О происхождении современного человека по последним данным археологии и генетики

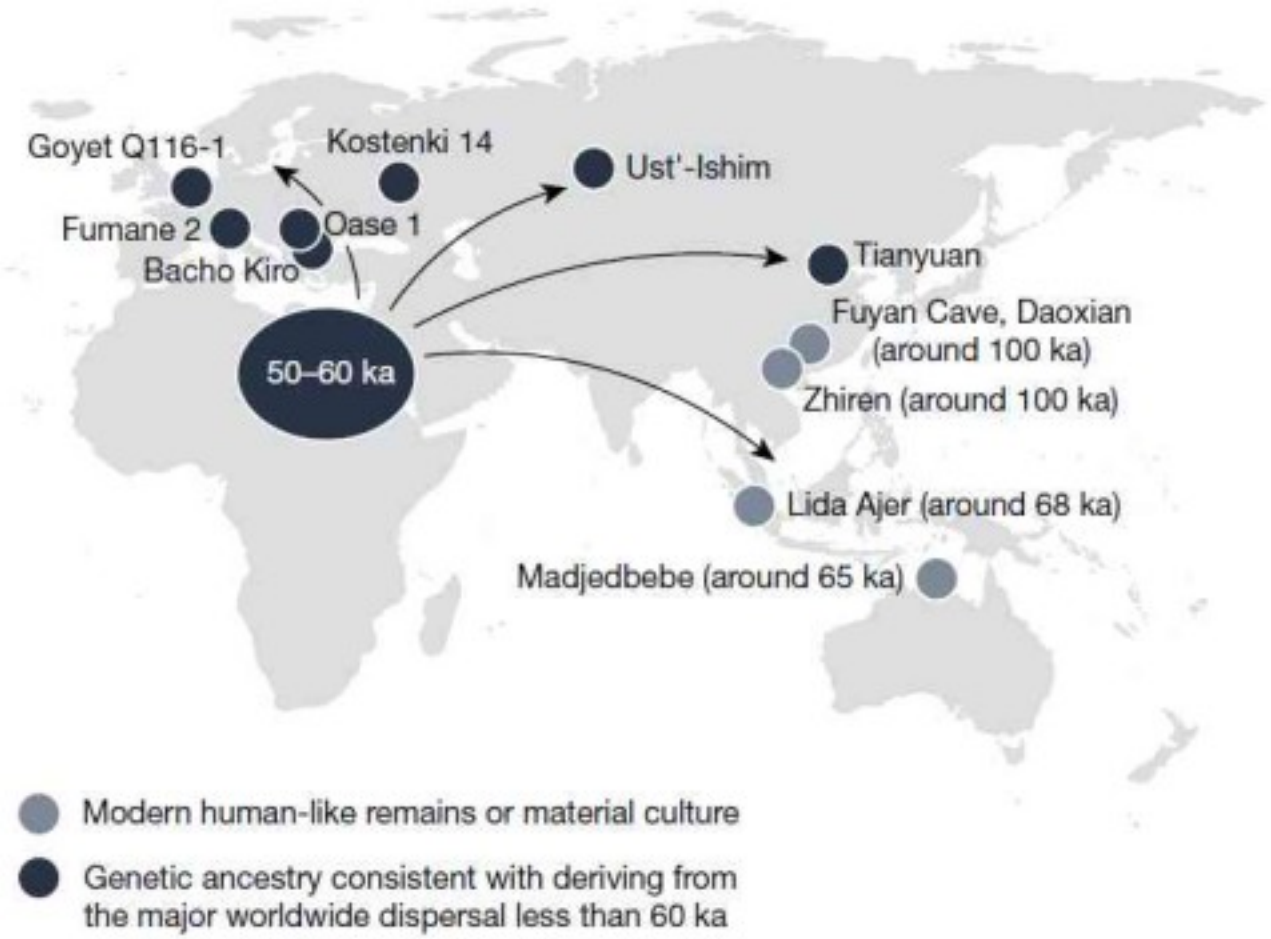
Палеогенетики из ведущих мировых центров по исследованию древней ДНК в сотрудничестве с археологами опубликовали обзор представлений об эволюции современного человека на основе последних данных археологии и генетики. Они рассматривают три ключевых этапа истории человека: 1) отделение генетической ветви предков современного человека от линий других древних людей – от 1 млн до 300 тлн ; 2) формирование *Homo sapiens* как вида на территории Африки от 300 до 60 тлн; 3) распространение современного человека по Евразии 60-40 тлн и его метисация с неандертальцами и денисовцами. Авторы считают, что на сегодня нельзя указать определенную точку во времени и в пространстве, когда возникли предки современного человека. По их мнению, формирование анатомических и поведенческих черт *Homo sapiens* как вида соответствует нескольким эволюционным историям.

Обзор последних данных об эволюции современного человека, вышедший в журнале Nature, написан авторитетными палеогенетиками и археологами, ведущий автор Понтус Скогланд, представляющий лабораторию древней ДНК Института Фрэнсиса Крика, Великобритания. Указанные три ключевых этапа в статье рассматриваются в обратном временном порядке.

Этап 3 – распространение современного человека за пределами Африки

Авторы упоминают, что модель происхождения современного человека из Африки подтверждается несколькими видами доказательств. Это самое высокое генетическое разнообразие в африканских популяциях; многочисленные находки в Африке ископаемых останков с признаками раннего развития морфологических черт современного человека; доказательства метисации современного человека с древними видами за пределами Африки и др. Что касается времени выхода *Homo sapiens* из Африки, то археологические данные представляют значительный разброс датировок. Наиболее близкие к Африке ископаемые останки современного человека найдены в Саудовской Аравии (90 тлн), в Израиле (90-130 тлн и даже 180 тлн). В других регионах Евразии наиболее древними являются находки в Китае (от 80 до 113 тлн) (только что вышла статья с новыми датами***, которые опровергают их заявленную ранее древность***), на Суматре (70 тлн), на севере Австралии (65 тлн). Вместе с тем геномные исследования указывают на то, что все современные неафриканские популяции произошли от одной волны экспансии по Евразии, которая имела место не ранее 50-60 тлн.

По данным нескольких генетических исследований выдвинута гипотеза о существовании отдельной ранней волны выхода из Африки, прошедшей по южному пути, потомки которой проживают в Океании (например, в Австралии и Новой Гвинее). Однако эта гипотеза не подтверждается большинством генетических исследований, которые говорят в пользу того, что ранняя волна выхода из Африки, если и была, то не оставила следа в генофонде. Палеогенетики также обнаруживают генетическую линию «базальных евразийцев», которая отделилась от неафриканского человечества перед тем, как оно разделилось на две большие ветви – западноевразийскую и восточноазиатскую.



Местоположение ранних представителей генетической линии современного человека в Евразии. Серые круги – находки ископаемых останков или материальных культур; черные круги – генетические данные.

Метисация с древними видами

Геномы людей всех неафриканских популяций несут около 2% неандертальских генов, минимальный неандертальский вклад имеется также в Восточной и Западной Африке, что отражает обратный поток генов из Евразии в Африку. Место генетического смешения современных людей с неандертальцами, предположительно, находилось в Юго-Западной Азии или близко от нее. Характерно, что в азиатских популяциях неандертальский генетический вклад выше, чем в европейских, и это может быть объяснено множественными событиями смешения с неандертальцами. Другое объяснение этого феномена состоит в том, что в Европе неандертальский генетический вклад разбавился при смешении с группами «базальных евразийцев», которые его не имеют.

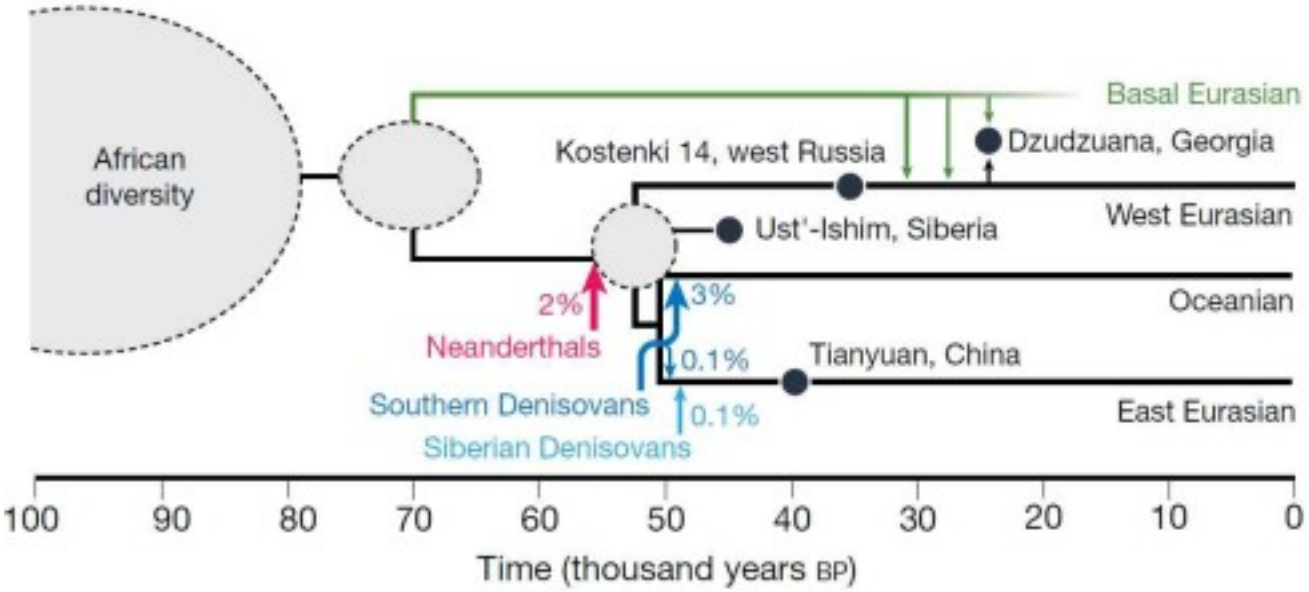
Сравнение неандертальских сегментов в геноме разных людей показывает, что в метисации принимало участие большое количество особей неандертальцев (притом, что исходное их генетическое разнообразие было невелико). К сегодняшнему дню неандертальский компонент в геноме уменьшился, так как большая часть неандертальских включений вымывалась отрицательным отбором. Предполагается, что первоначальный неандертальский вклад составлял 10%, а сейчас он снизился до 2%. Авторы пишут, что нельзя исключить сценарий ассимиляции, при котором популяция неандертальцев была поглощена более крупной и растущей популяцией современного человека.

След другой, более поздней, метисации с неандертальцами был найден у человека из румынской пещеры Oase, который получил неандертальские гены за 4-6 поколений до своей жизни. Но этот неандертальский поток, по-видимому, не оставил следа в современном населении Евразии.

Метисация с другим видом древних людей – с денисовцами, оставила примерно 3,5% денисовского вклада в геном современных популяций Океании. Генетический след денисовцев присутствует также у жителей Юго-Восточной Азии и в очень небольшом количестве (0,1%) в популяциях Восточной Азии, Южной Азии и у коренных жителей Америки. Остается вопрос о месте метисации, поскольку денисовцы из Сибири лишь отдаленно родственны гипотетической популяции «южных денисовцев», которая и оставила след в геномах жителей Океании. А предки восточноазиатских популяций (имеющих 0,1% денисовских генов), согласно одной гипотезе, смешивались с сибирскими (алтайскими) денисовцами. По длине денисовских

сегментов в геноме можно предположить, что смешение с денисовцами произошло позже, чем смешение с неандертальцами, около 45-55 тлн. Сегодня денисовский вклад в геноме современных людей, так же как и неандертальский, уменьшается за счет отрицательного отбора.

Существуют предположения о дополнительных потоках в геном современного человека от неандертальцев, денисовцев и неизвестной группы древних людей («призрачная популяция»), но пока по этому поводу не сложилось единого мнения. По мнению некоторых специалистов межвидовая метисация вовсе не была редким событием и происходила при любом контакте групп древних людей друг с другом.



Хронология событий разделения и смешения в ходе экспансии, которая дала начало большинству генетически линий современных людей за пределами Африки. Зеленой линией показаны базальные евразийцы, отделившиеся до разделения человечества на западноевразийскую и восточноевразийскую (включая Океанию) ветви. Красной и голубыми стрелками показаны генетические потоки от неандертальцев и денисовцев.

Этап 2 – возникновение вида *Homo sapiens* в Африке

В этой части авторы рассуждают о том, что известно об истории *Homo sapiens* в Африке между 300 и 60 тлн. Они отмечают, что африканские ископаемые черепа с датировками от 300 до 150 тлн демонстрируют большое разнообразие в том, что касается морфологических признаков современного человека. Напротив, технологии каменного века, возникшие в Африке около 300 тлн, единообразны в разных популяциях, что предполагает сходный тип поведения человека.

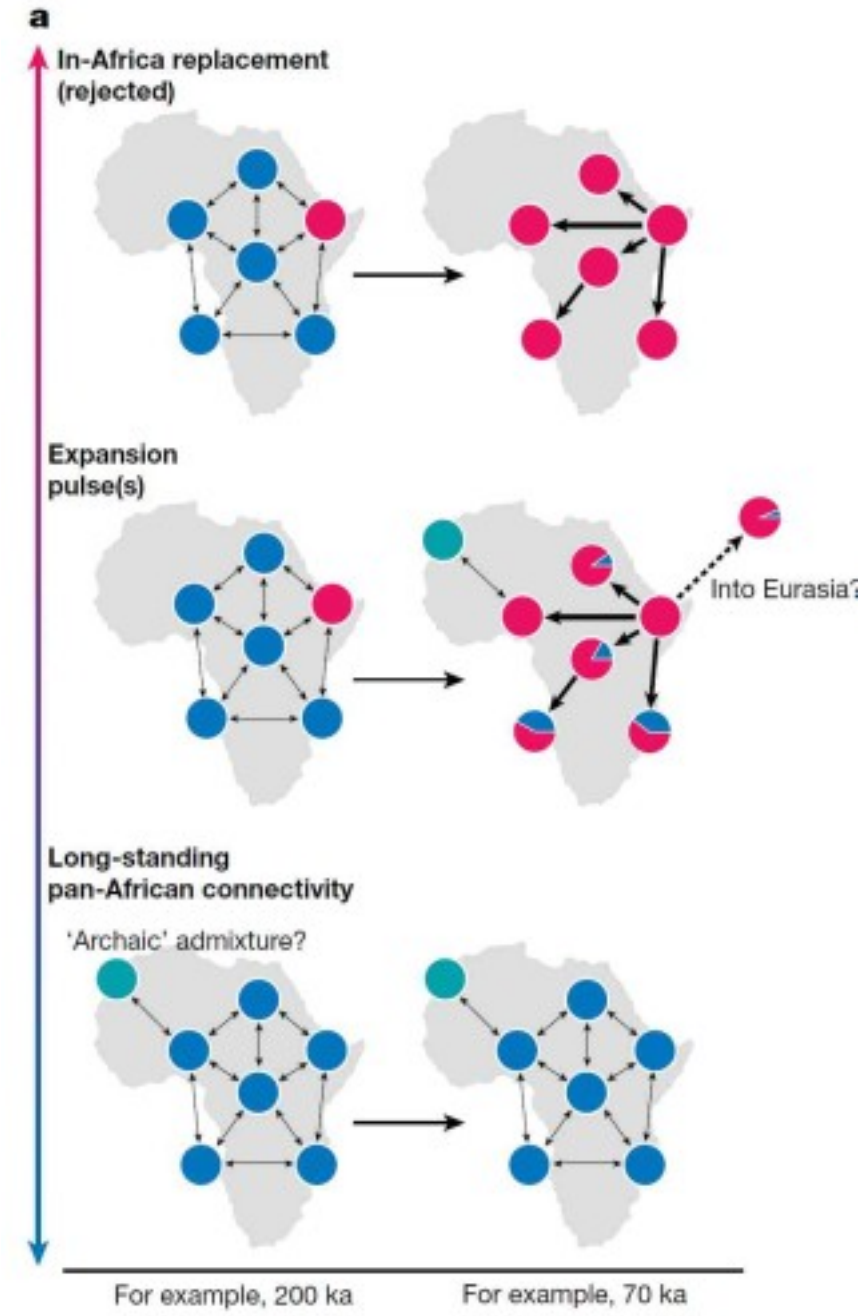
Наиболее древний череп Джебель-Ирхуд (Марокко, 315 тлн) чаще относят к виду *Homo sapiens* , несмотря на отсутствие шарообразной формы и некоторым неандертальским чертам зубов и нижней челюсти. Шаровидная форма черепа, по-видимому возникает от 200 до 150 тлн, она характерна для черепа Омо Кибиш 1 (Эфиопия, 195 тлн) и других эфиопских черепов (160 тлн). Череп Флорисбад (Южная Африка, 260 тлн) слишком фрагментарен, и его принадлежность к сапиенсам остается под вопросом. Пока неясно, сформировались ли от 300 до 200 тлн все черты, характерные для современного человека: шаровидный череп, более тонкая нижняя челюсть и др. Ключевой вопрос состоит в том, возникли ли они одновременно, обозначив момент отделения ветви *Homo sapiens*, или развивались постепенно.

Генетический анализ современных африканских популяций говорит о том, что в их истории происходило сложное смешение генетических компонентов Западной Африки, Восточной Африки и Центральной Африки. А исходная диверсификация генофонда современного человека по этим трем регионам, вероятно, произошла после отделения его ветви от неандертальцев и денисовцев. Определить точную глубину расхождения африканских линий сегодня затруднительно, поскольку древняя ДНК из Африки ограничивается временем 15 тлн, и все экстраполяции приходится делать по современным геномам. Авторы считают, что большая часть генофонда уходит корнями в период от 250 до 100 тлн. Рассматриваются модели, которые включают и примесь архаичного компонента (от ранее отделившейся ветви человека).

Авторы сравнивают экспансию современного человека по Африке с его последующей экспансией по Евразии после выхода из

Африки. При этом они убеждены, что при современном состоянии знаний, в отсутствие полной временной серии, которая бы демонстрировала распределение генетических компонентов в прошлом, невозможно точно определить, где именно в Африке проживали общие предки современного человека. Если исходить их того, что прародина современного человека должна обладать наивысшим генетическим разнообразием, можно предположить, что это Южная Африка. Но генетическое разнообразие меняется – снижается в результате «бутылочного горлышка» и увеличивается путем смешения разных популяций. Кроме того, очевидно, что люди мигрировали из тех мест, где их предки жили 200 тлн, поэтому затруднительно искать прародину современного человека по сегодняшнему географическому распределению генетических компонентов. Даже место происхождения митохондриальной Евы и Y-хромосомного Адама не обязательно означает место происхождения всего человечества.

Не так давно была выдвинута гипотеза, что предки современного человека жили в различных, но связанных между собой популяциях в разных регионах африканского континента. К сожалению, такую панафриканскую гипотезу трудно проверить современными геномными данными. В этом отношении более информативными являются исследование ископаемых останков, а также анализ древней ДНК и белков.



Три модели распространения генетической линии современного человека в Африке. Модель полного замещения из одного источника (вверху), недавней экспансии с частичным замещением более старой линии (в середине) и длительной генетической непрерывности и генетическими связями по всей Африке (внизу).

Этап 1 – отделение линии *Homo sapiens* от древних групп

В этой части статьи авторы приводят данные о предках неандертальцев и денисовцев. Наиболее известные неандертальские останки в Европе и в Южной Сибири датируются от 40 до 120 тлн.

Хотя про денисовцев известно гораздо меньше, ДНК из отложений в пещере подтвердила их обитание на Тибетском нагорье в период от 100 до 60 тлн. Кандидаты на ранних денисовцев, предположительно, имеются среди ископаемых останков в Китае возрастом от 200 до 600 тлн, многие их которых морфологически отличаются от азиатских *Homo erectus* ***(как указано выше, новые датировки*** опровергают древность китайских останков*)*.

Помимо неандертальцев, денисовцев и *Homo sapiens* генетики выявили четвертую линию, существовавшую до 300 тлн, эта супердревняя линия оказалась представлена в денисовском геноме. Супердревняя линия отделилась от общих предков неандертальцев и денисовцев от 0,9 до 1,4 млн лет назад или раньше. В качестве возможных кандидатов на супердревнюю популяцию авторы рассматривают *H. erectus* и *H. antecessor*.

Предки неандертальцев и денисовцев, по последним оценкам, разошлись с предками современного человека от 500 до 700 тлн. Рассматриваются два сценария – одномоментное полное расхождение или постепенное, растянутое во времени. В пользу последней версии говорит то, что по линиями мтДНК и Y-хромосомы неандертальцы и современные люди разделились всего лишь 350-450 тлн. Эту диспропорцию между однородительскими и аутосомным геномами можно объяснить тем, что мтДНК и Y-хромосомы перемещались между предками неандертальцев и современных людей посредством генетических потоков при их скрещивании.

Расположение ископаемых останков Homo sapiens, неандертальцев, денисовцев и других древних людей за последние 500 тлн.

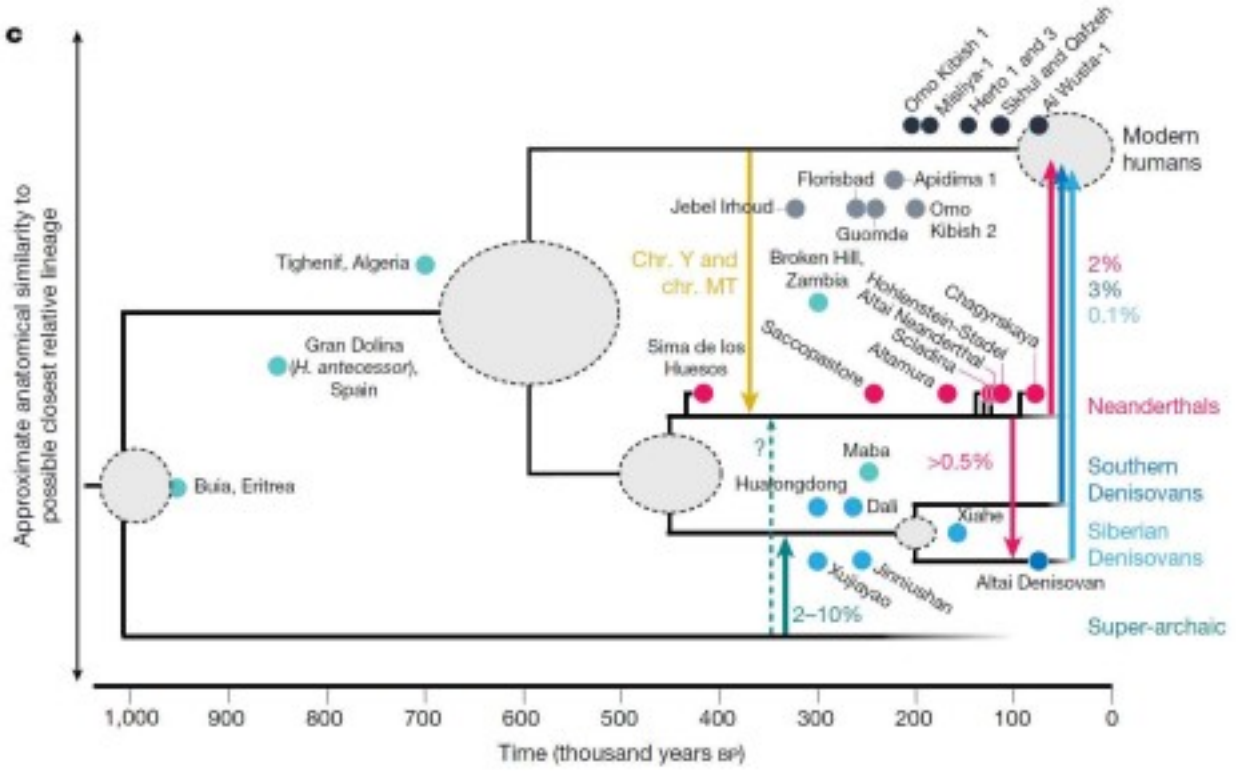
Для реконструкции этой истории очень важна ДНК человека из испанской пещеры Сима де Лос Хуэсос возрастом более 400 тысяч лет. По морфологии скелета у него неандертальские черты, его аутосомный геном ближе к неандертальскому, чем к денисовскому, но его мтДНК очень похожа на денисовскую. Выдвинута гипотеза, что эта версия мтДНК имелась у ранних неандертальцев, но впоследствии была заменена потоком от предков современного человека. Предполагается поток генов от линии современного человека к сибирским, но не европейским, неандертальцам, но в этом вопросе не хватает секвенированных с высоким качеством геномов. В то же время в последних исследованиях статистически был показан поток генов линии современного человека порядка нескольких процентов, направленный на предков всех неандертальцев.

Таким образом, предполагаются три возможных предковых линии, вошедшие в геном неандертальцев и денисовцев. 1)

супердревняя линия, отделившаяся около 1 млн лет назад; 2) первоначально предполагавшаяся «среднедревняя» линия, отделившаяся от предков современного человека 500-700 тлн; 3) недавний поток генов от предков современного человека, 200-400 тлн. Супердревняя линия предполагается для денисовцев, а недавний генетический поток – для неандертальцев.

В последней части статьи авторы рассуждают о поисках последнего общего предка современного и древних видов человека. По морфологии невозможно идентифицировать какие-либо останки начала среднего плейстоцена как представляющие общую предковую популяцию сапиенсов, неандертальцев и денисовцев, но существуют возможные кандидаты на это. К ним относятся азиатские *H. erectus, H. heidelbergensis* в Африке и Западной Азии, и похожий на неандертальца человек из Сима де Лос Хуэсос; возможные альтернативные кандидаты — европейский *H. antecessor*, Tighenif из Северо-Западной Африки и Buia из Северо-Восточной Африки.

Авторы подчеркивают потенциал изучения древних белков для взгляда в глубокое прошлое. Об этом говорят протеомные данные от европейских *H. antecessor* , по которым можно предположить их близкое родство с последним общим предком *Homo sapiens,* неандертальцев и денисовцев. Хотя пока что информация, полученная из белков эмали, имеет низкое разрешение.



Предполагаемая схема истории разделения ветвей Homo sapiens (черные линии и черные круги), неандертальцев (красные линии и красные круги) и денисовцев (синие линии и синие круги). Внизу обозначена гипотетическая супердревняя популяция. Серые круги обозначают ископаемые останки, предположительно принадлежащие к Homo sapiens. Голубые круги обозначают ископаемые останки, предположительно принадлежащие к денисовцам либо близкие к общим предкам всех трех линий. Стрелками показаны генетические потоки, связывающие разные популяции людей. Желтая стрелка обозначает замещение неандертальских Y-хромосомных и митохондриальных линий соответствующими линиями современного человека.

По мнению авторов, в вопросе происхождения современного человека многое зависит от того, что понимать под происхождением. Важно различать формирование отдельных черт анатомии, физиологии, развития мозга, сознания и поведения современного человека от его генетического происхождения. Генетические потомки современного человека могли обитать в разных географических областях и обладать или не обладать определенным набором черт. Вопрос, когда и где появился генетический компонент *Homo sapiens* , отличается от вопроса, когда и где появился сам анатомически современный человек. Любое строгое определение происхождения несет в себе риск упрощения. Современные данные говорят об Африке и Юго-Западной Азии как регионах происхождения человека в период 300-100 тлн, но где именно жили его генетические предки до этого времени, пока точно не определено.

В течение следующего десятилетия фокус палеоантропологических исследований, как считают авторы статьи, должен сместиться на ранее малоизученные регионы, такие как Центральная и Западная Африка, Индия и Юго-Восточная Азия. Чем

больше будет материала, тем точнее станут наши представления о происхождении современного человека. Совершенствуются технологические возможности исследования древней ДНК из костного материала, из отложений грунта в местах обитания древнего человека, а также исследования древних белков. Междисциплинарные подходы, сочетающие все эти направления, принесут нам новые открытия о корнях современного человечества.

текст Надежды Маркиной

Источник:

Bergström A., Stringer C., Hajdinjak M., Scerri E. & Skoglund P. Origins of modern human ancestry // *Nature* volume 590, pages229–237(2021) https://doi.org/10.1038/s41586-021-03244-5

Текст статьи можно скачать в Библиотеке сайта