Отбор работает против неандертальской ДНК в нашем геноме

В статье, опубликованной в журнале PLoS genetics предложено объяснение тому, почему, несмотря на имевшую место метисацию *Homo sapiens* с неандертальцами, эти два вида человека не смешались и не разделили общую судьбу, а продолжали существовать отдельно. Авторы проанализировали в геномах современных людей ДНК-последовательности неандертальского происхождения. Для этого они использовали опубликованные базы данных, в частности, опубликованные группой Дэвида Райха (о его полногеномной статье и пересчете неандертальского вклада читайте на сайте).

Подтвердился вывод о том, что геномы жителей Юго-Восточной Азии несут в среднем больше неандертальской ДНК, чем европейцы. Но главное – авторы статьи зафиксировали признаки того, что неандертальские аллели (генетические варианты) в современных геномах несут признаки отрицательного отбора, иными словами, постепенно вымываются из генома. Исследователи пришли к заключению, что неандертальские аллели в слабой степени неблагоприятны для выживания организма, именно поэтому отбор направлен против них. В то же время в популяции неандертальцев эти аллели были нейтральны для отбора. Причину таких различий ученые видят в разнице эффективного размера популяций неандертальцев и сапиенсов. Гораздо более многочисленная популяция сапиенсов эффективнее избавлялась от слабовредных генетических вариантов, чем небольшая популяция неандертальцев. Поэтому в межвидовых потомках неандертальский генетический вклад со временем все более уменьшался.

Источник:

The Strength of Selection against Neanderthal Introgression

Ivan Juric , Simon Aeschbacher , Graham Coop

Статья в открытом доступе:

http://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1006340