

# **An ancient genomic portrait of dynamic changes of the inner Eurasian human genetic diversity**

**Choongwon Jeong, Seoul National University**

Recent advances in archaeogenetics, the study of ancient genomes, are revolutionizing our understanding of past human migration and mixture in high resolution by providing genome-wide variation data of ancient individuals and populations. Such a high-resolution approach is of utmost necessity to reconstruct the genetic history of peoples who lived in inner Eurasia, a region that has long served as an arena of population movements since the Pleistocene, beyond an oversimplified view of “east-west mixture”. In this talk, I will deliver an up-to-date overview of the temporal changes in the inner Eurasian human genetic diversity, particularly focusing on the Eastern Eurasian Steppe and its surrounding regions, based on my recent works on ancient and present-day genomes from Mongolia, Kazakhstan, southern Siberia, and northern China. Specifically, I highlight 1) three genetically distinct populations in the Eastern Steppe established during the Late Bronze Age, 2) the Early Iron Age genetic transitions in the Central and Eastern Steppe, and 3) the formation of the Xiongnu empire in association with a dissolution of the millennia-lasting population subdivision.

(국문)

## 고유전체를 통해 살펴본 내륙 유라시아인 유전자 다양성의 변화

정충원, 서울대학교

오래 전에 죽은 사람의 유전체인 고유전체를 분석하는 고고유전학 분야는 최근 기술적 발전을 통해 옛날에 살았던 사람과 집단의 전장유전체 변이 자료를 제공함으로써 사람 집단의 이동과 혼합을 정교하게 재구성할 수 있는 기반을 제공하였다. 전장유전체 변이 자료를 이용한 정교한 접근법은 홍적세 이후 인류 집단 이동이 활발하게 반복된 내륙 유라시아인의 진화사 연구에 특히 중요하다. 즉, 내륙 유라시아인의 역사를 “동-서 혼합”이라는 지나치게 단순한 틀을 벗어나 바라볼 수 있는 기회를 제공한다. 이 발표에서는 발표자가 몽골, 카자흐스탄, 남 시베리아, 북중국 등의 지역에서 수행한 최신 고유전체 연구를 바탕으로 유라시아 동부 초원과 그 주변 지역 사람들의 유전적 다양성의 시간에 따른 변화를 개괄할 것이다. 특히, 1) 후기 청동기 시대에 동부 초원에 유전적으로 상이한 세 목축 집단이 존재하였고, 2) 철기 시대에 접어들며 카자흐 초원 및 동부 초원에서 중요한 유전적 변화가 관찰되며, 3) 흉노의 형성이 1천년 이상 유지되었던 집단 구조가 해체되는 과정과 연결되어 있음을 설명한다.