# Предки современного населения Западной Африки получили генетический вклад от «призрачной» древней популяции

**Исследовав распределение приобретенных аллелей в геномах из Западной Африки, генетики пришли к выводу, что их предки получили вклад гипотетической «призрачной» (ghost) древней популяции. Эта популяция отделилась от предков современного человека и ветви неандертальцев-денисовцев до их разделения. Ее вклад в геномах современных западноафиканцев составляет от 2 до 19%.**

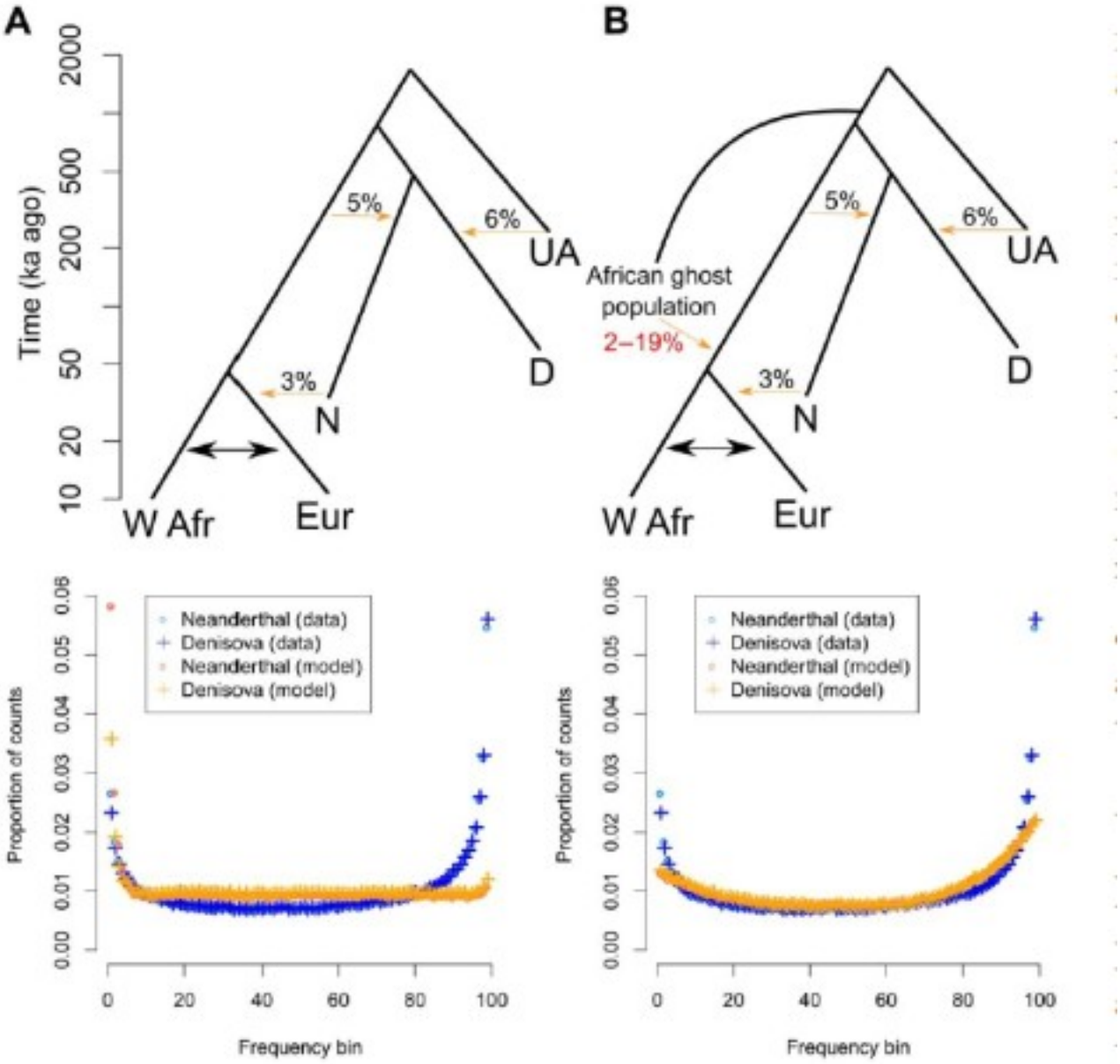
В то время как включения последовательностей ДНК неандертальцев и денисовцев найдены в геномах людей неафриканского происхождения, вклад древних гоминин в генетическое разнообразие современных жителей Африки до сих пор остается нясным. С этим вопросом попытались разобраться генетики из Калифорнийского университета, опубликовавшие статью в журнале Science Advances.

Используя базу «1000 геномов», авторы взяли данные по полному секвенированию геномов 405 человек из популяций Западной Африки, среди них йоруба, менде (в Съерра-Леоне), популяции из Гамбии и Нигерии. Древние гоминины были представлены неандертальцем из пещеры Виндия в Хорватии и денисовцем, геном которого секвенирован с высоким покрытием.

Недавно мы писали об исследовании, в котором использовался новый метод поиска древних интрогрессий в геном современного человека, и с его помощью удалось показать, что африканские геномы содержат ненулевые генетические компоненты от неандертальцев. В данной же работе ученые исследовали распределение частоты приобретенных аллелей в геномах йоруба, менде и других западноафриканцев. Для решения поставленной задачи они вычисляли показатель CSFS (Conditional site frequency spectrum). Если одна и вторая популяция имели контакты между собой и потом не смешивались, то график CSFS для них будет иметь U-образную форму, с повышением долей SNP приобретенных аллелей с низкой и с высокой частотой и снижением SNP приобретенных аллелей со средней частотой.

Приняв за основу текущий демографический сценарий взаимодействия древних гоминин и современного человека (рисунок слева), авторы построили такой график для геномов йоруба, отражающий распределение в геноме неандертальских либо денисовских аллелей. В данной случае они не получили U-образные кривые и соответствия модели реальным данным.

Они рассмотрели еще три вида сценариев, в которые ввели поток генов от гипотетической популяции к предкам западноафриканских популяций. Из трех сценариев наиболее соответствовал реальным данным тот, в который была введена популяция, отделившаяся от предков неандертальцев и современных людей до их разделения. Эту популяцию неизвестной природы исследователи назвали «призрачной» (ghost) древней популяцией. При добавлении ее вклада к предкам популяций Западной Африки кривые CSFS приобретают U-образную форму, и такая модель соответствует реальным данным.




Демографические сценарии, существующий (A) и предлагаемый (B), в последний введена gost популяция. W.Afr — западноафриканцы, Eur — европейцы, N — неандертальцы, D — денисовцы, UA – неизвестная древняя популяция, gost – «призрачная» африканская древняя популяция. Внизу – кривые CSFS для западноафриканцев.

Аналогичный результат был получен, когда популяцию йоруба заменили на менде или другие изученные популяции Западной Африки. Вклад древней «призрачной» популяции в западноафриканские геномы составил от 2 до 19%. Примерно 6,6% и 7,0% геномов йоруба и менде несли метки древнего происхождения. Суммарно они составляли 482 и 502 Mb для йоруба и менде, соответственно.

Второй момент, который требовал уточнения, это время, когда ghost популяция оставила след в геномах предков современных западноафриканцев. Тут понадобилось привлечение европейских геномов из базы «1000 геномов». И, поскольку часть этих включений была найдена и в европейских геномах, авторы пришли к выводу, что вклад от ghost был получен еще до разделения африканской и неафриканской линий.

***текст Надежды Маркиной***

**Источник:**

Arun Durvasula, Sriram Sankararaman. Recovering signals of ghost archaic introgression in African populations // Sci. Adv. 2020; Vol. 6, no. 7, eaax5097 DOI: 10.1126/sciadv.aax5097