

# Пионеры выхода из Африки несли свои гены неандертальцам

[Надежда Маркина](#)

Сто тысяч лет назад: генетический поток от человека современного вида к алтайским неандертальцам

**История взаимоотношений человека современного вида и неандертальцев оказалась непростой и долгой. Не только неандертальцы оставили след в нашем геноме. Обнаружен генетический поток и от *Homo sapiens* к предкам алтайских неандертальцев. Он указывает на раннюю — около 100 тысяч лет назад — метисацию, что происходила еще до основной волны выхода наших предков из Африки.**

Статья большого международного коллектива, [опубликованная в последнем выпуске журнала Nature](#), представила гораздо более сложную картину взаимоотношений человека современного вида со своими родственниками – неандертальцами, чем это представлялось до сих пор.

## Расходились и сходились

Ветви *Homo sapiens* и *Homo neanderthalensis* на эволюционном древе человека разошлись в интервале от 800 до 400 тыс. лет назад. Анализ геномов алтайских денисовцев и неандертальцев показывает, что они разделились 380-470 тыс. лет назад. Но вслед за расхождением видов-подвидов человека последовали эпизоды обратных генетических потоков, свидетельствующих о метисации между ними.

Метисация *Homo sapiens* с неандертальцами была доказана, когда в современном геноме нашли осколки неандертальских последовательностей ДНК. Для каждого отдельного человека неафриканского происхождения они составляют от 1 до 3% генома, но поскольку у разных людей эти последовательности разные, то в целом в популяциях Евразии [циркулирует примерно 20% неандертальского генома](#). По современным представлениям, основная волна метисации произошла вскоре после выхода *Homo sapiens* из Африки, около 65 тысяч лет назад, хотя, как продемонстрировал геном сапиенса с территории Румынии, [случалась и более поздняя метисация](#), и не на Ближнем Востоке, а в Европе.

Были обнаружены также потоки генов от денисовцев к современному человеку, от неандертальцев к денисовцам и к денисовцам же — от еще неизвестной группы древних людей, отколовшейся от остальных около 1 млн лет назад. Но до сих пор не находили обратных потоков генов – от человека современного вида к древним видам. Очевидно, потому, что геномы неандертальцев и денисовцев удавалось изучить лишь частично.

## Новое исследование

Полнее их исследовать удалось группе исследователей из Института эволюционной антропологии Общества Макса Планка (Германия) и других научных коллективов США, Испании, Израиля, Китая, Германии, Хорватии и Канады. Они отыскали следы более ранней метисации между человеком современного вида и неандертальцами, происходившей около 100 тысяч лет назад. Причем нашли эти следы не в геномах современного человека, а в неандертальском геноме.

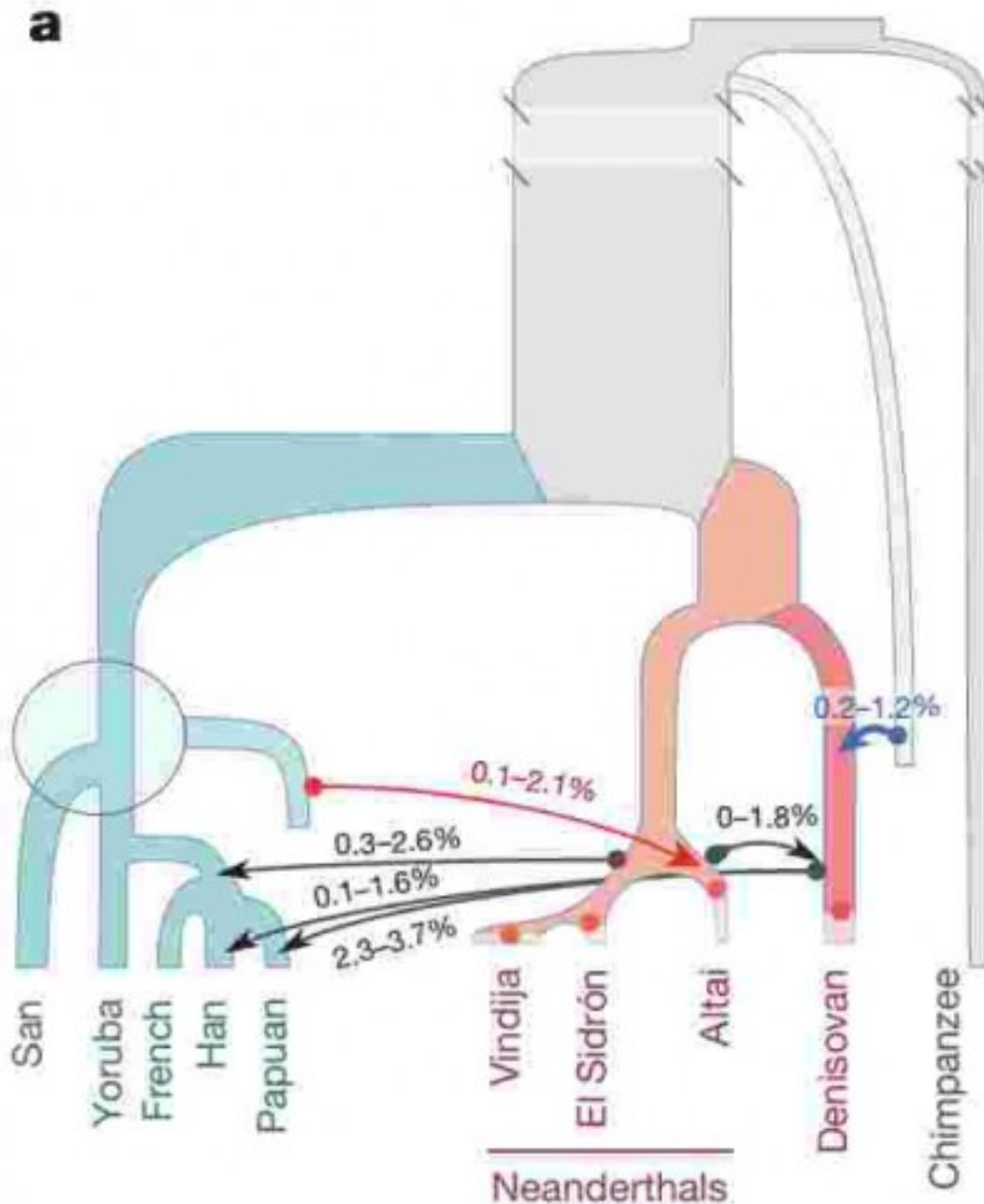
Авторы статьи проанализировали четыре древних генома. Геном алтайского неандертальца (возраст >50 тыс лет) был секвенирован с покрытием 52,7x. Геном денисовца (возраст >50 тыс лет), секвенирован с покрытием 31,1x. Для двух геномов европейских неандертальцев — из испанской пещеры Эль Сидрон (возраст около 49 тыс. лет) и из хорватской пещеры Виндия (возраст около 44 тыс. лет) – из-за плохой сохранности ДНК секвенировали только одну хромосому (21-ю).

Эти древние геномы сравнили с геномами современных популяций, в том числе африканских. Специалисты искали последовательности ДНК, которые древние геномы разделяли бы с африканскими геномами. И у алтайского неандертальца таких последовательностей оказалось гораздо больше, чем у европейских неандертальцев и денисовца. К тому же эти кусочки ДНК у алтайского неандертальца были большей длины, а значит, [в меньшей степени разбиты рекомбинациями хромосом](#). Это говорит о том, что они не были унаследованы от общего предка (как в случае с денисовцем и европейскими неандертальцами), а получены в ходе метисации уже после разделения ветвей.

## Откуда обратный поток генов?

Это было интерпретировано авторами как следы генетического потока от сапиенсов к алтайским неандертальцам, причем древнего потока, который случился еще до основной волны миграции наших предков из Африки.

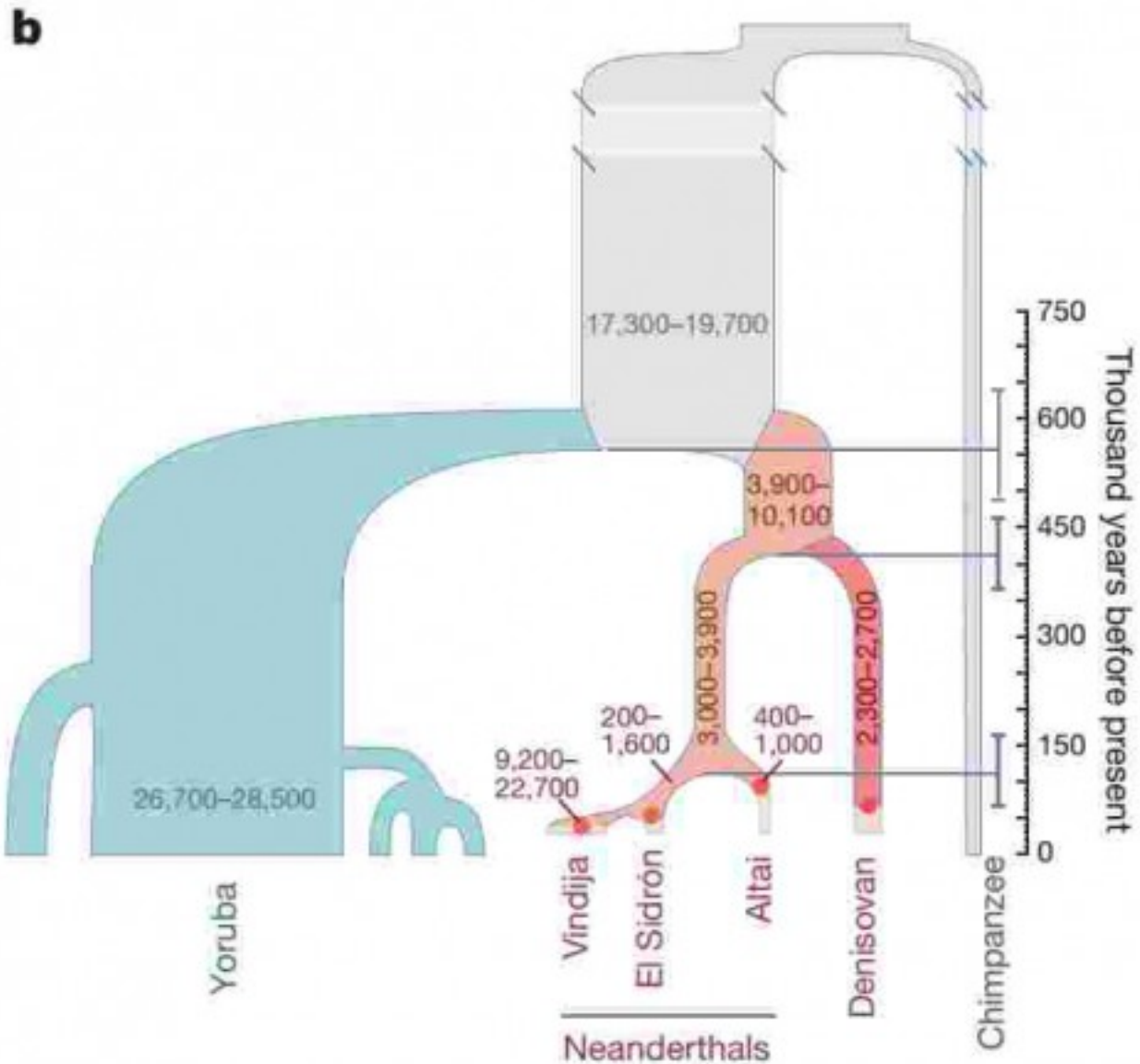
Для определения величины и времени этого потока генов авторы применили моделирование и реконструировали картину демографических событий, которые связывали разные виды человека. Величину потока оценили как 0,1-2% генома. А как оценили время? Поскольку генетический поток от сапиенсов не обнаружен у европейских неандертальцев, то предположили, что метисация произошла уже после разделения групп алтайских и европейских неандертальцев — а это разделение датируется примерно 110 тыс. лет назад. Хотя, исследователи допускают, что поскольку у европейских неандертальцев удалось изучить лишь одну хромосому, то такие следы просто пока не обнаружены.



Демографическая история популяций современного (голубые ветви) и древних (розовые ветви) видов человека. Темно-синие стрелки обозначают генетические потоки от неандертальцев к человеку современного вида; красная стрелка обозначает обратные генетический поток – от человека современного вида к предкам алтайских неандертальцев; синяя стрелка обозначает поток от неизвестного архаичного вида к денисовцам. Цифры указывают на интенсивность вклада генетических потоков в геном.

На рисунке представлена реконструкция демографической истории популяций человека. Найденный генетический поток

(следы ранней метисации) от человека современного вида к неандертальцам обозначен красной стрелкой. Предполагается, что его источником была популяция, которая рано отделилась от сапиентного ствола еще в Африке, рано вышла из Африки и частично смешалась с предками алтайских неандертальцев. Это популяция была в равной степени родственна современным неафриканским и африканским популяциям, по-видимому, она отделилась от общего ствола еще до отделения предков бушменской ветви, поскольку варианты ДНК современных бушменов, мбути и йоруба примерно одинаково представлены в геноме алтайских неандертальцев. Около 100 тыс. лет назад произошла метисация этой древней популяции сапиенсов с предками алтайских неандертальцев.



Эффективный размер популяций и время разделения популяций (на временной шкале справа) человека современного вида и древних видов. Изученные в данной работе древние геномы обозначены красными точками.

Демографическая модель позволила авторам высказать гипотезу о динамике изменения эффективного размера популяций. Она предполагает, что с тех пор, как популяции неандертальцев и денисовцев отделились от сапиенсов, их численность постепенно сокращалась. Лишь для популяции неандертальцев из Хорватии (Виндия) модель указывает на возможность увеличения их численности.

Считается, что примерно 125 тыс. лет назад, в период межледниковья, неандертальцы стали распространяться из Европы на восток и достигли Алтая. С другой стороны, есть доказательства того, что 120 тыс. лет назад неандертальцы жили и на Ближнем Востоке: в Леванте, на юге Аравийского полуострова, вокруг Персидского залива. Можно предположить, что именно там около 100 тыс. лет назад и произошла их ранняя метисация с первой волной *Homo sapiens*, покинувшей Африку.

На следующем рисунке (второго автора статьи, Ilan Gronau) развилки и скрещивания ветвей сапиенсов и неандертальцев на древе человечества показаны более схематично.

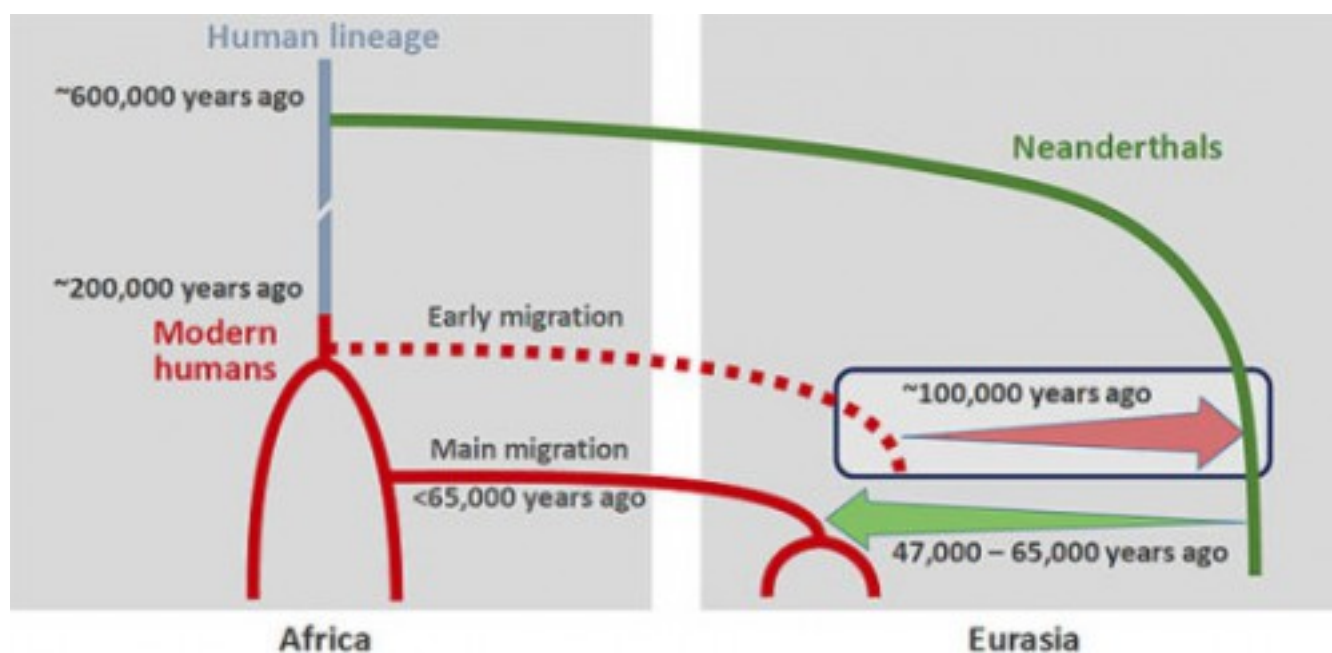


Схема миграций и генетических потоков между двумя видами человека. Зеленая стрелка – генетический поток от неандертальцев к сапиенсам, розовая стрелка – от сапиенсов к неандертальцам. (Ilan Gronau)

Авторы попытались выяснить, а играли ли какую-то функциональную роль те ДНК последовательности, которые попали от сапиенсов в неандертальский геном? Они идентифицировали 163 фрагмента интрогрессии (длиной >50 kb) в геноме алтайского неандертальца, которые пересекались с 225 генами. В их числе были некоторые участки, находившиеся под положительным отбором, как например, фактор транскрипции NR5A2, вовлеченный в развитие печени. Один сегмент (150 kb) был расположен в пределах гена FOXP2, фактора транскрипции, который связывают с развитием речи.

#### Источник:

Ancient gene flow from early modern humans into Eastern Neanderthals

Martin Kuhlwilm, Ilan Gronau, Melissa J. Hubisz, Cesare de Filippo, Javier Prado-Martinez, Martin Kircher, Qiaomei Fu, Hernán A. Burbano, Carles Lalueza-Fox, Marco de la Rasilla, Antonio Rosas, Pavao Rudan, Dejana Brajkovic, Željko Kucan, Ivan Gušić, Tomas Marques-Bonet, Aida M. Andrés, Bence Viola, Svante Pääbo, Matthias Meyer<sup>1</sup>, Adam Siepel & Sergi Castellano

<http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/full/nature16544.html>