

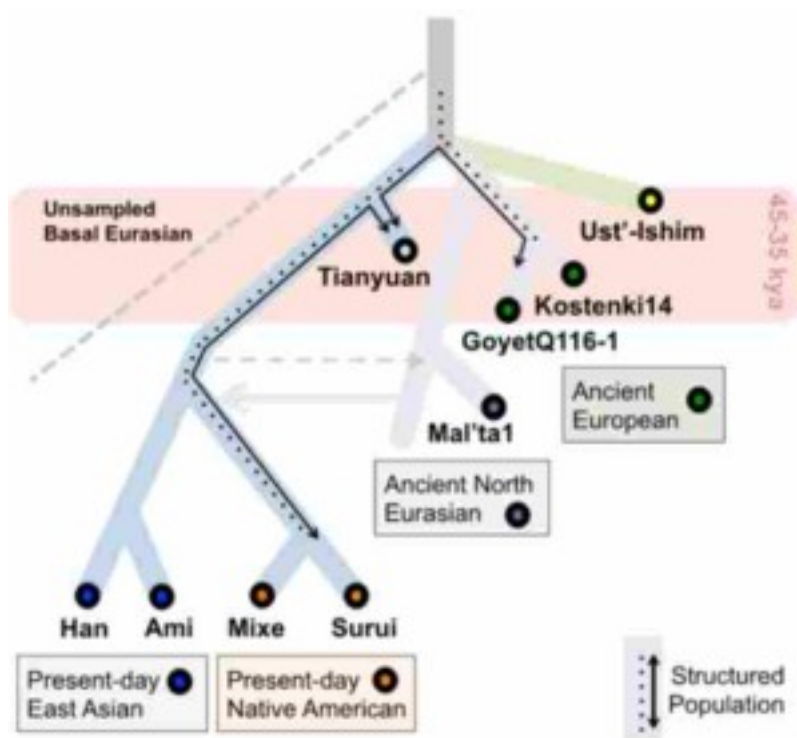
Итоги 2017 года от палеогенетиков по версии сайта «Генофонд.рф»

В материалах наших коллег подведены археологические и антропологические итоги 2017 года. Мы же попробуем подвести итоги уходящего года в области палеогенетики. Перечислим самые яркие, на наш субъективный взгляд, исследования из числа тех, что нашли отражение на сайте «Генофонд.рф». Эти исследования обозначают наиболее интересные проблемы, которые решаются методами анализа древней ДНК.

Появляется все больше данных о древних геномах их Африки, проливающих свет на самые первые этапы истории человечества. В статье [Понтуса Скогланда и Дэвида Райха в журнале Cell](#) опубликованы геномы 16 древних индивидов из Африки южнее Сахары возрастом от 8100 до 400 лет. С использованием новых данных авторы предлагают картину генетических смешений и перемещений, которая привела к формированию современных африканских популяций. В другой статье, шведских генетиков, [опубликованной в журнале Science](#), проведен анализ семи древних геномов из Южной Африки. В статье дана новая оценка времени возникновения первой развилки на древе человечества, отделившей предков бушменов от предков прочих африканских и неафриканских популяций – в диапазоне от 350 до 260 тысяч лет назад.

Была опубликована обобщающая статья в Science по дискуссионному вопросу – один или много раз современный человек выходил из Африки. Ее авторы, опираясь на последние данные археологии, палеоантропологии и палеогенетики, [представили наиболее вероятную картину](#) расселения *Homo sapiens* и их взаимоотношений с другими видами *Homo*. Наиболее вероятным они считают сценарий, в котором сочетаются несколько ранних выходов из Африки (до 60 тыс. лет назад) и один основной поздний выход (около 60 тыс. лет назад).

С гипотезой ранних выходов из Африки согласуется вывод [работы, опубликованной в Nature](#), о том, что анатомически современный человек обитал на островах Индонезии уже в период от 73 до 63 тыс. лет назад. К этому выводу привела уточненная датировка останков из пещеры Лида Аджер, находящейся в тропических дождевых лесах Суматры.



Предлагаемая схема заселения Евразии и Америки (из статьи Yang et al.)

Штрих к картине заселения Евразии внесла [работа с исследованием 40-тысячелетнего генома](#) человека из китайской пещеры Тяньюань. Его анализ показал генетическую близость к предкам популяций Восточной и Юго-Восточной Азии и обозначил картину популяционного разнообразия в верхнем палеолите. Исследователи полагают, что 40-35 тыс. лет назад на территории Евразии обитали не менее четырех популяций, которые в разной степени оставили генетический след в современном населении.

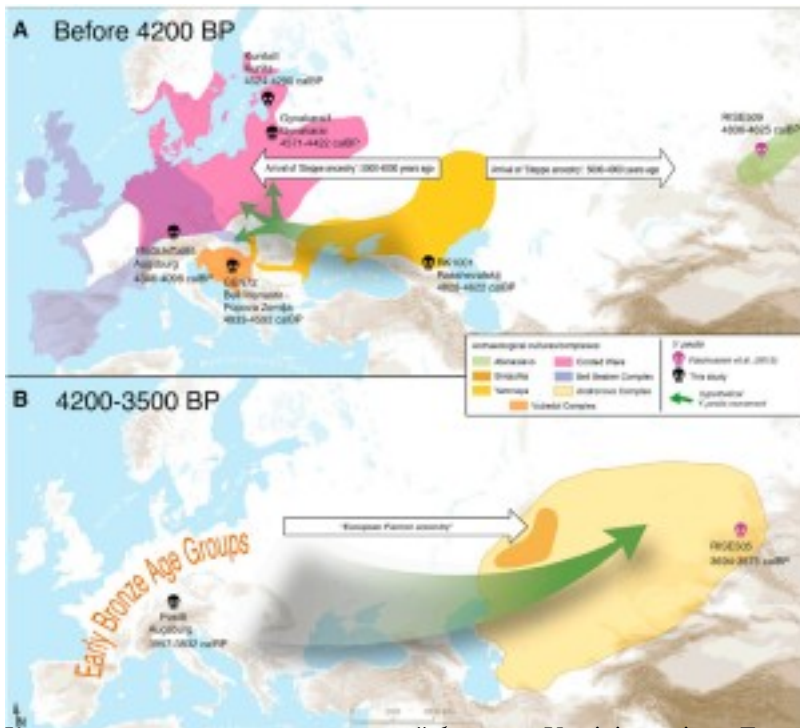


Скульптура из поселения Лепенски Вир

В истории заселения Европы один из наиболее остро обсуждаемых вопросов – это взаимоотношение ранних земледельцев, несущих навыки культивирования растений и одомашнивания животных с Ближнего Востока, с местными племенами охотников-собирателей. В разных работах ответ на этот вопрос дается по-разному. Например, в [статье испанских генетиков журнале Scientific Reports](#), исследуя митохондриальную ДНК разных периодов из разных регионов Европы, авторы делают вывод, что ближневосточные земледельцы почти полностью замещали охотников-собирателей, а генетическое смешение между ними было минимальным. Авторы [статьи в Nature](#) на основе изучения ядерной ДНК приходят к противоположному выводу—о мирном сосуществовании земледельцев с европейскими охотниками-собирателями и о постоянно происходящем генетическом смешении. К тому же выводу приходят и авторы [статьи о неолите в Балканском регионе](#): об интенсивном генетическом смешении и культурном обмене местных охотников-собирателей и мигрировавших земледельцев.

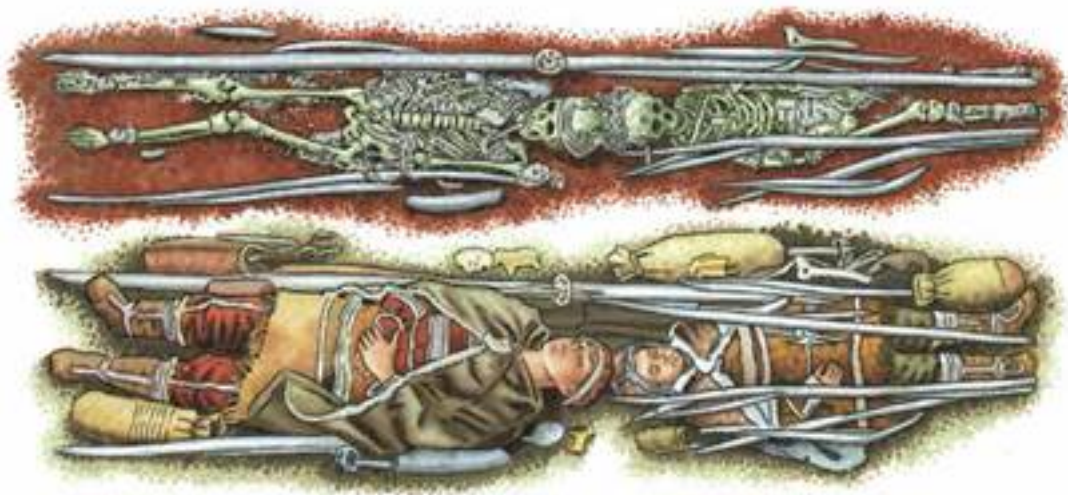
Дискуссионным остается «гендерный вопрос» в истории заселения Европы. Ранее была выдвинута гипотеза, что в то время как в миграции неолитических земледельцев участвовали как мужчины, так и женщины, миграция степных кочевников (предположительно ямной культуры) была преимущественно мужской. Однако [Иосиф Лазаридис и Дэвид Райх опровергают этот тезис](#), доказывая, что он стал следствием биоинформатической ошибки. Тем не менее, во многих последующих статьях специалисты возвращаются к идее о мужском характере степной миграции бронзового века. О разной демографической истории заселения Европы по мужским и женским линиям говорят и результаты работы, в которой эта история [реконструировалась по современным геномам](#). Авторы приходят к такому выводу, сравнивая геномные результаты по мтДНК и Y-хромосоме из европейских популяций. К этому можно добавить исследования образа жизни и мобильности разных полов в прошлые эпохи. Одни авторы получили данные, что на переходе от неолита к бронзовому веку [женщины были мобильнее мужчин](#). А другие, изучив антропологические показатели женщин разных исторических периодов, приходят к выводу, что в неолите и начале бронзы [женщины занимались в общинах интенсивной и стационарной ручной работой](#), а мужчины были более мобильными.

Продолжились палеогенетические исследования чумы и обсуждение вопроса, каким и путями чума попала в древнюю Европу. В работе под руководством Йоханнеса Краузе, сначала опубликованной в препринте, а затем [в журнале Current Biology](#), представлены данные по древним геномам чумной бациллы. Авторы делают вывод о ключевом значении в переносе чумы в Европу массовой миграции из причерноморско-каспийских степей около 5000 лет назад. Причем, поскольку степной коридор между Европой и Азией был двусторонним, возбудитель чумы впоследствии вернулся из Европы в Южную Сибирь. А в работе, пока выложенной на сайте препринтов, но предназначенной для журнала Human Biology, генетики попытались [оценить генетическое здоровье наших предков](#), изучив древние геномы по аллелям, ассоциированным с болезнями. Оказалось, что генетический риск заболеваний выше у более древних индивидов (9500 лет и старше), чем у более молодых (3500 лет и моложе). А скотоводы оказались более генетически здоровыми, чем охотники-собиратели и земледельцы.



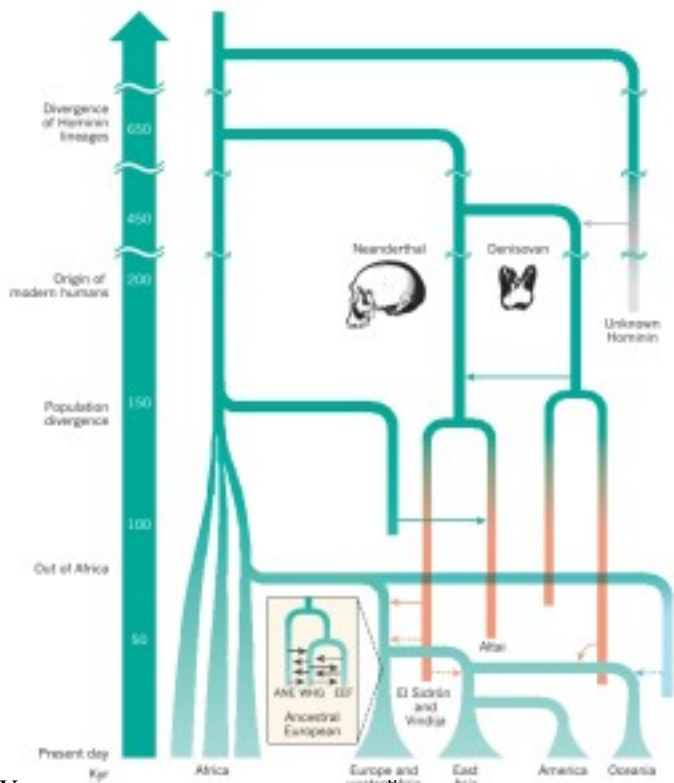
Карта предполагаемых передвижений бактерии *Yersinia pestis* по Евразии.

Несколько работ было посвящено исследованию формирования разнообразия человечества по пигментации кожи. Так, выяснилось, что аллели, обеспечивающие светлый цвет кожи, [возникли еще в Африке](#). Они более древние и появились задолго до формирования современного человека как вида. Неожиданные результаты принесло [исследование четырех геномов с палеолитической стоянки Сунгирь](#). Оно показало, что сунгиры при всей малочисленности их популяции каким-то образом избегали близкородственным браков. Но самое удивительное оказалось в том, что один из двух подростков из известного двойного захоронения оказался не девочкой, как до сих пор считали, а мальчиком.



Интересный результат получен при исследовании и других древних геномов с территории России – из пещеры «Чертовы ворота» в Приморье (статья [опубликована в журнале Science Advances](#)). Эти геномы оказались близки к геномам из современной популяции ульчей – коренного народа Приморья. Авторы статьи считают, что ульчей можно считать вероятными генетическими потомками охотников-рыболовов-собирателей из «Чертовых ворот».

И нельзя не упомянуть обобщающую статью Эске Виллерслева, [опубликованную в журнале Nature](#), в которой представлена общая картина заселения мира от генетиков по данным последних исследований современной и древней ДНК. Представлена картина миграций в глобальном масштабе, пути освоения континентов и схемы генетических потоков между человеком современного типа и древними видами человека.



Упрощенная модель эволюционной истории человека из статьи группы Виллерслева.

текст Надежды Маркиной