

DNA ujawnia nieznane fakty z zasiedlania Ameryki

11 listopada 2018

Badania genetyczne ujawniły niespodziewane informacje na temat przybycia człowieka do Ameryki Środkowej i Południowej. Dowiadujemy się z nich, że w przeszłości doszło do dwóch nieznanych wcześniej epizodów wymiany genetycznej pomiędzy Ameryką Północną a Południową. Jeden z tych epizodów zaważył na składzie genetycznym całego kontynentu.

Uzyskane wyniki wskazują, że przedstawiciele kultury Clovis, najstarszej szeroko rozpowszechnionej kultury Ameryki Północnej, mieli większy wpływ demograficzny na południe, niż dotychczas sądzono.

W ramach najnowszych badań przeanalizowano genom 49 osób z Ameryki Środkowej i Południowej. Wiek analizowanych próbek sięgał nawet 11 000 lat. Wcześniej podobnej jakości analizy udawało się dokonać w przypadku próbek nie starszych niż 1000 lat. Międzynarodowy zespół naukowców, na którego czele stali specjaliści z Harvard Medical School opublikował wyniki swoich badań na łamach periodyku Cell. Dowiadujemy się z nich, że DNA spokrewnione z kulturą Clovis znaleziono na terenie dzisiejszych Belize, Chile i Brazylii. Pochodziło ono sprzed 9–11 tysięcy lat.

„Głównym naszym odkryciem było spostrzeżenie, że przedstawiciele północnoamerykańskiej kultury Clovis pochodzącej sprzed około 12 800 lat byli spokrewnieni z najstarszymi mieszkańcami Chile, Belize i Brazylii. To wspiera hipotezę mówiącą, że ludzie, którzy rozprzestrzenili kulturę Clovis po Ameryce Północnej, dotarli też do Ameryki Środkowej i Południowej” – mówi Cosimo Posth z Instytutu Historii Człowieka im. Maxa Plancka.

Jednak u współczesnych mieszkańców Ameryki Południowej nie ma

pozostałości genetycznych po twórcach kultury Clovis. Nie ma ich też w materiale młodszy niż 9000 lat. To było nasze drugie odkrycie. Wykazaliśmy, że co najmniej 9000 lat temu doszło do wymiany genów na skalę kontynentalną, mówi profesor David Reich z Harvard Medical School.

U obecnych mieszkańców Ameryki Południowej wyraźnie widać pokrewieństwo genetyczne z ludźmi, którzy dokonali wspomnianej wymiany. „To zjawisko wyraźnie odmienne od tego, co widzimy w zachodniej Eurazji czy w Afryce, gdzie pozostało niewiele miejsc o tak długotrwałym dziedzictwie genetycznym.”

Drugi, nieznany dotychczas epizod migracji, widoczny jest w genomie starożytnych mieszkańców kalifornijskich Channel Islands, którzy – jak się właśnie okazało – już przed co najmniej 4200 laty byli spokrewnieni genetycznie z ludźmi zamieszkującymi Andy na południu dzisiejszego Peru.

Naukowcy uważają, że jest bardzo mało prawdopodobne, by doszło do migracji z Channel Islands do Ameryki Południowej. Ich zdaniem pokrewieństwo genetyczne pomiędzy tymi regionami to skutek ruchów ludnościowych, które miały miejsce tysiące lat wcześniej. „Prawdopodobnie miało to miejsce tysiące lat wcześniej, a my po prostu nie dysponujemy szczątkami, które by to pokazywały. Istnieją dowody archeologiczne wskazujące, że około 5000 lat temu w Środkowych Andach doszło do dużych ruchów ludnościowych. Rozprzestrzenianie się poszczególnych podgrup może wyjaśniać, dlaczego znajdujemy to pokrewieństwo pochodzące z późniejszych okresów” – wyjaśnia Nathan Nakatsuka z Harvard Medical School.

Uczni podkreślają, że ich obecne odkrycia mogą być dopiero wierzchołkiem góry lodowej. Już w niedalekiej przyszłości coraz doskonalsza technika może pozwolić na odkrycie kolejnych tajemnic. Konieczne będzie zdobycie szczątków ludzkich starszych niż 11 000 lat. Chociaż nawet okres 3–11 tysięcy lat temu nie jest dobrze zbadany. „Brakuje nam danych z Amazonii, Karaibów i północnych części Ameryki Południowej. Nie wiemy

zatem, jak populacja z tamtych terenów ma się do terenów już zbadanych. Uzupełnienie tej wiedzy powinno być priorytetem” – uważa profesor Reich.

Autorstwo: Mariusz Błoński

Na podstawie: Phys.Org

Źródło: KopalniaWiedzy.pl