Древнейшие европейские Homo sapiens не связаны непосредственным родством с современными европейцами

Исследователи прочитали геномы древнейших в Европе *Homo sapiens* – из болгарской пещеры Бачо Киро и чешской пещеры Злата Кун, ассоциированных с комплексом начального верхнего палеолита, их возраст более 40 тысяч лет назад. Оказалось, что они не были предками современных европейцев, в отличие от более молодых индивидов, моложе 40 тысяч лет назад. Анализ неандертальского вклада в их геном показал, что метисация с неандертальцами была в то время более частой, чем считали ранее.

Читайте комментарий доктора геогр. наук, в.н.с. Института геологии и минералогии СО РАН Ярослава Кузьмина, сразу после текста, в разделе «Мнение экспертов»

В журналах *Nature* и *Nature Ecology & Evolution одновременно* вышли две статьи с генетическим анализом самых древних на сегодняшний день европейских *Homo sapiens*. Ведущие авторы обеих статей представляют Институт наук от истории человека и Институт эволюционной антропологии Общества Макса Планка (Германия). Древнейшие представители анатомически современных людей в Европе жили в эпоху начального верхнего палеолита одновременно с неандертальцами, до их исчезновения около 40 тысяч лет назад. Возникает много вопросов, связанных с их родством по отношению к более поздним популяциям современного человека и с их взаимоотношениями с неандертальцами.

1, Bacho Kiro Cave; 2, Ust'Ishim; 3, Peştera cu Oase; 4, Tianyuan Cave; 5, 6, Kostenki14 (Markina Gora) and Kostenki12 (Vokovskaya); 7, Troisème Caverne of Goyet; 8, Sunghir; 9, Peştera Muierilor; 10, Grotta Paglicci; 11, Peştera Cioclovina Uscată; 12, Krems Wachtberg; 13, Yana RHS; 14, 15, Dolni Věstonice and Pavlov; 16, Grotta del Cavallo; 17, Kents Cavern; 18, Grotta di Fumane; 19, Brno-Bohunice; 20, Stánska Skála III; 21, Temnata; 22, Kulychivka; 23, Korolevo 1 and 2; 24, Shlyakh; 25, 26, Üçagizli and Kanal Cave; 27, Um el'Tlel; 28, Jerf Ajlah; 29, Yabrud II; 30–32, Antelias; Abou Halka and Kaar Akil; 33–35, Emireh, El Wad and Raqefet; 36, Boker Tachtit; 37, Denisova Cave; 38, Kara-Bom; 39, Ust-Karakol 1; 40, Kara-Tenesh; 41, Makarvo IV; 42, Kamenka A–C; 43, Khotyk; 44, Podzvonkaya; 45, 46, Tolbor4 and Tolbor16; 47, Tsangan-Agui; 48–50, Suindonggou1, 2 and 9

Археологические сайты с останками Homo sapiens и/или комплексом артефактов начального верхнего палеолита. Сайты с геномными данными древнее 40 тыс. лет назад (красные кружки), древнее 30 тыс. лет назад (желтые кружки); сайты (в

Европе) с останками древнее 40 тыс. лет назад (красные квадраты), сайты с комплексом артефактов начального верхнего палеолита (черные квадраты).

Первая статья (Hajdinjak et al., 2021), с участием Сванте Паабо, посвящена индивидам из пещеры Бачо Киро в Болгарии, про предыдущее исследование найденных здесь фрагментов костей и зубов можно прочитать на сайте. Четыре образца из Бачо Киро были ассоциированы с комплексом артефактов начального верхнего палеолита (НВП), их радиоуглеродная датировка показала возраст от 45 930 до 42 580 лет назад. Другие два образца были датированы более поздним возрастом: 36 320 – 35 600 и 35 290 — 43 610 лет назад. В предыдущей работе исследовалась митохондриальная ДНК этих индивидов.

В данной работе из фрагментов зубов и костей выдели ядерную ДНК и после обогащения секвенировали от 57 293 до 3 272 827 таргетных SNP на образец. Сравнение фрагментов X-хромосомы и аутосом показало, что четыре образца (F6-620, AA7-738, BB7-240 и CC7-335) принадлежали мужчинам, а два (BK1653 и CC7-2289) – женщинам. Фрагменты костей F6-620 и AA7-738, оба принадлежащие мужчинам, имели идетичную мтДНК, а по сходству ядерной ДНК исследователи пришли к выводу, что это один и тот же человек.

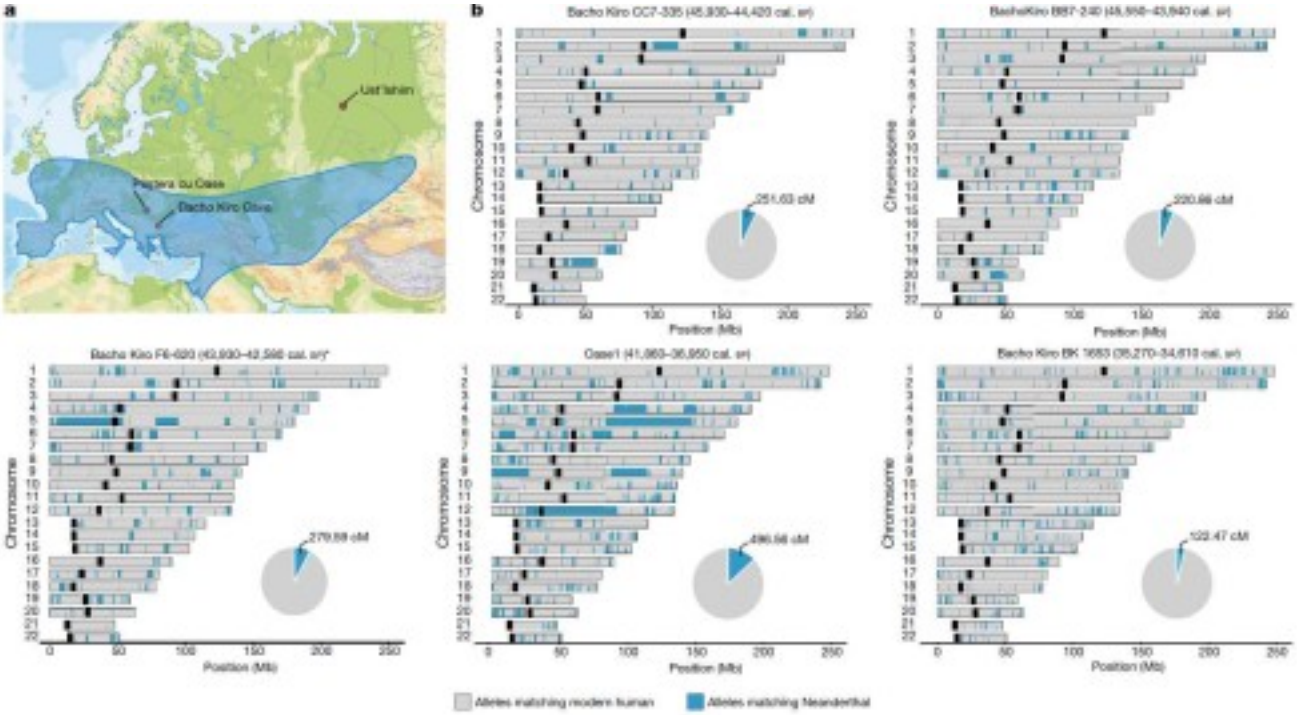
Путем секвенирования 6,9 Mb на Y-хромосоме авторы определили, что индивид F6-620 обладал гаплогруппой F (F-M89), в то время как BB7-240 и CC7-335 — гаплогруппой C1 (C-F3393). Обе эти линии достаточно редки в современных популяциях: встречаются лишь в Юго-Восточной Азии и в Японии, причем с низкой частотой.

Используя метод f3 статистики, авторы оценили степень генетического сходства между индивидами из Бачо-Киро и другими древними *Homo sapiens*. Оказалось, что три индивида начального верхнего палеолита более сходны друг с другом, чем с другими образцами. А более поздний индивид BK1653 (35 тыс. лет назад), проявляет сходство с людьми последующего верхнего палеолита, в том числе с GoyetQ116-1 (35 тыс. лет назад) из Бельгии и кластером Вестониче (Чехия), который ассоциируют с культурным комплексом граветт.

При сравнении людей из Бачо-Киро с современными популяциями авторы нашли, что индивиды эпохи НВП разделяют больше общих аллелей с популяциями Восточной Азии, Центральной Азии и Америки, чем с популяциями Западной Евразии. В то же время более поздний BK1653 по общим аллелям ближе к Западной Евразии. Авторы исследовали, связано ли это с тем, что современные популяции Западной Евразии получили генетический вклад от «базальных евразийцев» — ранней ветви, отделившейся от ствола современных людей после их выхода из Африки. Для этого они сравнили индивидов из Бачо Киро, Усть-Ишим и Oase 1 (Румыния) и Костенки-14 (Воронежская область). Индивиды из Бачо-Киро генетически были более похожи на Тяньюань (40 тыс. лет назад) из Китая и древних людей из Сибири и Америки, чем на европейского Костенки-14 (38 тыс. лет назад). Хотя проявляли сходство с другими древними европейцами – Oase1 и GoyetQ116-1.

Проверив несколько моделей популяционной истории, авторы пришли к заключению, что индивиды из Бачо-Киро начального верхнего палеолита были в родстве с популяциями, которые внесли вклад в Тяньюань и в меньшей степени в GoyetQ116-1 и Усть-Ишим. Это объясняет ранее непонятное сходство между GoyetQ116-1 и Tianyuan без допущения генетического потока на такое большое расстояние. Модель также предполагает, что более поздний индивид из Бачо-Киро BK1653 принадлежал к популяции, родственной, но не идентичной GoyetQ116-1.

Во всех геномах из Бачо Киро ученые подсчитали генетический вклад неандертальцев. В геномах индивидов F6-620, BB7-240 и CC7-335 (начального верхнего палеолита) он составил 3,8%, 3,0% и 3,4%, соответственно. Большее его количество находили только в геноме Oase1 (6,4%). Вместе с тем, у позднего индивида из Бачо Киро (BK1653) неандертальский вклад был таким же, что у современных европейцев (1,9%). Более детальный анализ показал, что древние индивиды F6-620, CC7-335 и BB7-240 несут 279,6, 251,6 и 220,9 сантиморганид (cM) неандертальских сегментов, самый длинный сегмент достигал 54.3 cM. По распределению длины неандертальских интрогрессий авторы вычислили, что они имели неандертальских предков в своей недавней истории – шесть-семь поколений назад.

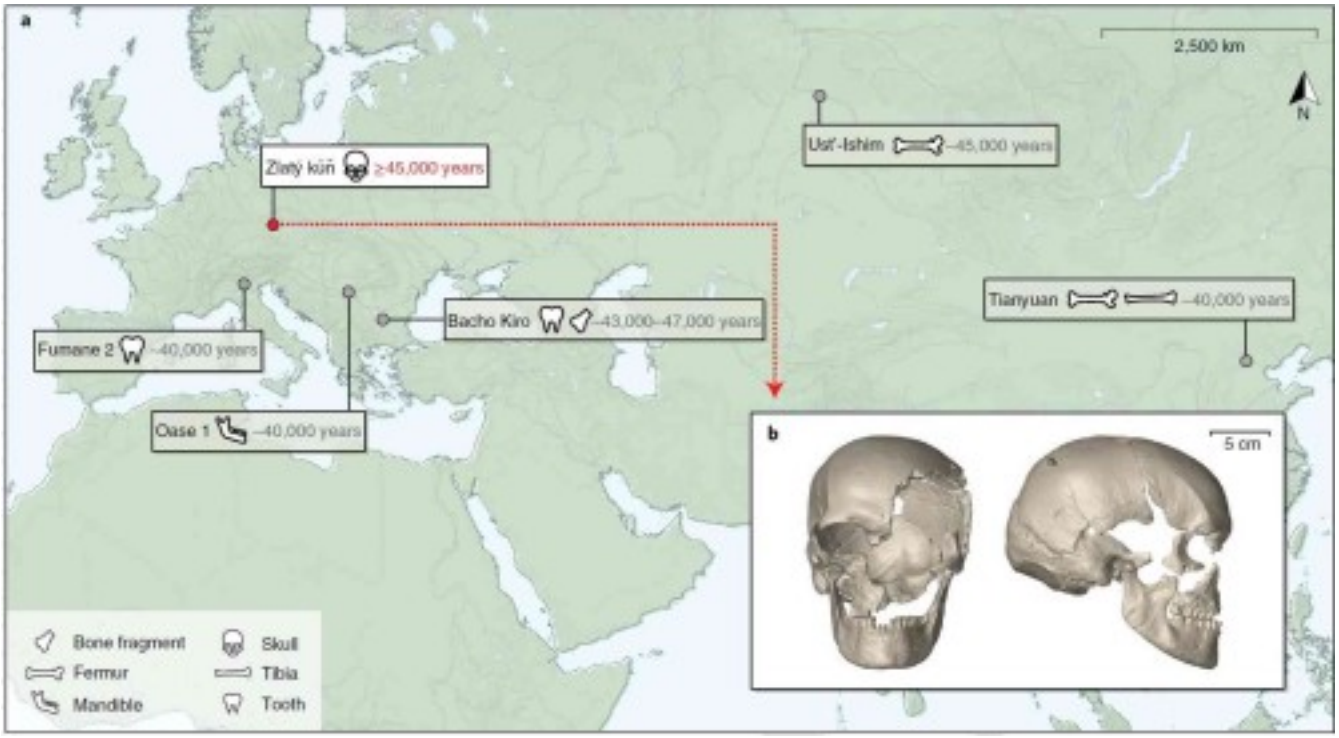


a. Ареал неандертальцев (голубая область); местоположение пещеры Ку Оасе, Бачо Кира и находки образца из Усть-Ишима. b. Распределение сегментов неандертальской ДНК в древних геномах. Сегменты длиннее 0,2 сМ показаны голубым. Круговые диаграммы показывают долю неандертальской ДНК в каждом геноме.

Чтобы точнее оценить вклад людей из Бачо-Киро в поздние популяции Евразии, посмотрели, присутствуют ли сегменты генома, полученные ими от неандертальцев, в современных популяциях. Такие сегменты, общие с древними Бачо-Киро, нашли в популяциях современных жителей Восточной Азии, но не Западной Евразии. Напротив, у позднего Бачо-Киро обнаружились общие неандертальские сегменты с популяции Западной Евразии.

Из анализа геномов из Бачо Киро авторы приходят к выводу, что в течение начального верхнего палеолита в Евразии сосуществовали несколько популяций *Homo sapiens*. Некоторые из них, которых представляют Оасе-1 и Усть-Ишим, вообще не проявляют родс тва с современным населением Евразии. В то же время древние индивиды из Бачо Киро, вероятно, внесли вклад в последующие популяции Азии, но не Европы. В отличие от них, более поздний индивид из Бачо Киро находится в родстве с современными европейцами. Поскольку люди из Бачо Киро имеют в геноме значительный вклад неандертальцев, причем приобрели его совсем недавно, можно предположить, что эпизоды метисации с неандертальцами были более распространены в верхнем палеолите, чем считали ранее.

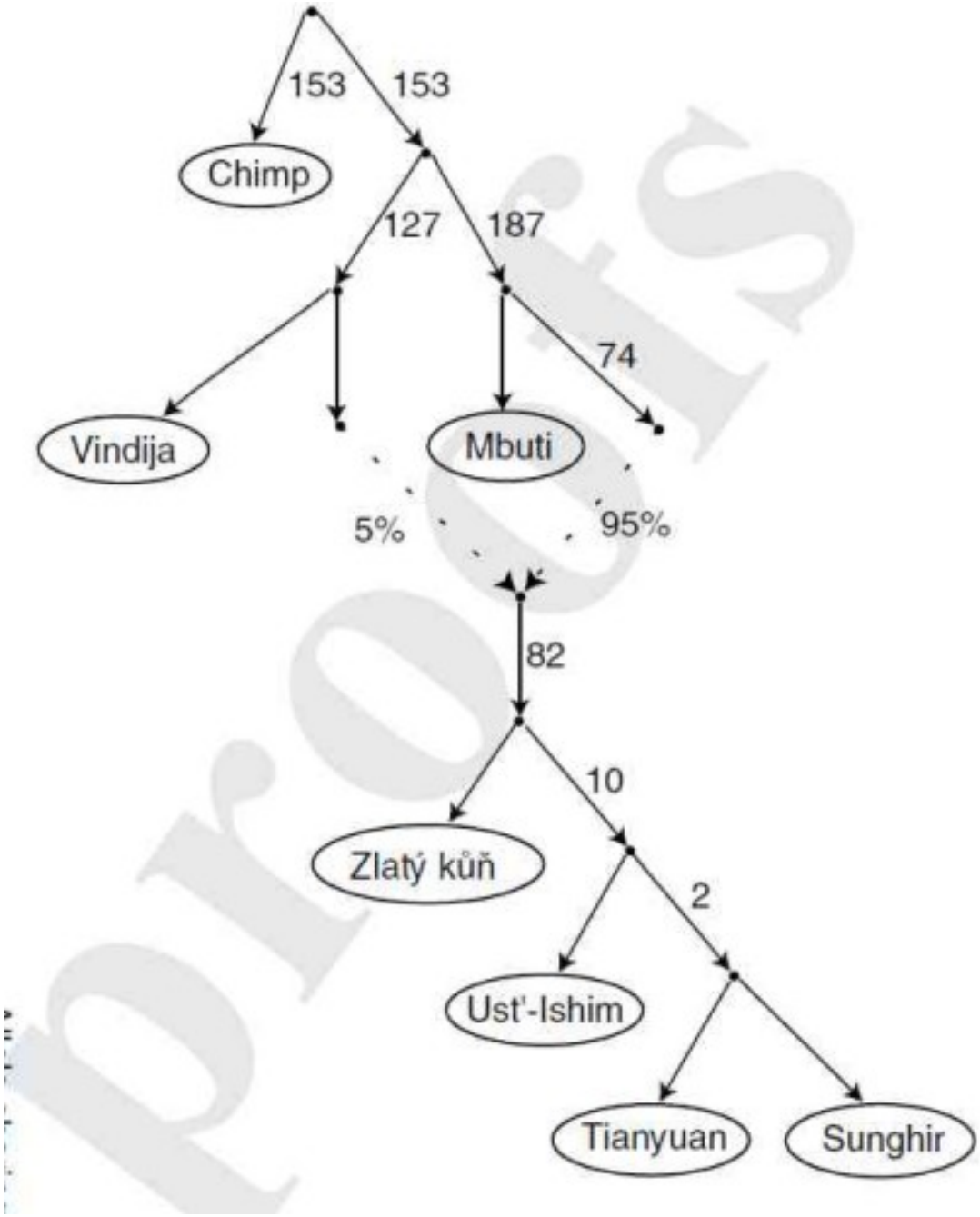
В другой статье, опубликованной в журнале *Nature Ecology & Evolution,* представлен генетический анализ хорошо сохранившегося черепа, найденного в пещере Злата Кун (Золотой конь) в Чехии. Череп также сопровождался артефактами начального верхнего палеолита (НВП). Однако с радиоуглеродной датировкой возникли сложности – череп был сильно загрязнен, и это осложняло датировку по коллагену. Несколько измерений привели к разным результатам, пока, в конце концов авторы не провели датировку по одной аминокислоте из коллагена – гидроксипролину и получили 34 тысяч лет назад. Хотя последующие исследования показали, что череп, скорее всего, более древний.



a. Географическое расположение останков Злата Кун и других, возрастом около 40 тысяч лет (Усть-Ишим, Оасе 1, Тяньюань, Фунаме 2 и Бачо Киро). b. Виртуальная реконструкция черепа Злата Кун по компьютерной томографии.

МтДНК из черепа секвенировали с покрытием 150x и определили гаплогруппу N. Сравнение митохондриальных мутаций с мтДНК индивидов из Бачо-Киро указало на возраст Злата Кун — около 43 тысяч лет. Ядерный геном, с использованием методики таргетного обогащения, секвенировали с покрытием 3,8x. Сравнение фрагментов X-хромосомы и аутосом подтвердило первоначальный вывод, что череп принадлежит женщине.

Для оценки генетического сходства Злата Кун с современными и древними популяциями, использовали методы обнаружения общих аллелей (f3, f4 и D статистику). Оказалось, что геном Злата Кун по общим аллелям был ближе к азиатским, чем к европейским современным популяциям (так же как геномы индивидов из Бачо Киро). Сравнение с древними геномами показывает, что образец Злата Кун расположен на ветви Homo sapiens до разделения человечества на европейскую и азиатскую ветви. Анализ показал, что женщина из Злата Кун принадлежала к популяции, которая самой первой отделилась от верви, впоследствии приведшей к человеку из Усть-Ишима и другими древним евразийцам.



Родственные связи между древними геномами, определенные методом Admixture graph.

В геноме Злата Кун нашли 3,2% неандертальского вклада. По распределению длины неандертальских сегментов авторы вычислили, что женщина имела неандертальских предков 74-78 поколений назад. Это довольно сильно отличается от оценки, которая была получена для людей из Бачо Киро (6-7 поколений назад), так что, вероятно, это были разные эпизоды метисации с неандертальцами, которая в верхнем палеолите была довольно обычным явлением. Для сравнения провели такую же оценку для генома Усть-Ишим и получили смешение 94-99 поколений назад.

Большая часть неандертальского вклада в геном современных людей происходит от европейских, но не алтайских неандертальцев. Для Злата Кун оказалось то же самое. Авторы предположили, что Злата Кун и Усть-Ишим получили неандертальский вклад от общего события смешения, исходя из этого, они должны быть одного возраста (45 тыс. лет назад) или Злата Кун на несколько веков старше.

Таким образом, и в этой работе исследователи не получили свидетельств генетической преемственности древнейших европейских *Homo sapiens* и современных европейцев. Иными словами, их нельзя считать нашими непосредственными предками. Линия *Homo sapiens* в Европе прерывается в районе 40 тысяч лет назад. По мнению авторов, при чиной этого могло стать мегаизвержение Флегрейских полей – мощное вулканическое извержение, произошедшее 39 тыс. лет назад к северо-западу от Неаполя. После этого события климат Северного полушария стал значительно холоднее. Однако же детальную реконструкцию этого периода заселения Европы можно будет получить только в ходе будущих исследований с прочтением

новых древних геномов.

текст Надежды Маркиной

Источники:

Mateja Hajdinjak, Fabrizio Mafessoni, Laurits Skov et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry // Nature. 2021. https://doi.org/10.1038/s41586-021-03335-3

https://www.nature.com/articles/s41586-021-03335-3

Kay Prufer, Cosimo Posth, He Yu et al. A genome sequence from a modern human skull over 45,000 years old from Zlaty kůň in Czechia // *Nature Ecology & Evolution. 2021.* https://www.nature.com/articles/s41559-021-01443-x