзового века, в населении центральноевразийских степей (афанасьевская и окуневская археологические культуры бронзового века), в популяциях бронзового века Таримской и Джунгарской котловин на территории Китая.

Ученых особенно заинтересовал шестой человек с Алтая, возрастом 6500 лет, который на графике уклонился от основной группы к востоку. Он был найден в в Нижнетыткескенской пещере, причем захоронение сопровождалось богатой атрибутикой, относившейся к религиозной и культурной практике шаманизма. Моделирование показало, что в геноме этого индивида почти половину (47%) занимает древний компонент Северо-Восточной Азии (ANA), ранее найденный в древних образцах с Дальнего Востока, например, у охотников-собирателей из пещеры Чертовы ворота в Приморье. Так что алтайский генетический уклонист указывает на связи Алтая с Дальним Востоком. «Пока неясно, попал ли он на Алтай в одиночку или популяция, к которой он принадлежал, тоже обитала поблизости, — отметила первый автор работы Ке Ван из Университета Фудана (Китай). — Но примечательно, что убранство его могилы выделяется из местного археологического контекста, что говорит о генетическом и культурном разнообразии алтайского региона».

Еще один человек, из дальневосточной пещеры Летучая мышь, возрастом 7000 лет, продемонстрировал генетическое сходство с ранее изученными древними людьми Дальнего Востока, например, из приморской пещеры Чертовы Ворота, в нем

также высока доля компонента ANA. А при моделировании происхождения методом qpAdm выяснилось, что почти треть его генома приходится на компонент японских охотников-собирателей культуры Дзёмон. Это указывает на связь между Японским архипелагом и Дальним Востоком.

Наконец, генетики изучили трех индивидов с Камчатки, возрастом около 500 лет. При моделировании оказалось, что в их геномах от 6,9% до 10,8% занимает генетический компонент коренных жителей Америки. При сравнении их с геномами современных жителей Камчатки авторы нашли, что коряки, ительмены и чукчи имеют дополнительный американский генетический компонент по сравнению с изученными древними людьми. Это указывает на обратный генетический поток от Северной Америки в северо-восточную Сибирь и на Камчатку через Берингию, причем, судя по датировкам, он происходил или непрерывно, или повторяющимися волнами в течение пяти тысяч лет.

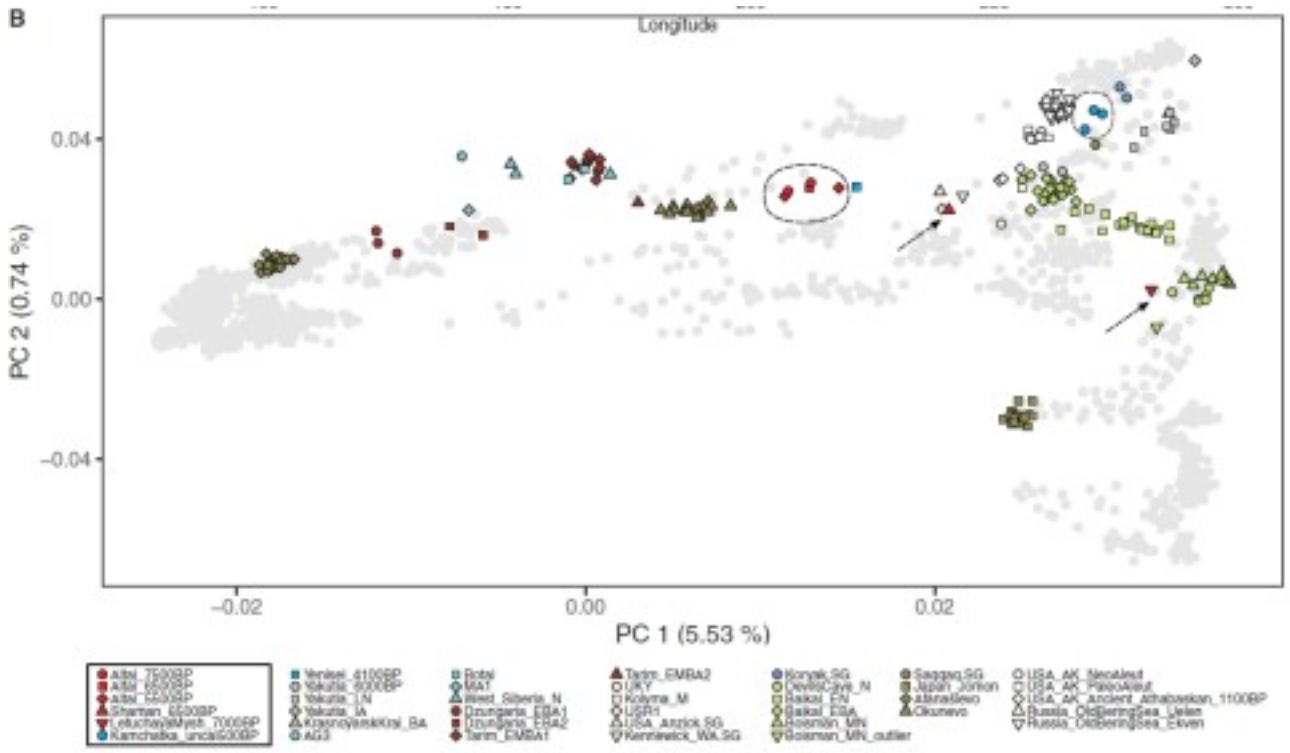
текст Надежды Маркиной

Источник:

Ke Wang et al. Middle Holocene Siberian genomes reveal highly connected gene pools throughout North Asia // Current Biology. 2023. 33, 1–11. DOI: 10.1016/j.cub.2022.11.062

Цитаты по пресс-релизу

Дополнения:



Анализ главных компонент. Древние геномы показаны цветными значками; современные геномы — теневыми точками (Ke Wang et al., 2023).

Распределение компонента ANA (зеленый цвет) в древних геномах; алтайский компонент показан красным цветом, якутский компонент — серым, японский компонент Дзёмон — оранжевым (Ke Wang et al., 2023).