

## **В предках неандертальцев и денисовцев нашли супердревнюю популяцию людей**

**Методами биоинформатического анализа древних и современных геномов и моделирования демографических сценариев удалось обнаружить самый древний генетический обмен между популяциями людей. Исследователи считают, что около 700 тысяч лет назад предки неандертальцев и денисовцев метисировались с древнейшими людьми, первыми жителями Евразии.**

История генетического смешения разных видов человека (гоминин, принадлежащих к роду *Homo*) становится все более сложной. Уже не вызывает сомнений метисация современного человека с неандертальцами, оставившая около 2% неандертальской ДНК в геноме каждого современного человека неафриканского происхождения. Выявлены фрагменты денисовского происхождения в геномах популяций Юго-Восточной Азии и Океании, больше всего (2-3,5%) [в геномах меланезийцев](#). Недавно показано, что и африканские геномы не свободны от неандертальского генетического следа, [который составляет около 0,3%](#), его наиболее вероятный источник – обратная миграция из Европы в Африку. Все эти события происходили в пределах последних 50 тысяч лет.

В новой работе, [опубликованной в журнале Science Advances](#), речь идет о гораздо более древних событиях смешения (около 700 тысяч лет назад), которые были обнаружены методами моделирования на основе анализа древних и современных геномов. В качестве древних геномов авторы взяли геномы алтайского неандертальца, хорватского неандертальца из пещеры Виндия и денисовца из Денисовой пещеры, геном которого был прочитан с высоким покрытием. Современные геномы из популяций Европы и Африки они позаимствовали из базы Simons Genome Diversity Project (SGDP). В тех и других сравнивали паттерны нуклеотидных сайтов (nucleotide site patterns).

Исследователи построили несколько моделей и проверили с их помощью разные сценарии взаимодействия друг с другом ветвей человечества. Эти ветви и генетические потоки между ними показаны на рисунке.

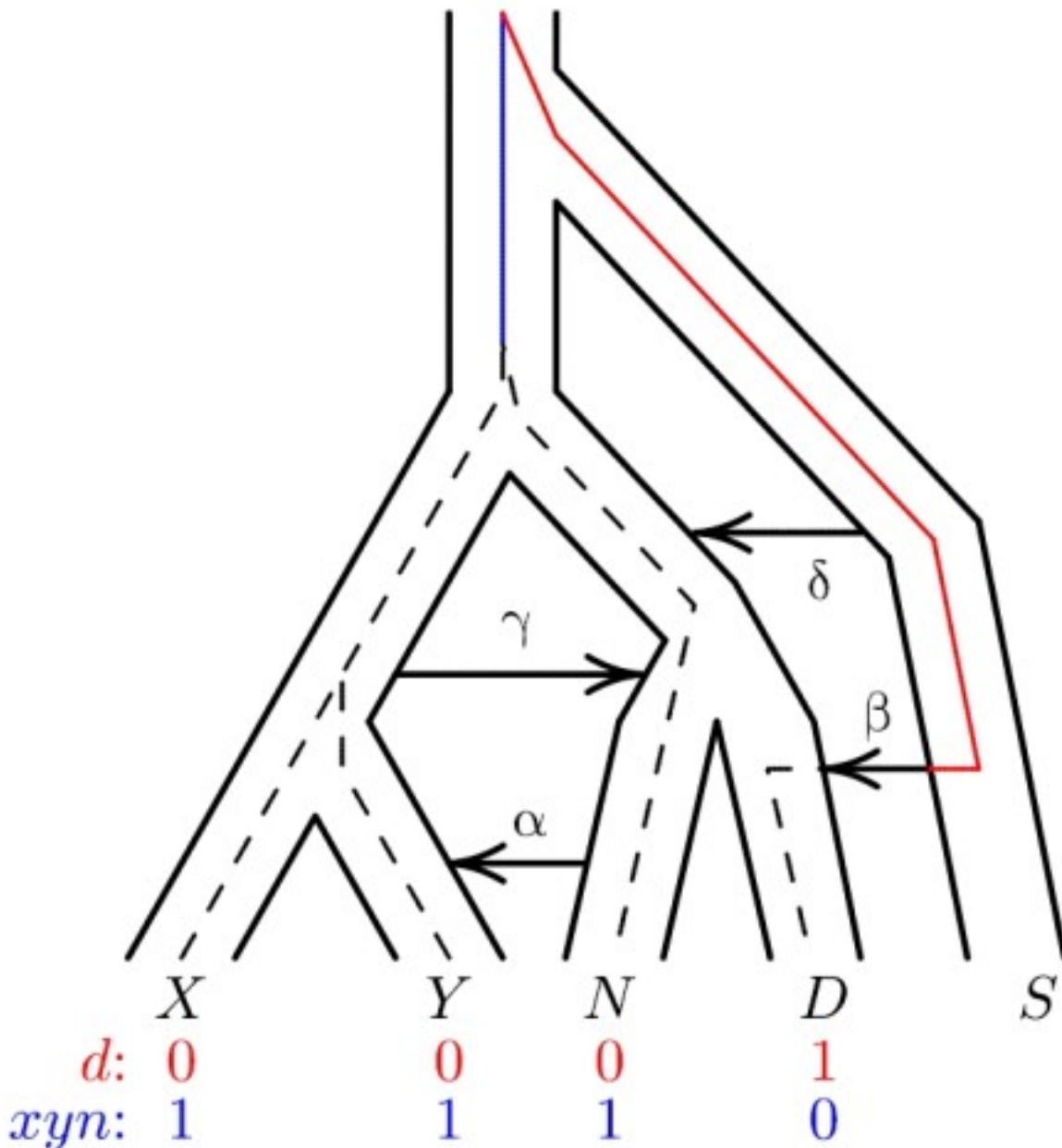


Схема предполагаемых генетических связей между различными ветвями Homo. X и Y — популяции Африки и Европы, N — неандертальцы, D — денисовцы, а S — гипотетическая супердревняя популяция. Стрелками обозначены генетические потоки. d и xyn обозначают два нуклеотидных паттерна, в которых 0 — предковый аллель (ancestral), 1 — приобретенный аллель (derived).

На схеме показано, как ветвь современного человека отделяется от предков неандертальцев и денисовцев. Для обозначения последних авторы вводят свой термин «neandersovan», можно его перевести как «неандерсовцы». Они разделяются на неандертальцев и денисовцев, а ветвь современного человека — на популяции Африки и Евразии (здесь, Европы, так как авторы использовали только европейские геномы). Обозначен известный генетический поток от неандертальцев к современному человеку ( $\alpha$ ). Обозначен также генетический поток от современного человека (до выхода из Африки) к предкам неандертальцам ( $\gamma$ ), о его обнаружении [можно прочитать на сайте](#). Поскольку геномы восточноазиатских популяций авторы не брали в анализ, на схеме не указан поток генов от денисовцев к современному человеку.

На рисунке появляется и новая ветвь — популяция S, супердревняя популяция людей, рано отделившаяся от предков неандертальцев-денисовцев-сапиенсов, то есть находящаяся в отдаленном родстве со всем человечеством. Она была введена для правдоподобия модели. На основании биоинформатического анализа авторы предположили, что эта супердревняя популяция была источником двух генетических потоков к остальным ветвям человека. Первый поток генов от нее был направлен к предкам неандертальцев и денисовцев, неандерсовцам ( $\delta$ ), а второй — к денисовцам ( $\beta$ ).

Датировка времени образования супердревней популяции в большой степени зависела от величины скорости мутаций, взятой

за основу. Если исходить из скорости мутаций  $0,45 \times 10^{-9}$  на нуклеотид в год, супердревняя популяция возникла 1,9 млн лет назад. Эта цифра почти совпадает с датировкой самых древних костных останков в Дманиси (1,85 млн лет назад). Поэтому исследователи предположили, что люди из Дманиси были ее представителями и, очевидно, самыми первыми *Homo*, колонизировавшими Евразию.

Что касается предков неандертальцев и денисовцев, то, по предположению авторов статьи, они появились в Евразии около 700 тысяч лет назад и метисировались с проживающими там супердревними людьми. Если так, то это не только самое древнее скрещивание, но и самое далекое по родству. Популяции, которые вступили в генетический обмен – то есть, супердревние и неандерсовцы, были разделены периодом раздельной эволюции в 1,2 млн лет. Для сравнения, неандертальцы и сапиенсы, которые много позже скрещивались между собой, были гораздо более эволюционно близки, их разделяло около 700 тысяч лет.

«Эти данные о времени, когда произошло скрещивание, показывают нам, как долго должна продолжаться репродуктивная изоляция для того, чтобы виды стали эволюционировать отдельно» — говорит в пресс-релизе Алан Роджерс из Университета Юты, первый автор работы.

Наконец, авторы использовали молекулярно-генетические методы для оценки эффективного размера популяций, о которых идет речь. Для супердревней популяции численность получилась очень высокой — от 20 до 50 тысяч человек. Скорее всего, рассуждают ученые, это была не единая, а подразделенная популяция, и источниками первого и второго потока генов могли быть ее разные части.

Напротив, неандерсовцы, осваивая Евразию, проходили через «бутылочное горлышко», и их численность была очень мала (авторы называют цифру около 500 человек). Вскоре после отделения от денисовцев популяция неандертальцев начала быстро расти в численности, она достигла 16 тысяч человек, а в поздний период упала до 3 тысяч.

Алан Роджерс уже исследовал ранее динамику популяции неандертальцев и в 2017 году [пришел к сходным заключениям](#). Его данные [были подвергнуты критике](#) со стороны других специалистов, которые сомневались в надежности метода. Дело в том, что ранее Роджер и его коллеги использовали для сравнения у разных видов паттерны единичных нуклеотидных сайтов. Но данные секвенирования с высоким покрытием позволили им повысить уровень надежности. Ученые считают, что в новой работе они подтвердили ранее сделанные выводы.

*текст Надежды Маркиной*

#### **Источник:**

Alan R. Rogers, Nathan S. Harris, Alan A. Achenbach. Neanderthal-Denisovan ancestors interbred with a distantly related hominin // Science Advances 20 Feb 2020: Vol. 6, no. 8, eaay5483  
DOI: 10.1126/sciadv.aay5483