

Расселение людей по Америке: новые данные от древних геномов

Одновременно вышли две статьи от коллективов палеогенетиков Эске Виллерслева и Дэвида Райха (журналы *Science* и *Cell*) с данными по секвенированию в общей сложности 64 новых древних геномов из Северной и Южной Америки. Открыты не известные ранее миграционные пути, связывающие два американских континента, в том числе показано, что распространение людей — носителей культуры Кловис, не ограничивалось Северной Америкой, а продолжилось в Южную Америку. Генетическая история Америки предстает как результат нескольких миграционных потоков, разветвляющихся по разным регионам, с эпизодами смешения и замещения популяций.

Исследуя все большее число древних геномов, палеогенетики продвигаются вперед в реконструкции картины заселения Америки. Причем если раньше основные интересующие ученых вопросы касались миграции людей из Сибири через Берингию и маршрутов их продвижения по Северной Америке, то теперь акцент в исследованиях перенесен на их расселение по обоим американским континентам. Этому посвящены две статьи коллективов под руководством мировых лидеров (и конкурентов) в области палеогенетики — Эске Виллерслева (Копенгагенский университет, Дания), [опубликованная в журнале Science](#), и Дэвида Райха (Медицинская школа Гарварда, США), [опубликованная в журнале Cell](#).

В общей сложности в двух этих работах представлены 64 новых секвенированных древних генома, собранных в Северной и Южной Америке, от Аляски до Чили, охватывающих временной период в 10 тысяч лет. Таким образом, число изученных американских древних геномов радикально увеличилось (до сих пор было секвенировано только 6 геномов старше 6 тысяч лет).

Работа группы Виллерслева (статья в *Science*)

В работе [Виллерслева и его коллег](#) секвенированы 15 древних геномов из костных останков, найденных на Аляске, в Британской Колумбии (Канада), в Неваде, в Бразилии, Чили и Аргентине, возраст останков составлял от 10700 до 500 лет.

Секвенированный геном с Аляски (возраст 9 тыс. лет) был родственен ранее прочитанному аляскинскому геному; авторы отнесли их в популяции «древних берингийцев», которая оставалась в Берингии, в то время как еще 17,5 – 14,6 тыс. лет назад от нее отделились две ветви: северных и южных коренных американцев (NNA и SNA). Северная ветвь пошла на восток Канады, а южная ветвь довольно быстро продвигалась на юг Северной Америки, а затем и в Южную Америку.

Секвенированные геномы из пещеры Spirit Cave (Невада) оказались генетически близки к ранее прочитанному Анзик-1 (12 700 лет), которого связывают с культуры Кловис. В то же время, индивиды из Spirit Cave были носителями другой традиции изготовления орудий (западная культура черешковых наконечников). Ранее считали, что популяции культуры Кловис и западных черешковых наконечников, живущие по разные стороны Скалистых гор, генетически различны, теперь же найдена связь между ними. Это доказывает, что нет жесткой ассоциации между генами и культурами.

Более того, образцы из Lagoa Santa в Бразилии (10400 – 9600 лет назад) также обнаружили генетическое сходство с Анзик-1 (по широкогеномным маркерам и гаплогруппам мтДНК) и с образцами из Spirit Cave (по гаплогруппам Y-хромосомы). Эта генетическая связь между древними геномами из Северной и Южной Америки, разделенными тысячами километров, привела авторов к идее их общего происхождения. Они предполагают, что расселение носителей культуры Кловис по Северной Америке продолжилось и дальше – в Центральную и Южную Америку, причем это распространение на другой континент происходило довольно быстро.

Таким образом, ученые ответили на ключевой вопрос для современных индейцев – подтвердили, что они действительно представляют собой коренной народ, их предки происходят от палеоамериканцев.

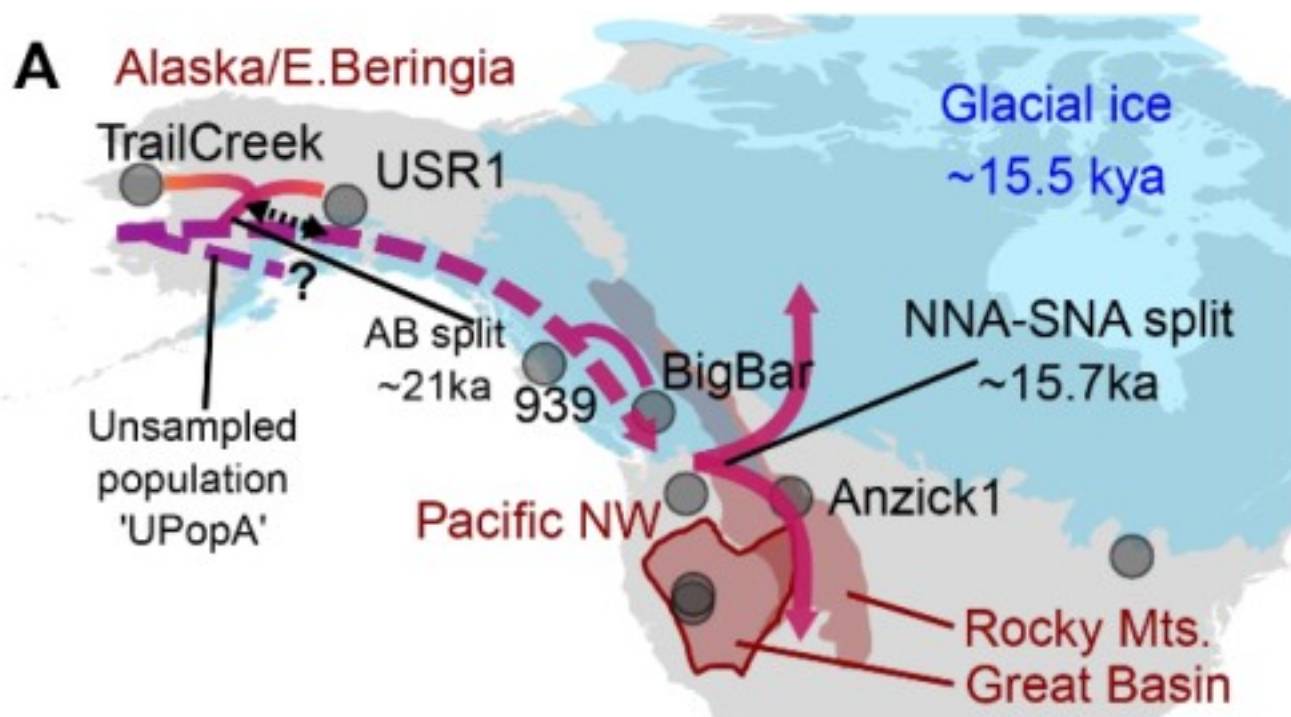
Далее, данные говорят в пользу того, что было не одна, а несколько миграций из Северной Америки в Южную, при этом возникло несколько групп, которые в дальнейшем смешивались между собой. Например, ученые обнаружили генетический компонент, родственный современному, коренному народу в Мексике (Миче), распространившийся по Южной Америке около 6000 лет назад и по Северной Америке около 1000 лет назад. Но при этом происходило не замещение популяций, а смешение.

В работе Виллерслева продолжился и поиск корней загадочного австралийского компонента в геноме коренных американцев. Ранее эти исследователи [нашли его у некоторых современных амазонских индейцев](#). Делаются попытки связать этот компонент с особенностями в строении черепа, обнаруженными у некоторых палеоамериканцев (эти антропологические

особенности ближе к азиатским и австралийским, но не к индейским). Изученные индивиды из Spirit Cave и Lagoa Santa также отличались по строению черепа от современных индейцев. Но связь морфологических особенностей с австралазийским генетическим компонентом представляется сомнительной – искомый компонент в данной работе был найден в древних геномах из Lagoa Santa, но не из Spirit Cave. Авторы склоняются к тому, что «палеоамериканская» форма черепа могла стать результатом влияния множества факторов, включая изоляцию и дрейф генов.

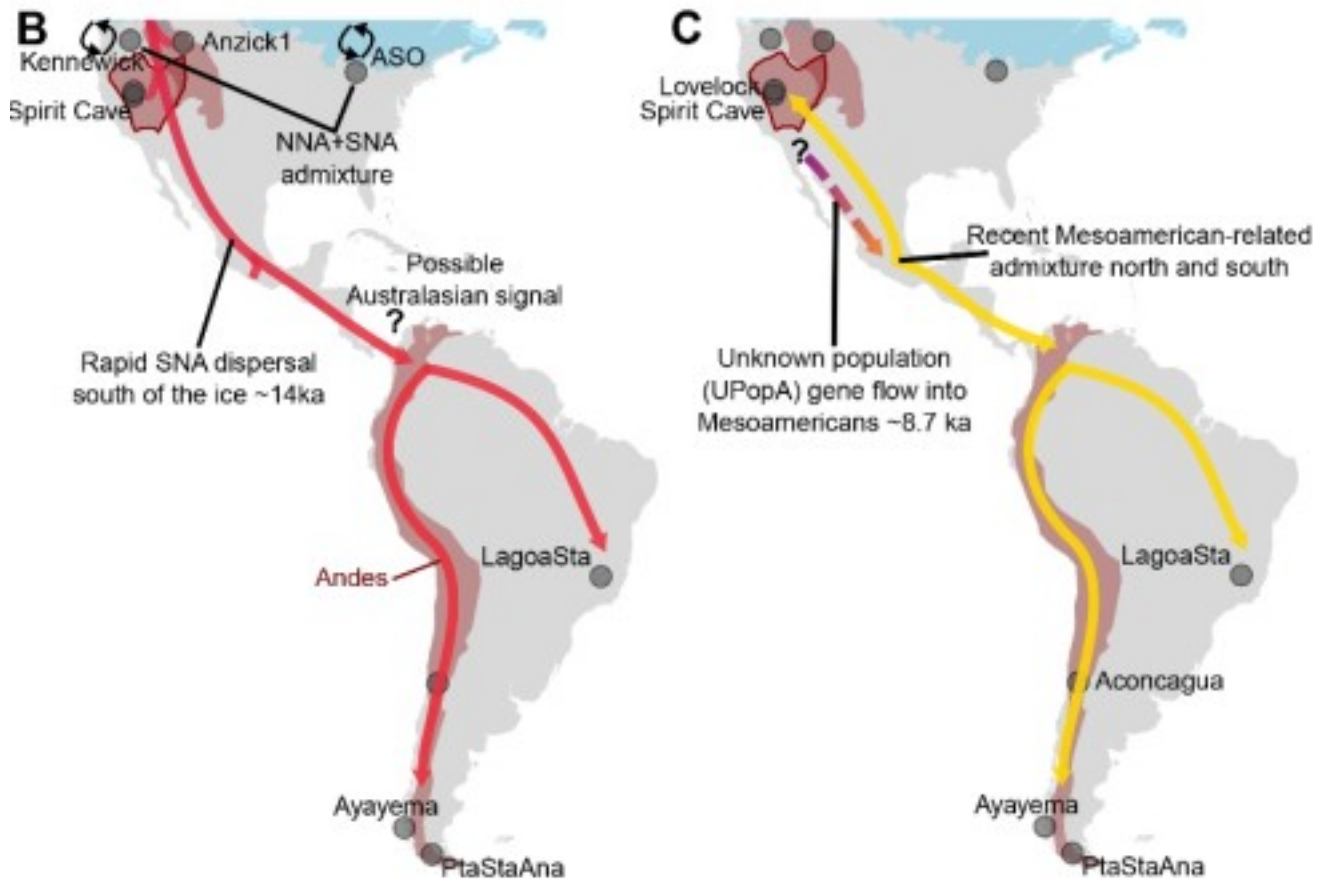
Что касается австралазийского генетического компонента, то, как [считает соавтор статьи в Science Дэвид Мельцер](#), археолог из Университета Даллас в Техасе, он может быть связан с небольшой популяцией мигрантов из Сибири, которые отделились от основной миграционной волны и каким-то образом, без смешения дошли через Северную Америку до Южной. Однако, откуда изначально был получен этой сибирской популяцией австралазийский генетический компонент, он не уточняет.

На схеме представлена реконструкция по Виллерслеу начальных этапов заселения Америки. Древние геномы с Аляски (TrailCreek и USR1) относятся к популяции древних берингийцев, от которой ответвилась линия коренных американцев (AB split, малиновый пунктир), впоследствии разделившаяся на ветви северных и южных коренных американцев (NNA и SNA). UPopA (фиолетовый пунктир) – гипотетическая популяция, не имеющая образцов (возможно, несущая австралазийский генетический компонент).



Реконструкция первых этапов заселения Америки. Серые кружки – изученные древние образцы. Малиновый пунктир — линия коренных американцев (AB split), впоследствии разделившаяся на ветви северных и южных коренных американцев (NNA и SNA). UPopA (фиолетовый пунктир) – гипотетическая популяция, не имеющая образцов (возможно, несущая австралазийский генетический компонент).

На схемах В и С показана реконструкция расселения по Северной и Южной Америке. На рисунке В – период от 14 до 6 тыс. лет назад: ветвь южных коренных американцев (SNA) быстро распространяется на юг Северной Америки, в Центральную и Южную Америку. В Северной Америке тем временем происходят процессы смешения ветвей NNA и SNA, их результатом стала, в частности, популяция, к которой относится Кенневикский человек. На рисунке С показана экспансия популяций из Центральной Америки на север и на юг около 8,7 тыс. лет назад. В Южной Америке эта миграционная волна дала начало современным южноамериканским индейцам.



Реконструкция расселения по Северной и Южной Америке. В – период от 14 до 6 тыс. лет назад: ветвь южных коренных американцев (SNA) быстро распространяется в Центральную и Южную Америку. В Северной Америке круговыми стрелочками показано смешение ветвей NNA и SNA. С — экспансия из Центральной Америки на север и на юг около 8,7 тыс. лет назад. Сиреневым пунктиром (UPopA) показана гипотетическая популяция (без образцов).

Работа группы Райха (статья в Cell)

В [статье команды Райха](#) представлено еще большее число – 49 секвенированных геномов из Центральной и Южной Америки (Бразилия, Чили, Аргентина, Перу, Белиз) возрастом от 10 900 до 700 лет.

Так же, как и в работе Виллесева, в работе Райха обнаружена генетическая близость южноамериканских образцов: из Бразилии (Lara do Santo, 9600 лет назад), из Чили (10900 тыс. лет назад) и Белиза (9300 лет назад) с геномом Анзик-1, ассоциированным с культурой Кловис. Авторы приходят к тому же выводу, что и авторы описанной выше статьи: популяции культуры Кловис распространялись в Центральную и Южную Америку, причем с достаточно большой скоростью, принеся туда свой генетический компонент. Хотя археологически культура Кловис не прослеживается в Южной Америке.

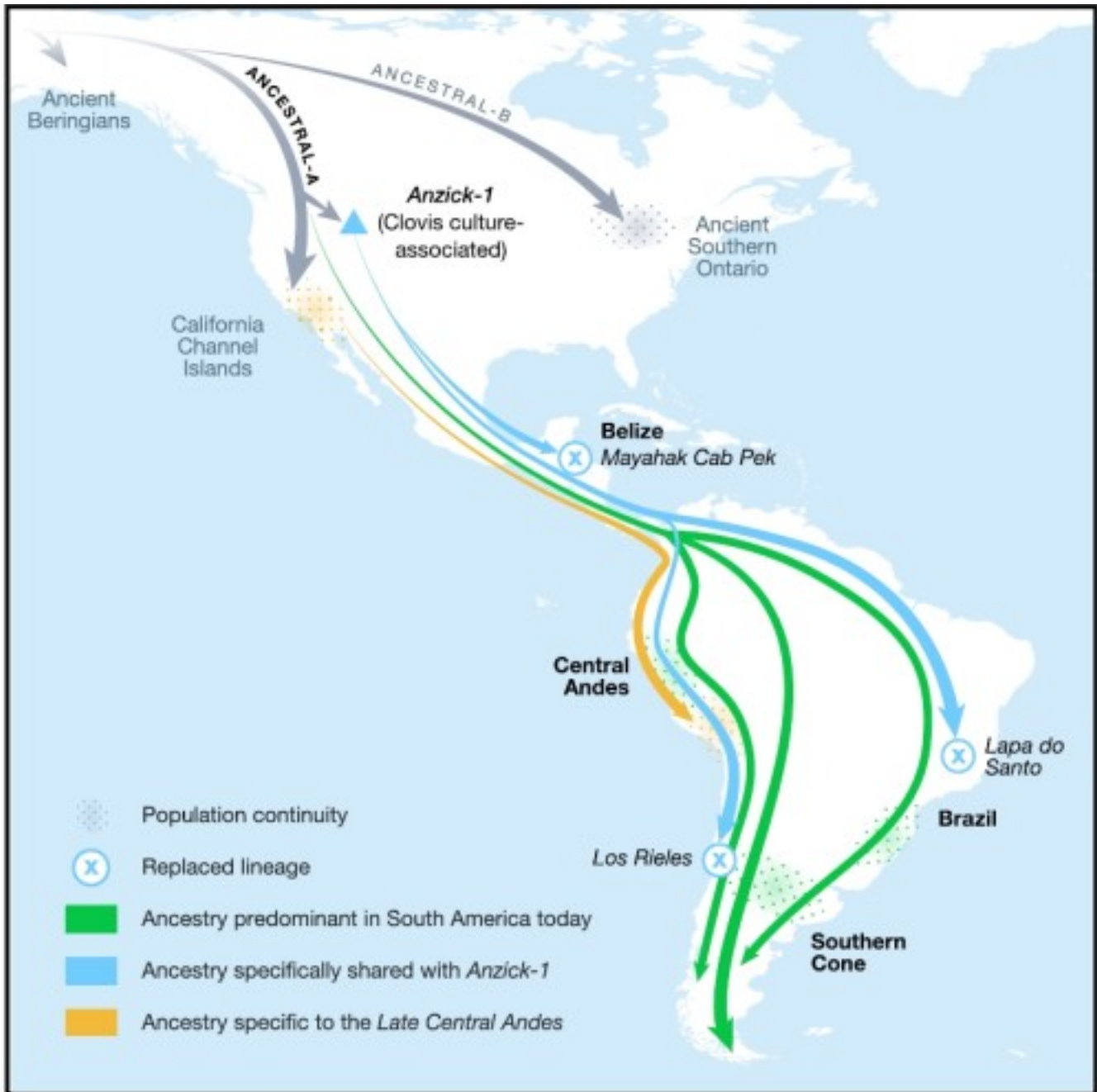
Но, начиная со времени 9 тыс. лет назад исследователи уже не находят генетического компонента Кловис в южноамериканских геномах (об этом говорят образцы из Перу 8600-3300 лет назад). Они расценивают это как признак масштабного замещения популяций. И предполагают, что оно стало результатом другой миграционной волны из Северной в Южную Америку. И за этим масштабным изменением 9 тыс. лет назад вплоть до настоящего времени в Центральной и Южной Америке наблюдается относительная генетическая стабильность.

Авторы также нашли, что древние обитатели островов Ченнел близ Калифорнии (которые в то время были частью материка) были родственны населению Центральных Анд. Они предполагают не описанную ранее миграцию около 4200 лет назад, несущую этот генетический компонент от Калифорнии в Анды. Это еще один выявленный поток генов между Северной и Южной Америкой.

Райх и его соавторы проверили и [обнаруженный ими ранее](#) австралийский след у коренных американцев. Прежде они объясняли его вкладом гипотетической популяции Y, которая принесла гены, родственные популяциям онге, папуасам и австралийцам. Теперь они проверили эту гипотезу на древних геномах из Южной Америки, но не нашли у них австралийского компонента, притом, что у многих индивидов из Бразилии (Lara do Santo) отмечалась необычная

морфология черепа. Популяция Y так и осталась загадкой.

На схеме представлена реконструкция заселения Америки по новым данным от Райха. Стрелки, обозначенные ANCESTRAL A и ANCESTRAL B, указывают на южную и северную, соответственно, ветви коренных американцев. Северная ветвь ведет на юго-восток Канады (Ancient Southern Ontario), южная ветвь распространяется в Южную Америку в виде трех миграционных волн, которые расходятся по разным регионам. Голубыми стрелками обозначены миграции, несущие генетический компонент Кловис; зелеными стрелками – миграции, несущие иной генетический компонент; оранжевая стрелка обозначает генетический поток от островов Ченнел к населению Центральных Анд. Крестики в кружочке обозначают места, где обнаружено замещение популяций.



Реконструкция заселения Америки по новым данным от Райха. ANCESTRAL A, ANCESTRAL B — южная и северная, соответственно, ветви коренных американцев. Голубыми стрелками обозначены миграции, несущие генетический компонент Кловис; зелеными стрелками – миграции, несущие иной генетический компонент; оранжевая стрелка обозначает генетический поток от островов Ченнел к населению Центральных Анд. Крестики в кружочке обозначают места, где обнаружено замещение популяций.

Источники:

[Early human dispersals within the Americas](#)

Víctor Moreno-Mayar, ..., David J. Meltzer, Eske Willerslev

Science 08 Nov 2018; DOI: 10.1126/science.aav2621

[Reconstructing the Deep Population History of Central and South America](#)

Cosimo Posth, , Johannes Krause and David Reich

Cell, <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.10.027>

Тексты статей можно скачать в [Библиотеке сайта](#)