Генофонд неолитических охотников-собирателей Алтая – как он возник и где оставил след

Анализ 10 геномов древнего населения Алтая, Дальнего Востока и Камчатки выявил ранее не описанный генофонд неолитических алтайских охотников-собирателей (7500-5500 лет назад). Этот генофонд сформировался из смешения древнего североевразийского (ANE) и палеосибирского генетических компонентов, примерно 11 тысяч лет назад. Впоследствии генетический компонент алтайских охотников-собирателей внес вклад в популяции бронзового века Северной и Внутренней Азии, таких как охотники-собиратели Байкала, скотоводы окуневской культуры и популяции Таримской котловины. Показано, что древний компонент Северо-Восточной Азии (ANA) распространялся к западу на 1500 км дальше, чем считали ранее. На Дальнем Востоке обнаружен генетический след связи с популяцией Японских островов культуры Дзёмон, от 7000 лет назад. Наконец, данные указывают на обратный генетический поток из Северной Америки, в течение пяти тысячелетий достигавший Камчатки и Центральной Сибири.

Северная Азия, если включать в нее Северо-Восточную Сибирь и Дальний Восток, — регион, чрезвычайно интересный в истории заселения планеты, в том числе потому что именно отсюда, через Берингию, люди перешли в Северную Америку. Вместе с тем, популяционная история Северной Азии изучена недостаточно. Есть отдельные находки людей верхнего палеолита, в том числе на стоянке Афонтова гора (AG2 и AG3) на Енисее, с датировкой около 17 тыс. лет назад. В геномах этих людей прослеживается генетический компонент, названный древним североевразийским (ANE), широко распространенный по Евразии верхнего палеолита, впервые он был найден у индивида со стоянки Мальта (MA1) близ озера Байкал, с датировкой 24 тыс. лет назад. В то же время, на Дальнем Востоке неолитические охотники-собиратели из пещеры Чертовы ворота в Приморье (DevilsCave_N) несли генетический компонент древней Северо-Восточной Азии (ANA), он найден также близ Байкала и в Центральной Монголии. Третий древний генетически й компонент, который выделяют специалисты в этом регионе, носит название палеосибирского, его нашли у индивидов из Усть-Кяхты (UKY) близ Байкала, возрастом 14 тыс. лет, и с Колымы (Kolyma_M), 9 тыс. лет.

До сих пор было непонятно, как эти генетически е компоненты сохранялись и перемешивались в более позднем населении региона – неолита и бронзового века, в частности, в населении Алтая, и как они передались с мигрантами в коренное население Северной Америки.

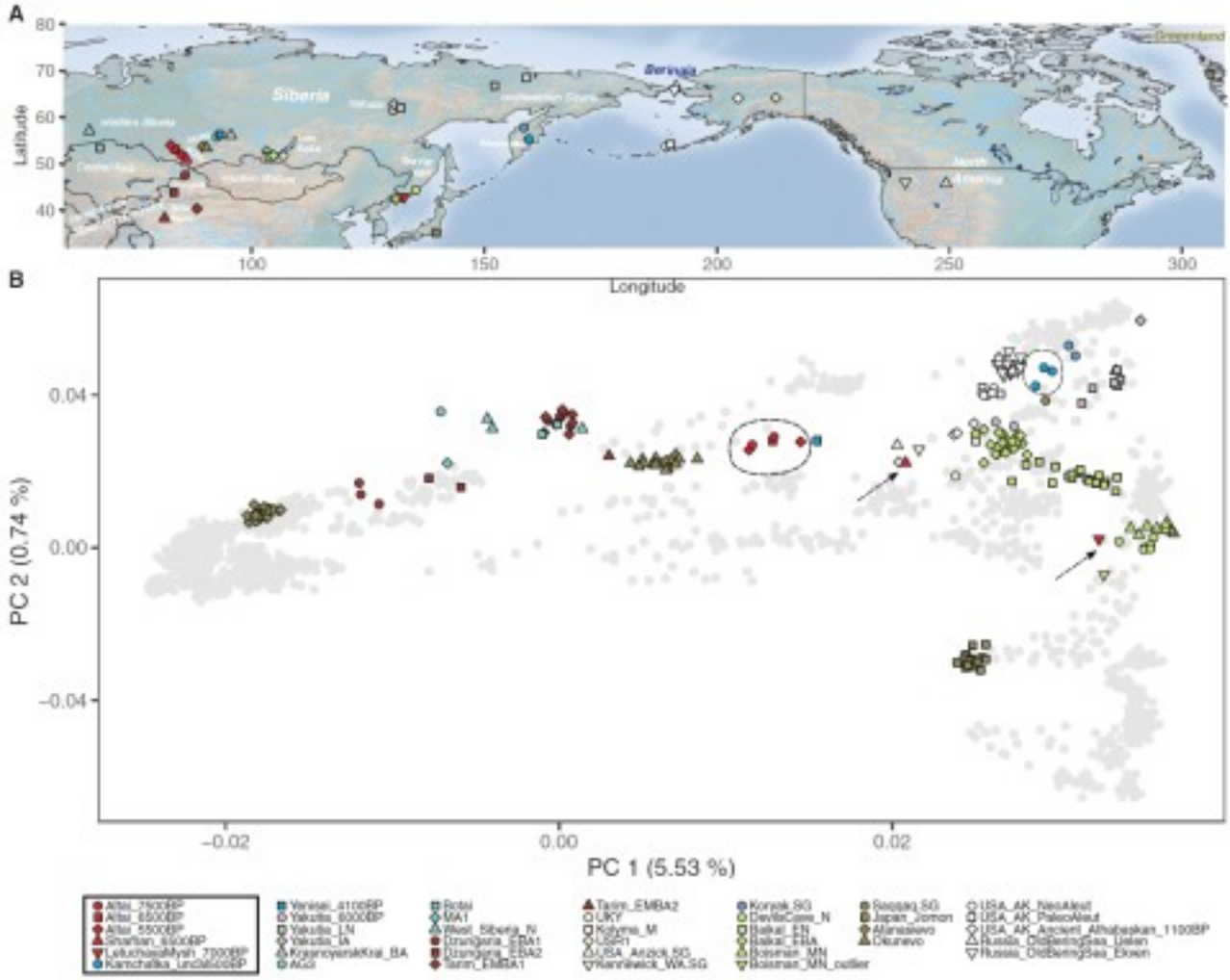
В новом исследовании, результаты которого опубликованы в журнале, Current Biology, представлены древние геномы с Алтая, Дальнего Востока и Камчатки. Эта работа проведена коллективом палеогенетиков из Института эволюционной антропологии Общества Макса Планка в Лейпциге, Университета Тюбингена и других организаций с участием российских археологов и антропологов из Барнаула, Новосибирска, Владивостока, Санкт-Петербурга и Москвы.

Среди 10 изученных древних индивидов – шесть охотников-собирателей с Алтая, возрастом от 7500 до 5500 лет, из них примечателен один, 6500 лет, из пещеры Нижнетыткескенской; его захоронение сопровождалось богатой атрибутикой, относившейся к религиозной и культурной практике шаманизма. Кроме того изучены охотник собиратель с Дальнего Востока из пещеры Летучая мышь, возрастом 7000 лет и три индивида с Камчатки возрастом около 500 лет.

В спектре гаплогрупп их митохондриальной ДНК преобладали C и G1b, доминирующие в арктической Сибири и на Камчатке, а Y-хромосомы принадлежали к гаплогруппам Q1a1 или C2b, которые часты в современной Северо-Восточной Евразии.

Их полногеномные данные вместе с ранее опубликованными древними геномами поместили на график анализа главных компонент, полученный по современным популяциям Евразии и Северной Америки. Авторы отмечают, что на графике PCA евразийские геномы образуют четко выраженную клинальную изменчивость с запада на восток. Правый (восточный) ее край образован популяциями с высокой долей генетического компонента ANA, а левый (западный) край – популяциями с компонентом восточноевропейских охотников-собирателей (EHG).

Алтайские охотники-собиратели на графике PCA попадают в середину этой западно-восточной евразийской клины, а один (Shaman _6500BP) расположился отдельно, ближе к восточному краю. Пять из шести образцов образуют отельный алтайский кластер, и этот генофонд не был описан ранее. Вместе с тем на Алтае уже прослеживался степной генетический компонент, появившийся около 5000 лет назад и связанный с распространением афанасьевской культуры, этот компонент, вероятно, преобладает в более западных алтайских образцах. С другой стороны, охотники-собиратели с Байкала (Baikal_EN) и алтайский индивид из Нижнетыткескенской пещеры (Shaman _6500BP) более тяготеют к востоку.

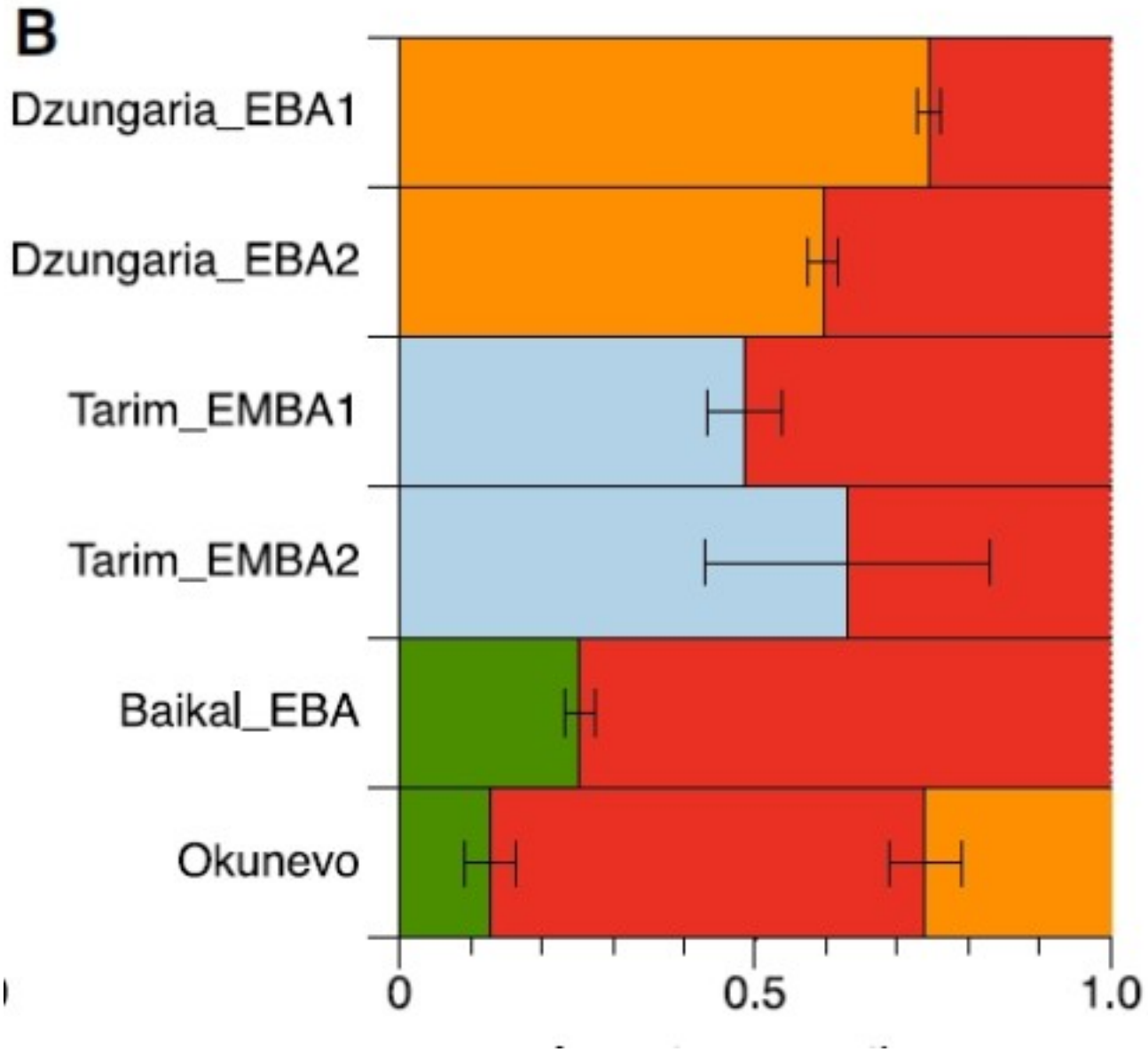


А. Расположение на карте изученных в работе и ранее опубликованных древних образцов. В. График анализа главных компонент. Древние образцы обозначены цветными значками (см легенду), геномы современных популяций – серыми точками (Wang et al., 2023).

Анализ f3 статистики показал генетическую однородность кластера алтайских охотников-собирателей во времени, их сходство с образцом Yenisei_4700BP, а также то, что они имеют значительную долю компонента ANE. Происхождение алтайских охотников-собирателей моделировали с использованием метода *qpAdm*. Метод указал на смешение генетических компонентов ANE и палеосибирского, который присутствует в древних образцах из Усть-Кяхты, Колымы, Якутии, а также в древних образцах из Северной Америки (Anzick 1, 13000 лет; Kennewick, 8000 лет). Палеосибирский компонент составляет от 53,7% до 66,3%, компонент ANE – от 33,7% до 46,3%. Время смешения между этими источниками авторы оценили от 11 000 до 7 400 лет назад, вероятно, именно тогда сформировался генофонд алтайских охотников-собирателей.

Далее, авторы проследили генетический вклад алтайских охотников-собирателей в генофонды окружающих популяций, живших одновременно с ними и в последующие времена. Они нашли их след в популяциях байкальского неолита и ранней бронзы (Baikal_EN и Baikal_EBA). Новые данные также проливают свет на происхождение более поздних популяций центральноевразийских степей, пишут авторы. Окуневская культура бронзового века в Минусинском бассейне, последующая за афанасьевской культурой, отмечена Y-хромосомной гаплогруппой Q, которая имеется у алтайских охотников-собирателей. Генофонд окуневской культуры авторы моделировали из смешения генофонда алтайских охотников-собирателей (основной компонент) с компонентами ботайской культуры (Центральный Казахстан) и байкальской ранней бронзы. В пределах самого Алтая нашли, что компонент алтайских охотников-собирателей присутствует в более поздних группах средней-поздней бронзы (Altai_MLBA).

Алтайский регион представляет собой географический коридор, соединяющий Минусинскую котловину и Джунгарскую и Таримскую котловины на территории Китая. Новые данные показали, что компонент алтайских охотников-собирателей входит в качестве одного источника в генофонды Джунгарской ранней бронзы (Dzungaria_EBA1) и Таримской ранней бронзы (Tarim_EMBA) в комбинации с генетическим компонентом афанасьевской культуры и AG3 (Афонтова гора).



Моделирование генетических профилей популяций бронзового века Таримской котловины, озера Байкал и окуневской культуры. Компоненты: оранжевый – афанасьевская культура; красный – алтайские охотники-собиратели; голубой – Афонтова гора (AG3); зеленый – байкальский ранний неолит (Baikal_EN) (Wang et al., 2023).

Авторы показали, что геномы алтайских охотников-собирателей отличались высокой долей гомозиготных сегментов, что говорит о малом эффективном размере популяции, но не до степени бутылочного горлышка, как случилось с популяцией Таримской ранней бронзы.

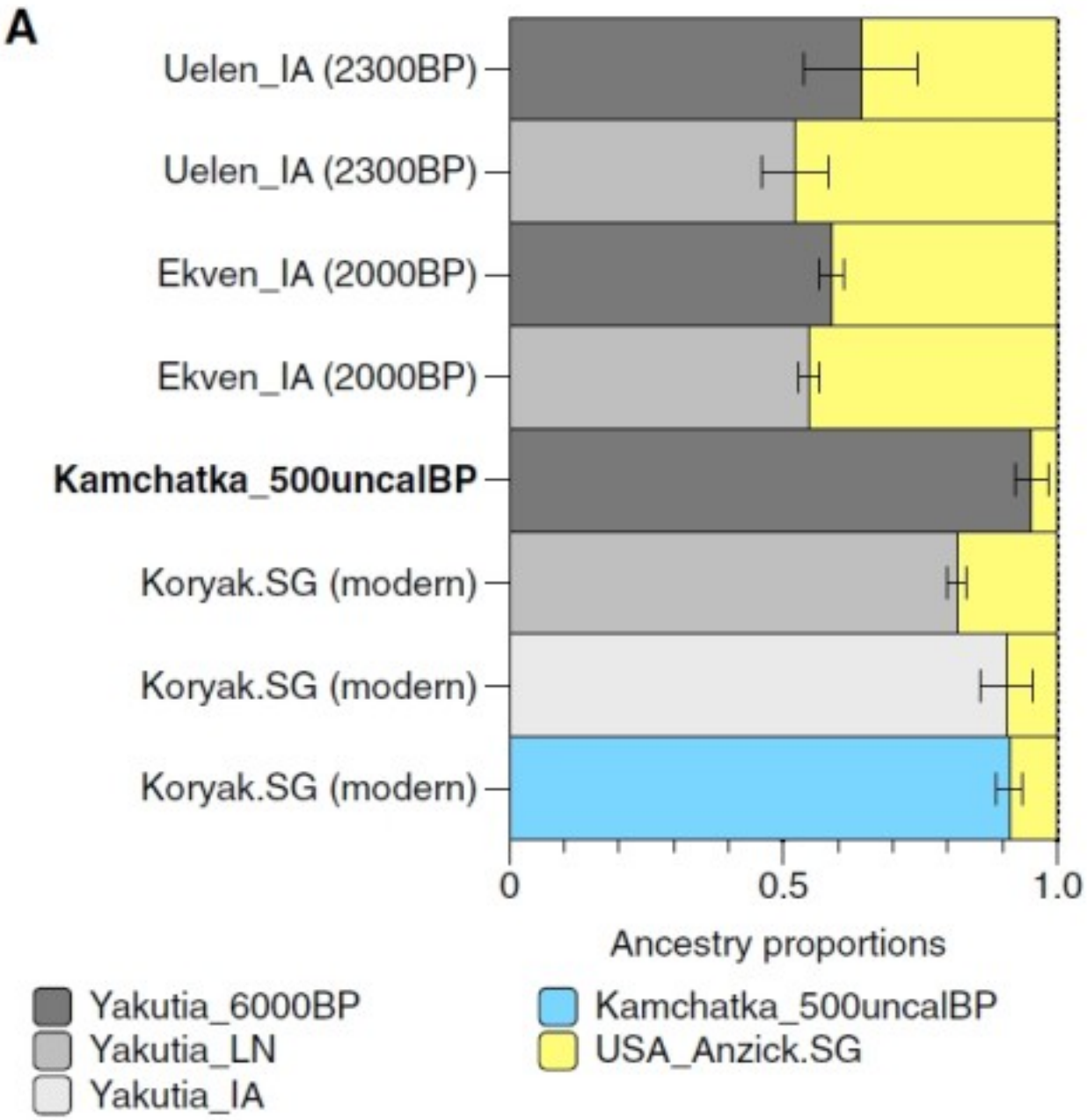
Исследователей очень заинтересовал шестой индивид с Алтая, возрастом 6500 лет, из Нижнетыткескенской пещеры (Shaman_6500BP), который графике PCA уклонился от основного алтайского кластера к востоку. Авторы отмечают, что убранство его могилы выделяется из местного археологического контекста, что говорит о генетическом и культурном разнообразии алтайского региона. Как показало моделирование, у него высокая доля компонента ANA (по разным расчетам от 37,4% до 47,7%). До сих пор самыми западными проявлениями этого компонента были древние образцы из региона Байкала и Центральной Монголии, теперь же показано, что он распространялся и до Алтая.

В число изученных в работе входил геном древнего индивида возрастом 7000 лет с Дальнего Востока, из пещеры Летучая мышь. Он продемонстрировал наибольшее сходство с ранее изученными дальневосточными образцами – из пещеры Чертовы ворота, 6700 лет, и Бойсман (Boisman_MN), 6300 лет. Индивид из Летучей мыши оказался также генетически близок популяции японских охотников-собирателей культуры Дзёмон (этот компонент составил около трети генома). Этот факт указывает на связи Японского архипелага с Дальним Востоком, которые существовали еще 7000 лет назад.

Распределение ANA (зеленый цвет) и других генетических компонентов по Северной Азии. Компоненты Дзёмон (оранжевый), алтайских охотников-собирателей (красный), якутский, Yakutia_6000BP (серый) (Wang et al., 2023).

Исследователи получили также геномные данные от трех индивидов с Камчатки возрастом около 500 лет. Анализ f3 статистики показал, что эта группа генетически близка к современным камчатским популяциям (таким как коряки и ительмены), а также к древнему индивиду с Колымы и Saqqaqиз Гренландии (4000 лет). Анализируя группу Kamchatka_500uncalBP вместе с древними популяциями из Якутии, сибирского побережья Берингова моря и Saqqaq, авторы проследили популяционную динамику в Северо-Восточной Сибири и Берингии.

По их данным, популяции севера Сибири претерпели заметные генетические изменения в период между 6000 и 2000 лет назад. Эти изменения в Якутии привели к увеличению на 50% доли компонента ANA в геномах, а затем – к увеличению доли компонента Северо-Восточной Сибири (максимального у нганасан). Кроме того демографическая история Северо-Восточной Сибири включала обратный генетический поток из Северной Америки через Берингийский пролив. Так, в популяциях берингийского побережья 2000 лет назад (поселения Уэлен и Эквен) североамериканский вклад составил до 50% в геноме. Камчатские геномы Kamchatka_500uncalBP моделируются из двух источников – смешением якутского генетического компонента (Yakutia_6000BP) с компонентом североамериканских индейцев. Эта группа внесла вклад в современное население Камчатки. При этом, по сравнению с древним образцом из Якутии (Yakutia_6000BP), коряки несут дополнительные 10-17% компонента североамериканских индейцев, ительмены и чукчи – от 5% до 20%. Время обратного генетического потока из Северной Америки авторы оценили в промежутке между 5500 и 4400 лет назад для древних популяций и 1500 лет назад для современных коряков.



Моделирование популяций берингийского побережья (поселения Уэлен и Эквен) и Камчатки. Серый цвет трех оттенков обозначает якутский генетический компонент разных периодов; голубой цвет – компонент Камчатки 500 лет назад; желтый – компонент североамериканских индейцев (Anzick.SG) (Wang et al., 2023).

Итак, ранее не описанный генофонд алтайских охотников-собирателей сформировался из смешения генетических компонентов ANE и палеосибирского примерно 11 тысяч лет назад. Он внес заметный вклад в генофонд последующих популяций региона Байкала, Таримской и Джунгарской котловин, а также в генофонд окуневской культуры ранней бронзы на Алтае. Кроме того, оказалось, что генетический компонент ANA распространялся к западу на 1500 км дальше, чем считали ранее, как показал алтайский индивид из Нижнетыткескенской пещеры. Этот генетический уклонист указывает на ранее неизвестные связи Алтая с дальним Востоком. В свою очередь, подтверждена генетическая связь популяций Дальнего Востока с охотниками собирателями культуры Дзёмон с Японских островов. В целом, полученные данные демонстрируют, что охотники-собиратели еще в раннем голоцене были вовлечены в сложные миграционные процессы по всей Северной Азии, а обратный генетический поток из Северной Америки, вероятно, продолжался в течение пяти тысячелетий.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Ke Wang, He Yu, Rita Radzevic_iu_te_ , …, Choongwon Jeong, Johannes Krause, Cosimo Posth. Middle Holocene Siberian genomes reveal highly connected gene pools throughout North Asia // Current Biology, 2023, 33, 1–11

https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.062