

Rdzeni Amerykanie pochodzą z Bajkału

30 czerwca 2020

Międzynarodowa grupa archeologów i paleogenetyków, porównująca DNA prehistorycznych mieszkańców okolic jeziora Bajkał i rdzennych Amerykanów, stwierdziła, że są spokrewnieni. Najwyraźniej kilkadziesiąt tysięcy lat temu powstała duża społeczność ludzi na Syberii, która mogła przekazać swój gen wielu współczesnym narodom, w tym Indianom i Rosjanom.



Rodem z Syberii

Genetyczne dowody dawnej hipotezy o syberyjskim pochodzeniu mieszkańców Ameryki Północnej i Południowej pojawiły się w 2015 roku. Grupa naukowców przeanalizowała genomy 31 przedstawicieli rdzennej ludności Ameryki, Syberii i Oceanii i porównała je ze sobą. Ponadto naukowcy porównali otrzymane dane z wynikami dekodowania dawnego DNA uzyskanego z pozostałości kopalnych – szkieletów i mumii.

W sumie autorzy pracy zbadali ponad trzy tysiące ludzkich genomów ze 169 populacji – zarówno starożytnych, jak i

współczesnych. I nie tylko potwierdzili pokrewieństwo prehistorycznych Syberyjczyków i Indian, ale także wyznaczyli przybliżoną trasę migracji z północnej Eurazji na kontynent amerykański.

Przodkowie Indian mieszkających dzisiaj w obu Amerykach najprawdopodobniej opuścili swoją historyczną ojczyznę około 23 tysięcy lat temu. Uważa się, że poruszali się przez Cieśninę Beringa wzdłuż przesmyku lądowego, który okresowo formował się podczas ostatniego maksimum lodowcowego. Na około osiem tysiącleci część osadników pozostała na Kamczatce, a ludność dzieliła się na różne linie już na terytorium Ameryki Północnej. Ponadto naukowcy odkryli słaby wpływ genów mieszkańców Oceanii: najprawdopodobniej stało się to po głównej fali migracji – choć dokładna droga jest nadal niejasna.

Przewrotności migracji

Dane z badań genetycznych z 2015 roku są zgodne z odkryciami archeologicznymi, według których już 13 tysiącleci temu w Ameryce Północnej była rozwinięta kultura Clovis. W 2019 roku zespół naukowców pod przewodnictwem Eske Willersleva z Uniwersytetu Kopenhaskiego przeanalizował DNA 34 starożytnych Syberyjczyków, w tym dwóch chłopców, których szczątki odkryto w Jakucji nad rzeką Jana.

Inne badane genomy należały do osób, które żyły od 9800 lat p.n.e. do 600 lat n.e. na terytorium współczesnej Czukotki, w Kraju Nadmorskim, w pobliżu jeziora Bajkał i południowo-zachodniej Finlandii.

Analiza danych wykazała, że w ciągu ostatnich 30 tysiącleci na Syberii miały miejsce trzy główne migracje z południa na północ. Chłopcy z rzeki Jana są przedstawicielami nieznanej wcześniej grupy starożytnych mieszkańców tych miejsc. W 71 procentach są podobni do mieszkańców zachodniej Eurazji, od których prawdopodobnie oddzielili się około 38 tysięcy lat

temu. Pozostałe 29 procent dziedzictwa genetycznego dzieci pochodziło od ludów Azji Wschodniej.

Autorzy pracy uważają, że w ten sposób powstały linie genetyczne Indian Ameryki Północnej i Paleosyberyjczyków. Około 18-20 tysięcy lat temu potomkowie mieszkańców północnej Syberii i imigranci z Azji Wschodniej wymieszali się. I po kilku tysiącach lat przez Cieśninę Beringa ruszyli w kierunku kontynentu amerykańskiego.

Ci, którzy pozostali, zostali wyparci przez tak zwanych Neosyberyjczyków. Ich najbliższymi krewnymi są współcześni Ewenkowie. A około pięciu tysięcy lat temu koczownicy ze stepów Azji Środkowej przybyli na Syberię Północno-Wschodnią i zasymilowali się z miejscową ludnością.

Podobne dane uzyskali badacze prowadzeni przez Davida Reicha z Harvard Medical School. Badali genomy 48 osób, które żyły od siedmiu tysięcy do 280 lat temu we wschodniej Syberii, na Czukotce i na Wyspach Aleuckich, w kanadyjskiej Arktyce i na Alasce, po czym przeprowadzili porównawczą analizę DNA z Inuitami i Inupiatami, współczesnymi rdzennymi mieszkańcami północnego stanu USA – oraz przedstawicielami małych grup etnicznych zachodniej Syberii.

Jak się okazało, starożytni mieszkańcy syberyjskiego regionu północno-wschodniego są wynikiem mieszanki Paleosyberyjczyków i populacji Azji Wschodniej. Od nich pochodzą nosiciele rodzimych języków czukocko-kamczackich i Paleoeskimosi, których ślady genetyczne badacze znaleźli w DNA współczesnych Eskimosów i Indian.

Nad brzegiem Bajkału

Pod koniec maja w czasopiśmie naukowym „Cell” opublikowano artykuł innej międzynarodowej grupy naukowców. Ich zdaniem populacja bezpośrednich przodków Indian Ameryki Północnej powstała nie na północno-wschodniej Syberii, ale w okolicach

jeziora Bajkał około 14 tysięcy lat temu, po wymieszaniu dawnych ludów Dalekiego Wschodu i Syberii.

Specjaliści przeanalizowali genomy 19 dawnych Syberyjczyków w wieku od czternastu do czterech tysiącleci. W najstarszym materiale wydobytym z zęba znalezione w jaskini Ust-Kiachta 3 na południe od jeziora Bajkał znaleziono składniki wskazujące na pokrewieństwo z rdzennymi Amerykanami – podobne ślady zidentyfikowano w DNA północno-wschodnich Syberyjczyków, którzy żyli kilka tysięcy lat później.

Autorzy pracy uważają, że w pobliżu jeziora Bajkał mieszały się populacje nosicieli co najmniej dwóch genomów – dawnej północnej Eurazji i północno-wschodniej Azji. Pierwszy związany jest z kulturami wczesnej epoki brązu, drugi – z neolitowymi kulturami.

Ponadto w szczątkach mających około czterech tysięcy lat eksperci odkryli ślady pałeczki dżumy *Yersinia pestis*. Genetycznie jest zbliżona do bakterii odkrytej wcześniej u mieszkańca przeciwnej części Eurazji – regionu bałtyckiego. Oznacza to, że już w czasach prehistorycznych ludzie utrzymywali kontakty na duże odległości.

Autorstwo: Alfija Jenikiejewa

Zdjęcie: [Natalia_Kollegova](#) (CC0)

Źródło: pl.SputnikNews.com