

Метисация современных людей с денисовцами происходила, как минимум, дважды

Новый алгоритм поиска в современных геномах включений древних видов привел к новым выводам о метисации современного человека с денисовцами. В геномах популяций Южной Азии и папуасов найдена самая большая доля денисовских включений, полученная в одном эпизоде. В геномах популяций Восточной Азии эта доля меньше, но указывает на два эпизода смешения с двумя популяциями денисовцев. Одна из этих популяций родственная алтайским денисовцам, другая – не очень родственна.

В журнале Cell [опубликована статья](#) с новым представлением о генетическом вкладе древних людей в наш геном. В данном случае речь идет, в основном, о денисовцах. Напомним, что незначительные костные останки этого вида (фаланга пальца и три зуба) были найдены в Денисовской пещере на Алтае, и ДНК из этих останков прочитана с достаточно высоким качеством (группой Сванте Паабо геном денисовца [был секвенирован с покрытием 30x](#), для древних геномов это очень высокая степень надежности). Ранее было показано, что фрагменты, унаследованные от денисовцев, содержатся в геномах современных жителей Океании, причем больше всего – в [геномах жителей Меланезии](#) (от 1,9% до 3,4%).

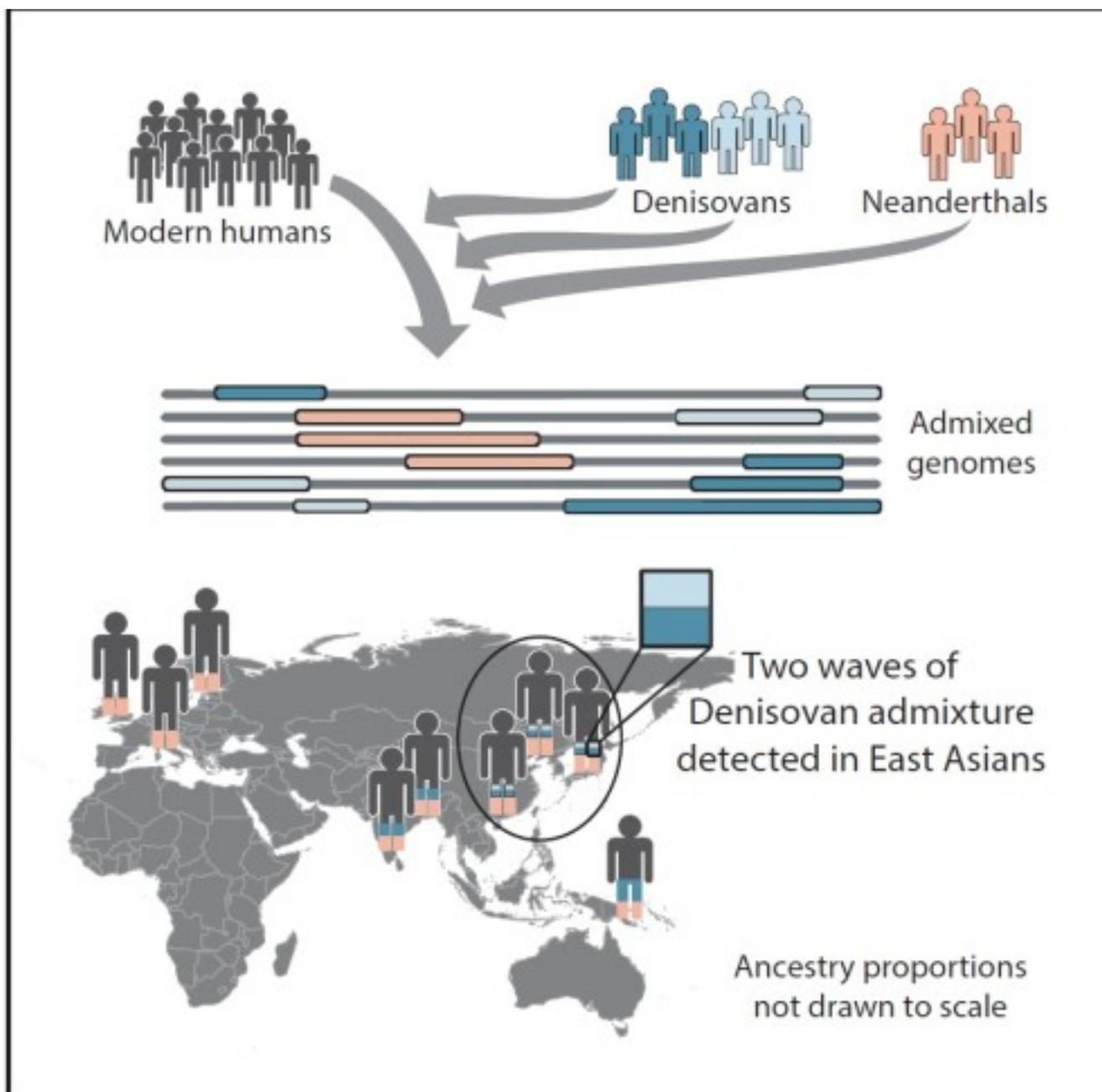
В новом исследовании специалисты из Вашингтонского университета под руководством Шэрон Браунинг (Sharon Browning) проанализировали ДНК 5639 человек из разных популяций Евразии и Океании (все данные были взяты из базы проекта «1000 геномов»). Авторы статьи использовали свой собственный алгоритм для поиска в современных геномах последовательностей, заимствованных от древних людей. В отличие от применявшегося ранее, этот подход не требует наличия референсного генома древнего вида. Он основан на сравнении аллелей в геноме популяции, предположительно, испытавшей смешение с древним видом, и в геноме популяции, заведомо с ним не смешивающейся. Разрешение метода и использование в работе большого количества геномов позволяет определить эпизоды генетического смешения с точностью не менее 93%.

В геномах популяций Восточной Азии (японской и трех китайских) авторы обнаружили, что сегменты, унаследованные от денисовцев, распределены бимодально, что говорит о двух эпизодах включения в ДНК денисовских фрагментов. Причем одна группа этих включений была схожа с ДНК алтайских денисовцев, а другая группа — не очень схожа. Авторы рассматривают это как свидетельство смешения восточноазиатских геномов в двумя популяциями денисовцев (одна родственная алтайским денисовцам, а другая не очень родственна).

В то же время, в геномах папуасов и южноазиатских популяций не наблюдалось бимодального распределения денисовских включений, что указывает на один эпизод смешения. Причем, популяция денисовцев, с которыми они смешивались, как раз не очень родственна алтайским денисовцам.

Возможный сценарий, приведший к такому результату, считают авторы, это дополнительный эпизод смешения с денисовцами популяций Восточной Азии, который имел место после разделения ветвей Восточной и Южной Азии.

Что касается неандертальских включений в геном, то авторы работы подтвердили большую долю этих включений в популяциях Восточной Азии, чем в популяциях европейцев (на 30%). Но не нашли признаков нескольких эпизодов смешения, найденных в [некоторых других исследованиях](#). Они считают, что меньшая доля неандертальских включений в европейских популяциях – это результат «растворения» неандертальского вклада в Европе из-за миграций популяций, этого вклада не имеющих. Вторая волна неандертальского смешения с популяциями Восточной Азии, на их взгляд, менее вероятна.



Предложенная авторами схема метисации современных людей (черные человечки) с неандертальцами (розовые) и денисовцами (голубые). Показаны две волны метисации в популяциях Восточной Азии.

Наконец, генетики проанализировали, какие гены, полученные из древних геномов, были подхвачены положительным отбором. Что касается неандертальских включений, то в их составе отбор шел по генам пигментации и генам иммунной системы. В работе нашли несколько новых генов, связанных с производством иммуноглобулинов и хемокинов. По-видимому, метисация с неандертальцами способствовала адаптации современного человека к разнообразному ландшафту патогенов Евразии.

текст Надежды Маркиной

Источник:

[Analysis of Human Sequence Data Reveals Two Pulses of Archaic Denisovan Admixture](https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.02.031)

Sharon R. Browning et al.

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.02.031>

