15 апреля 16:00

Конференц-зал ИЦиГ

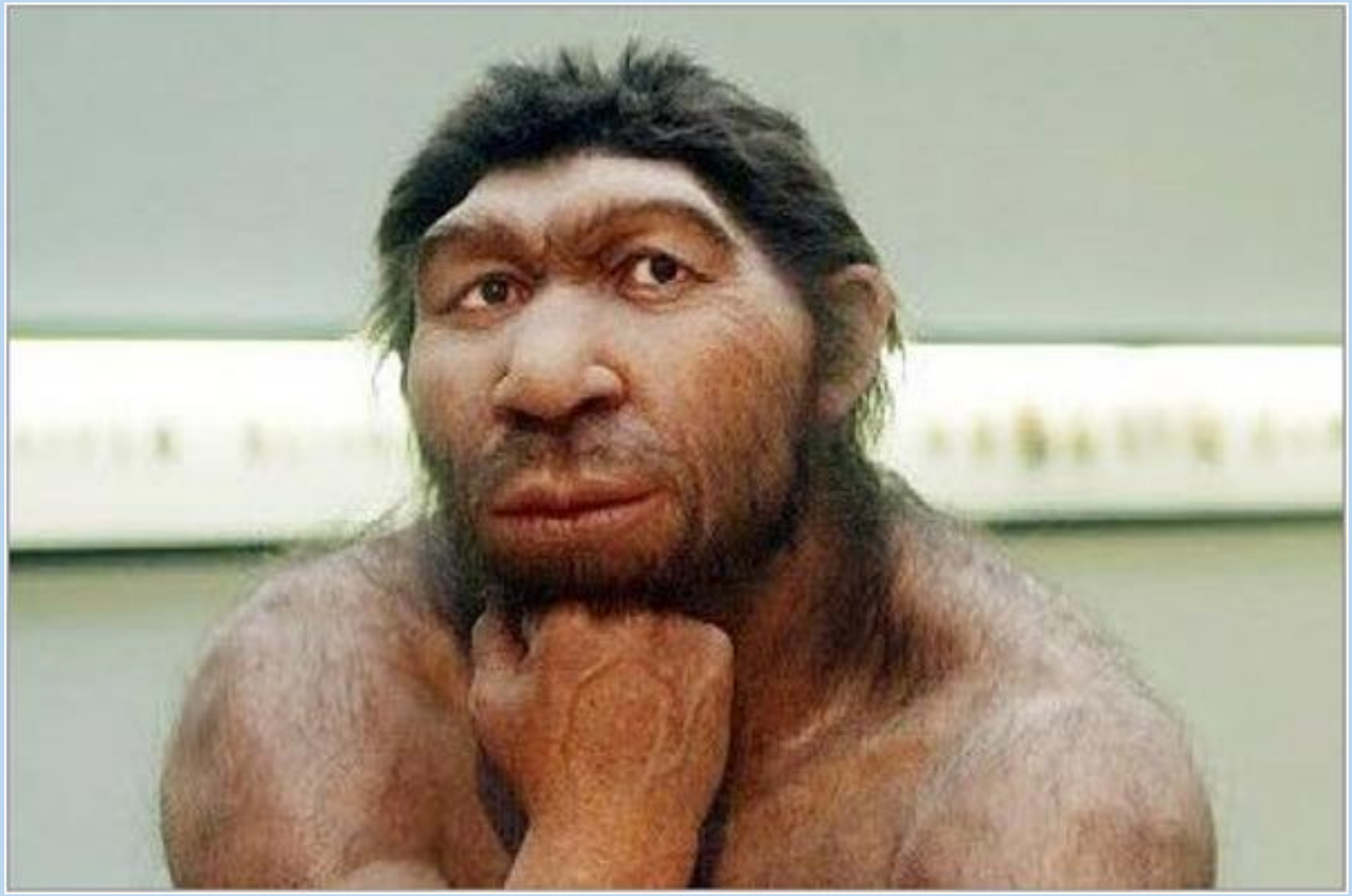
Публичная лекция

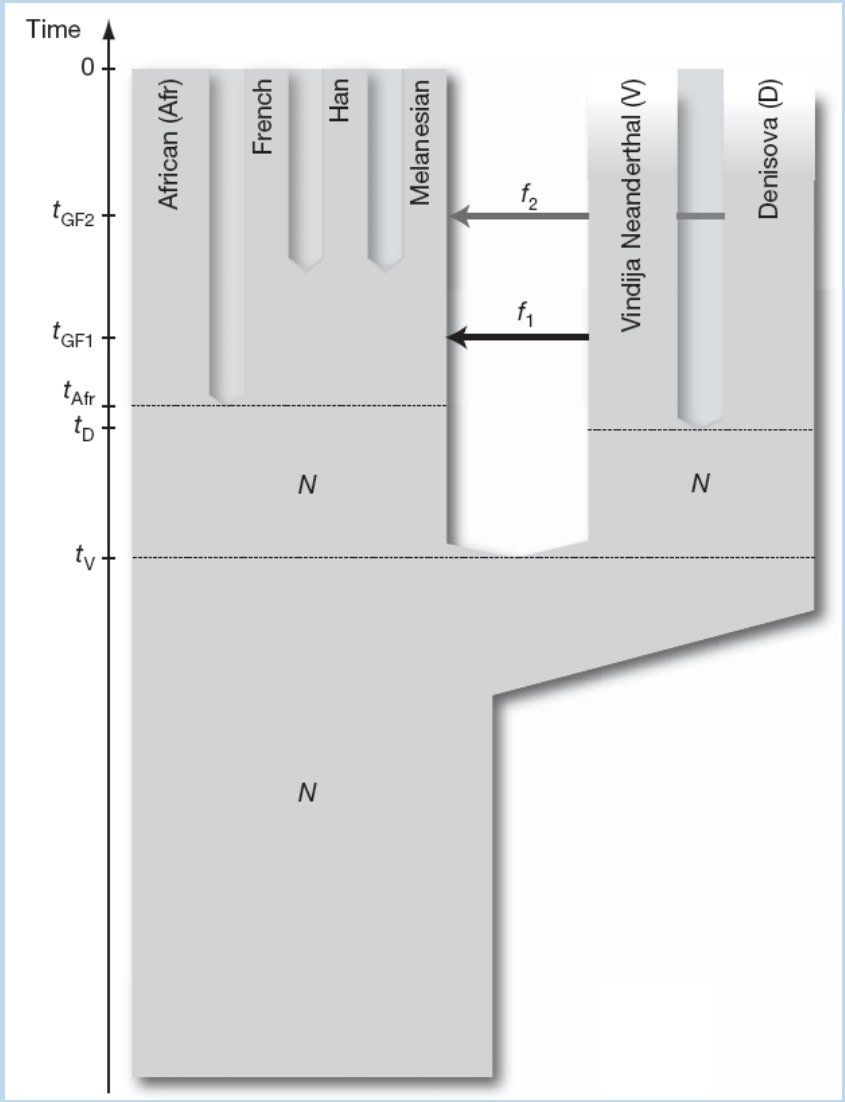
Александра Пилипенко

Не ждали нас, а мы пришли:

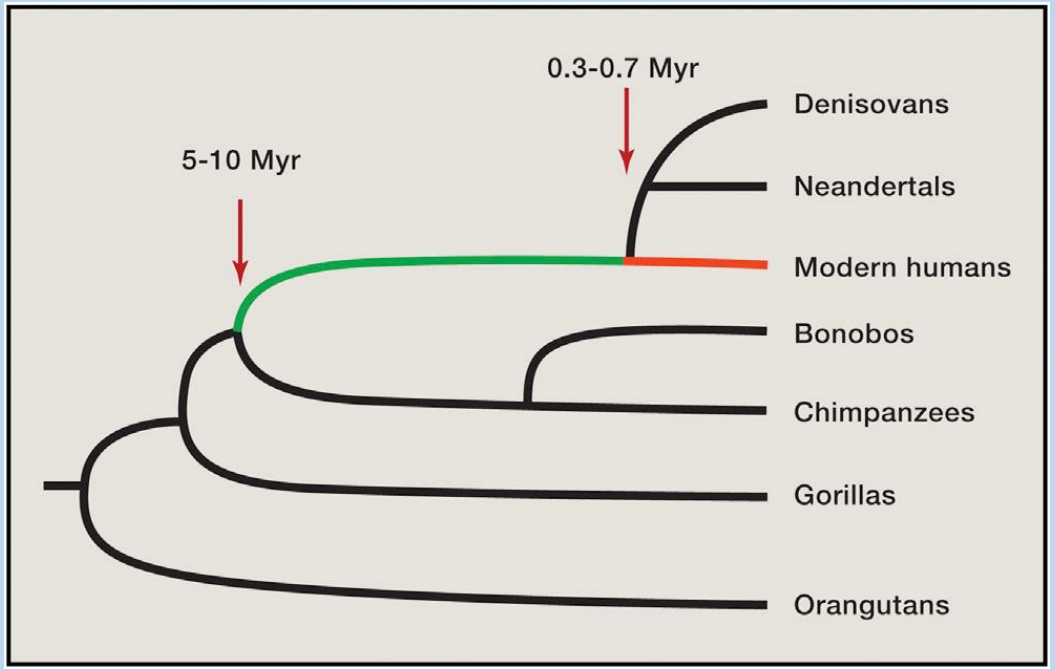
молекулярная история человечества

До скорой встречи!!!



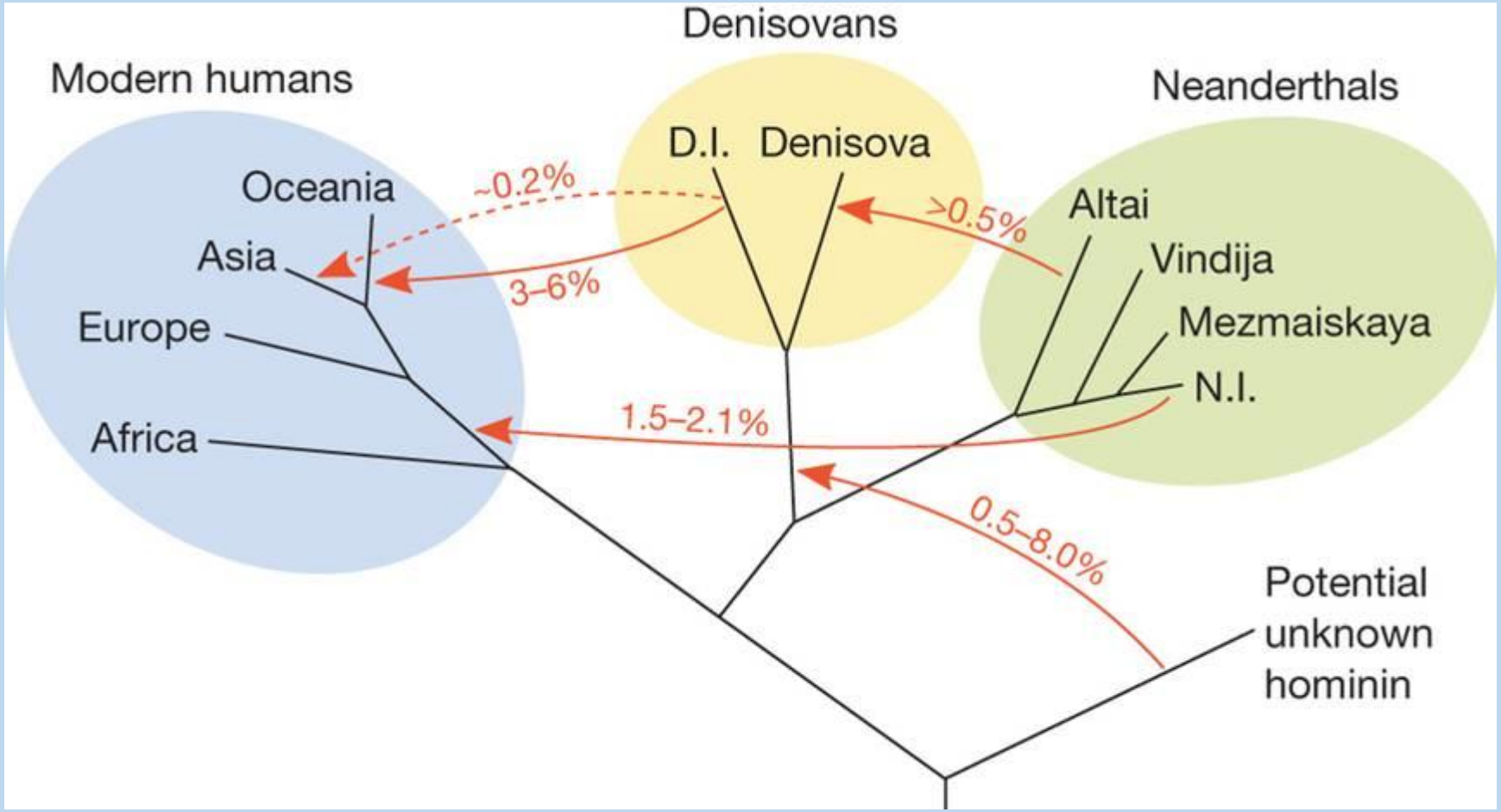


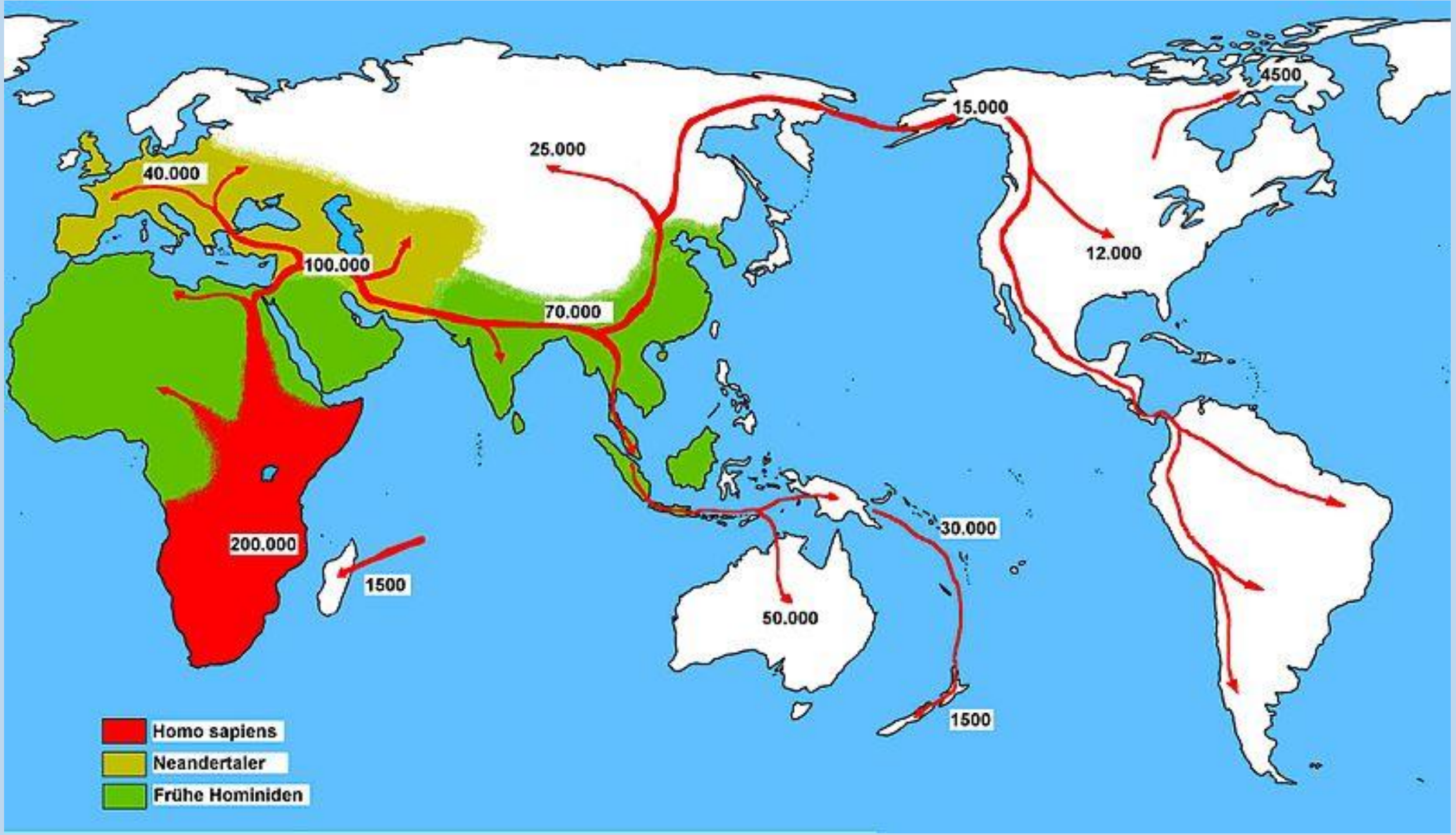
Reich et al., 2010



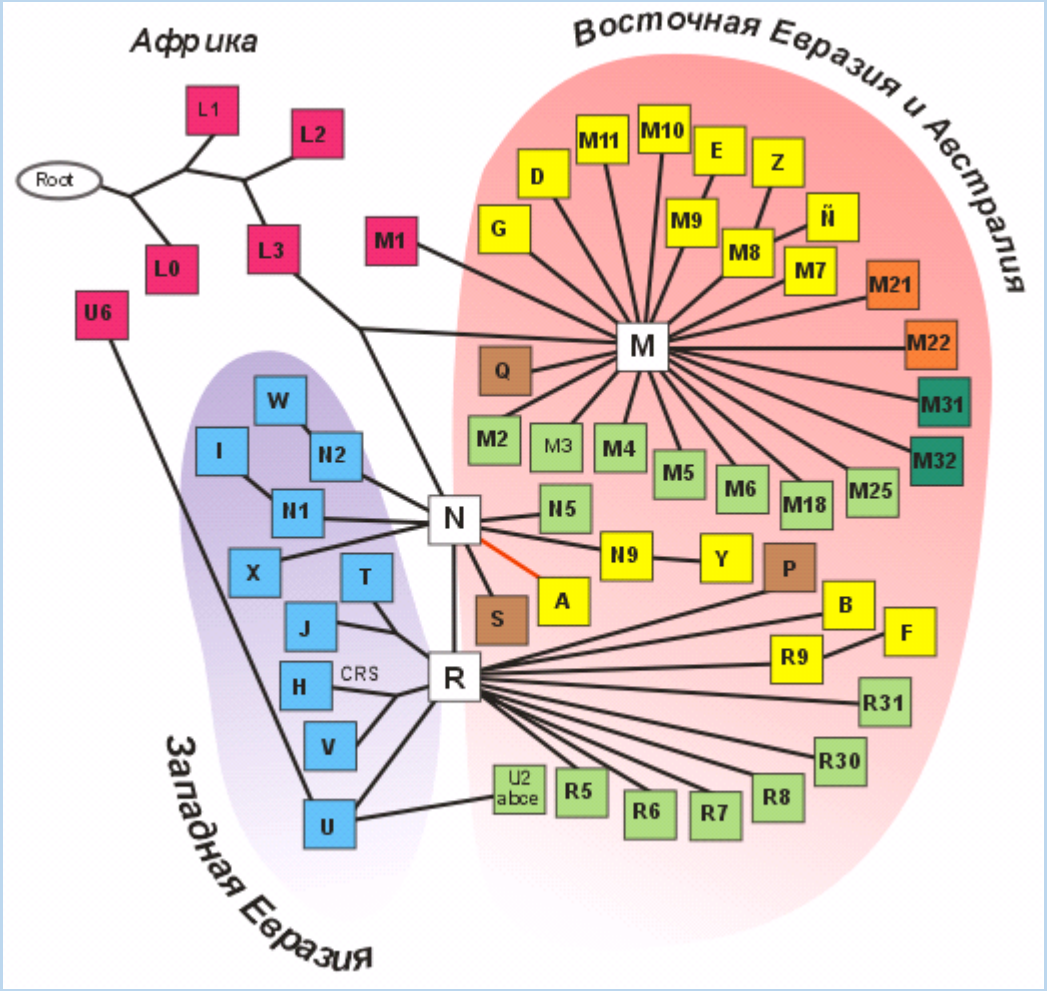
Paabo, 2014

Генетические потоки между гоминидами

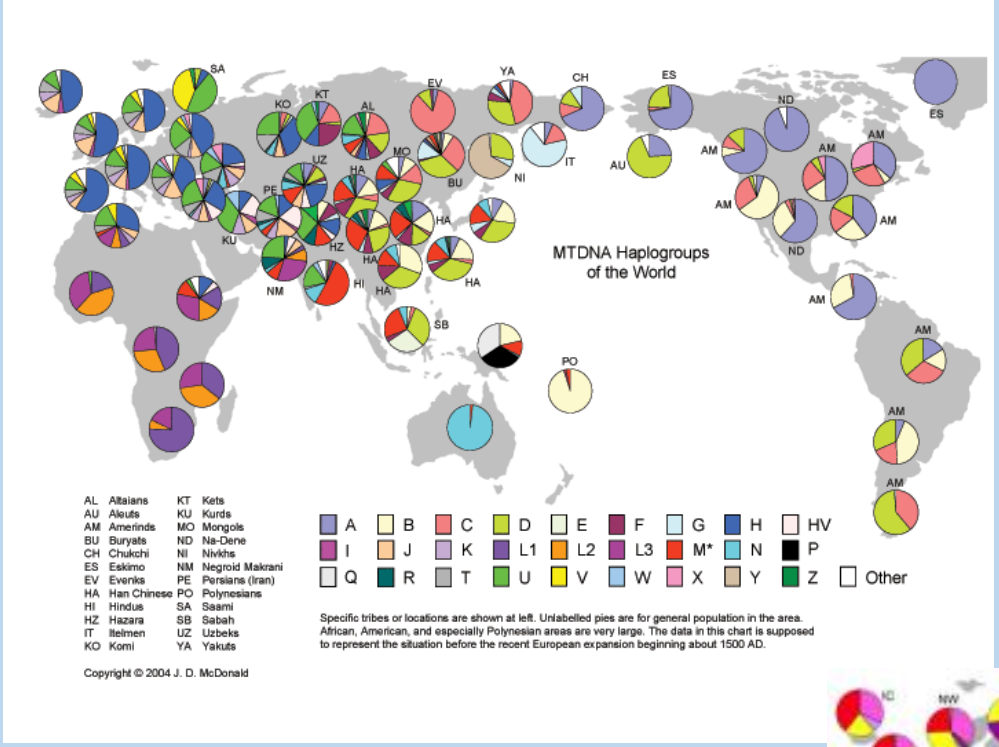



4500
15.000
25.000
40.000
12.000
100.000
70.000
30.000
200.000
1500
50.000
1500
Homo sapiens
Neandertaler
Frühe Hominiden

Данные по мтДНК и Y-хромосоме. Дерево мтДНК.



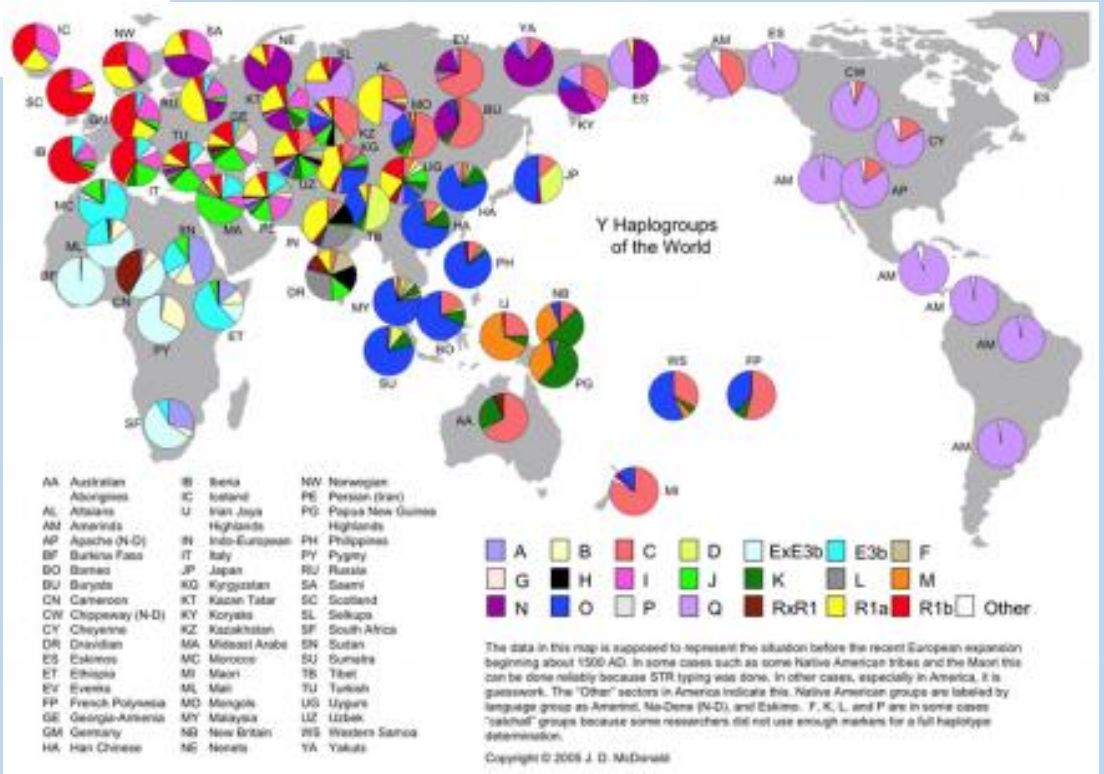
Малярчук, Деренко, 2006



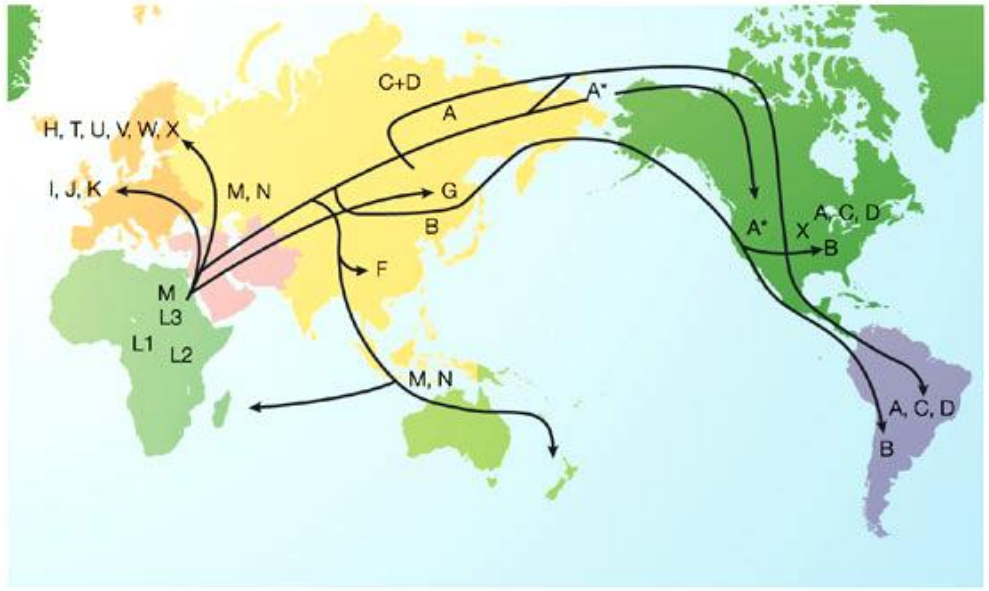
Разнообразие генофондов мтДНК и Y-хромосомы в современных популяциях человека

Наиболее дивергированные варианты мтДНК и Y-хромосомы характерны для генофондов некоторых африканских популяций.

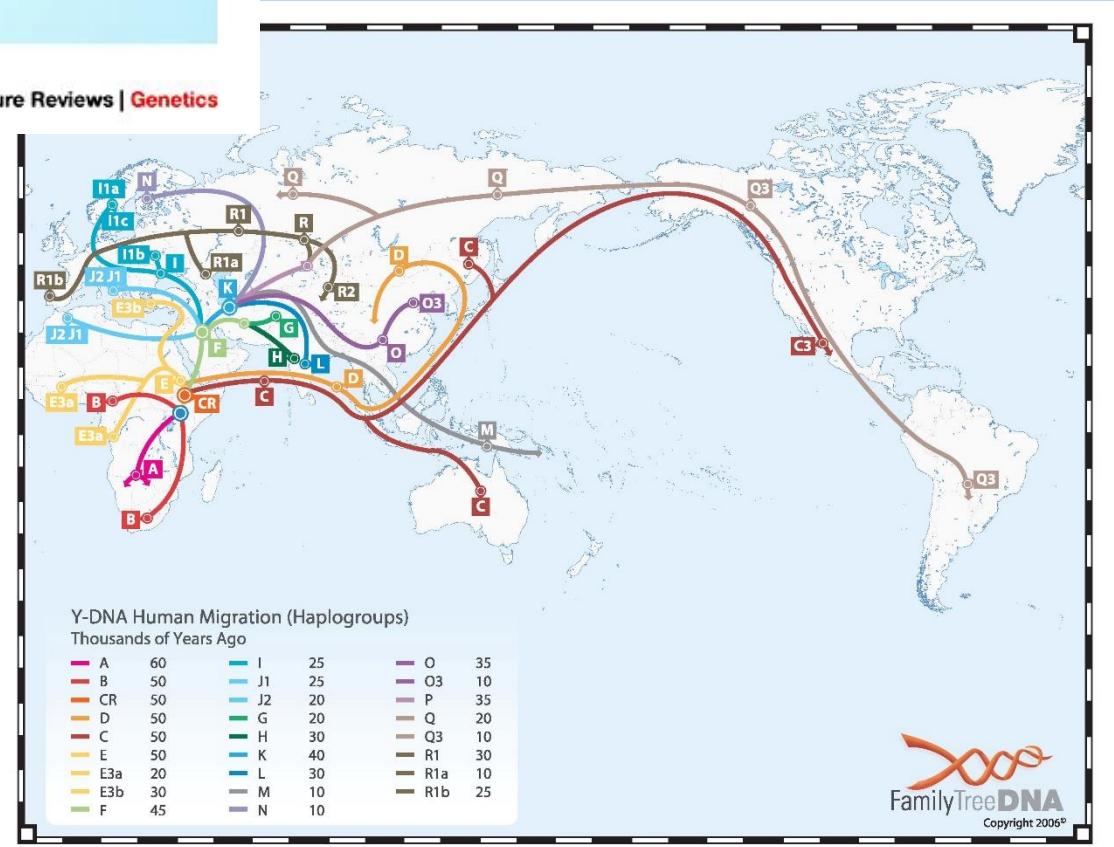
Африканские варианты – предковые для всех остальных.



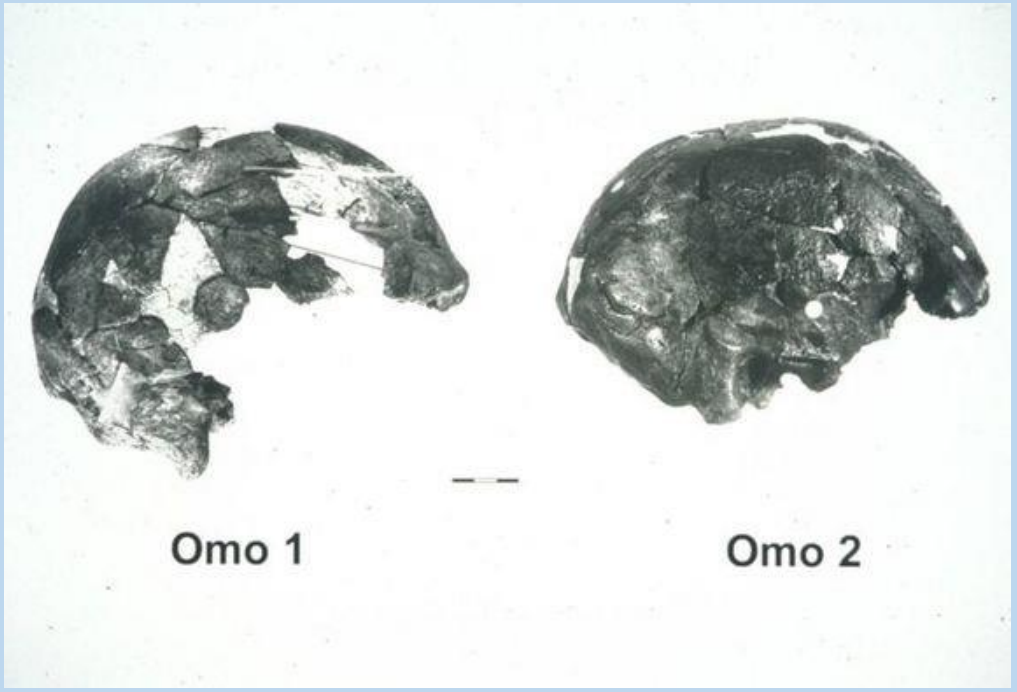
Маршруты расселения Homo Sapiens из Африки по данным мтДНК и Y-хромосомы



Картина распространения гаплогрупп мтДНК и Y-хромосомы в целом согласуется с гипотезой недавнего африканского происхождения Homo Sapiens

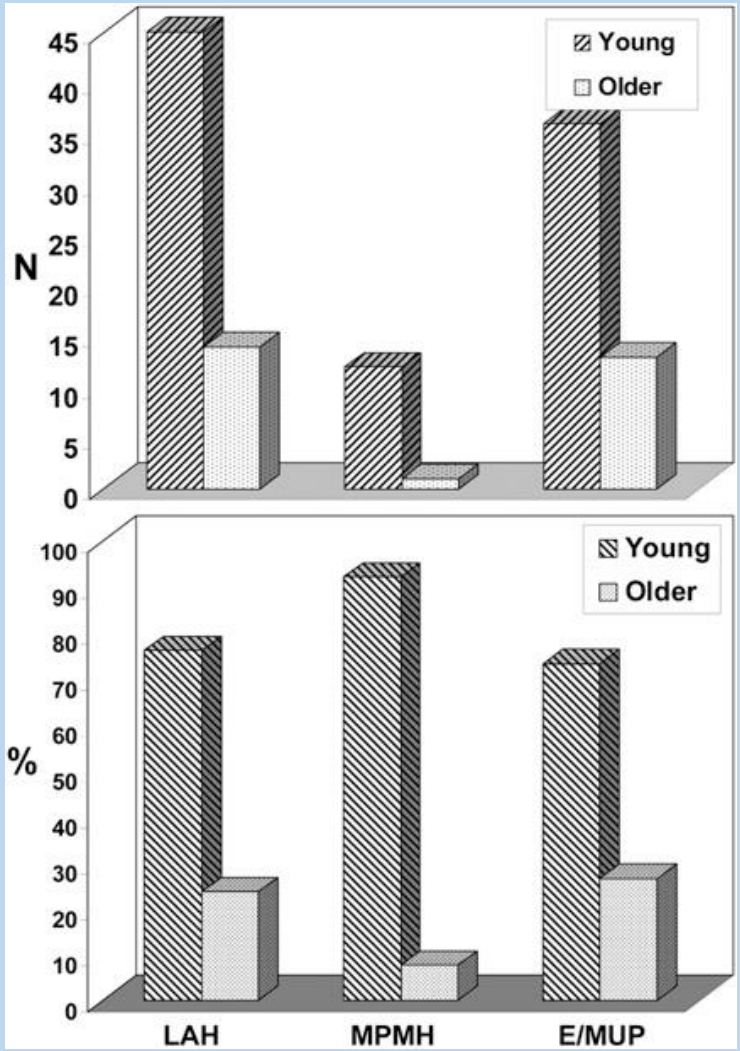


Древнейшие анатомически современные люди в Африке: Омо I и Омо II



Реконструкция черепа Омо I, возраст 195 тыс. л.

Демография древнего человека. Демографический взрыв в Африке?



Distributions of younger adult (~20 to 40 y old) versus older adult (≥40 y old) for late archaic humans (LAH), Middle Paleolithic modern humans (MPMH), and earlier (Early and Mid) Upper Paleolithic modern humans (E/MUP). Trinkaus, 2011

Несколько волн расселения анатомически современного человека из Африки

Out of Africa again and again

Alan R. Templeton

Department of Biology, Washington University, St Louis, Missouri 63130-4899, USA

The publication of a haplotype tree of human mitochondrial DNA variation in 1987 provoked a controversy about the details of recent human evolution that continues to this day. Now many haplotype trees are available, and new analytical techniques exist for testing hypotheses about recent evolutionary history using haplotype trees. Here I present formal statistical analysis of human haplotype trees for mitochondrial DNA, Y-chromosomal DNA, two X-linked regions and six autosomal regions. A coherent picture of recent human evolution emerges with two major themes. First is the dominant role that Africa has played in shaping the modern human gene pool through at least two—not one—major expansions after the original range extension of *Homo erectus* out of Africa. Second is the ubiquity of genetic interchange between human populations, both in terms of recurrent gene flow constrained by geographical distance and of major population expansion events resulting in interbreeding, not replacement.

Recent human evolution is an area of great controversy[1]. There is general agreement that the human lineage evolved in Africa, and then spread to southern Eurasia as *Homo erectus*. After *Homo erectus* spread out of Africa, the out-of-Africa replacement model[2] posits that populations in Africa, Europe and Asia had little genetic contact and evolved independently, with anatomically modern humans evolving only in Africa. After the evolution of modern

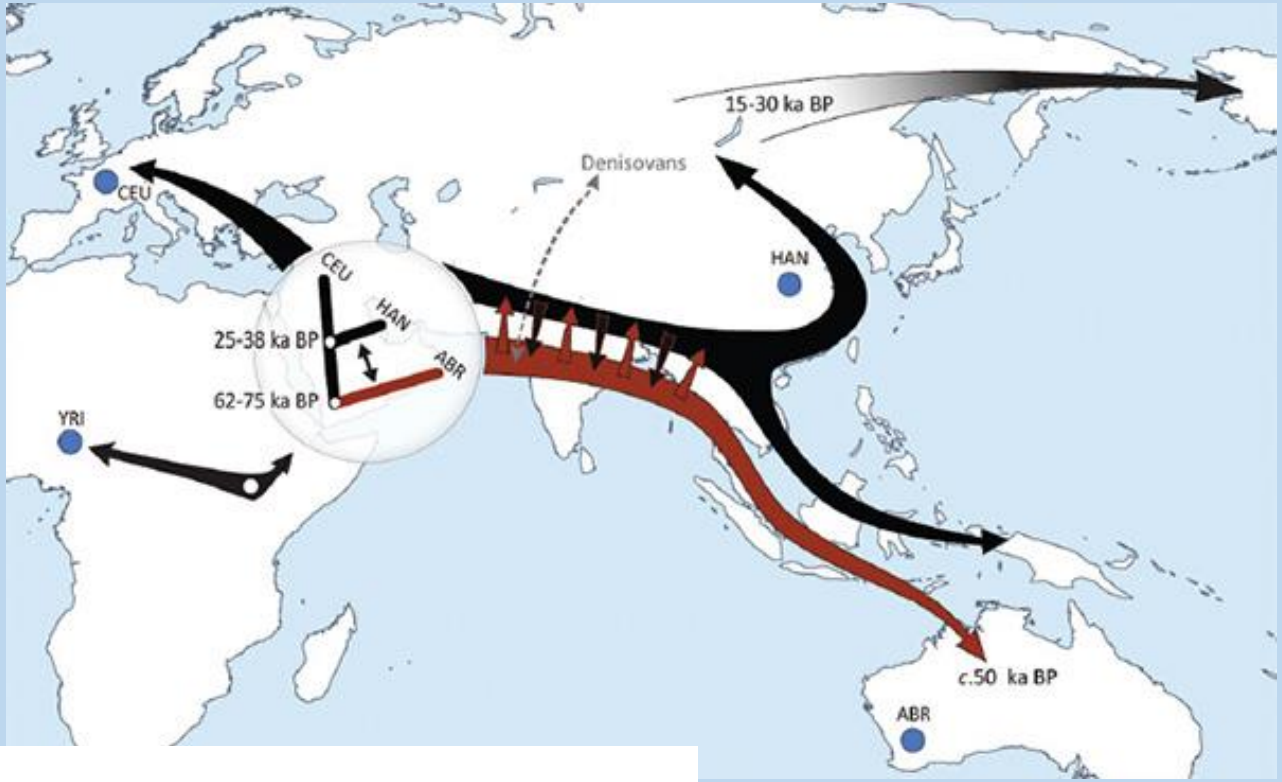
sampling design was inadequate to make clear biological inferences. Therefore, only a subset of the statistically significant results lead to a biological interpretation. The use of an *a priori* inference key published well before the production of all the data sets to be analysed here prevents me from making *post hoc* explanations or trying to fit the results to a favoured hypotheses. The GEODIS program and the inference key are available at http://bioq.byu.edu/

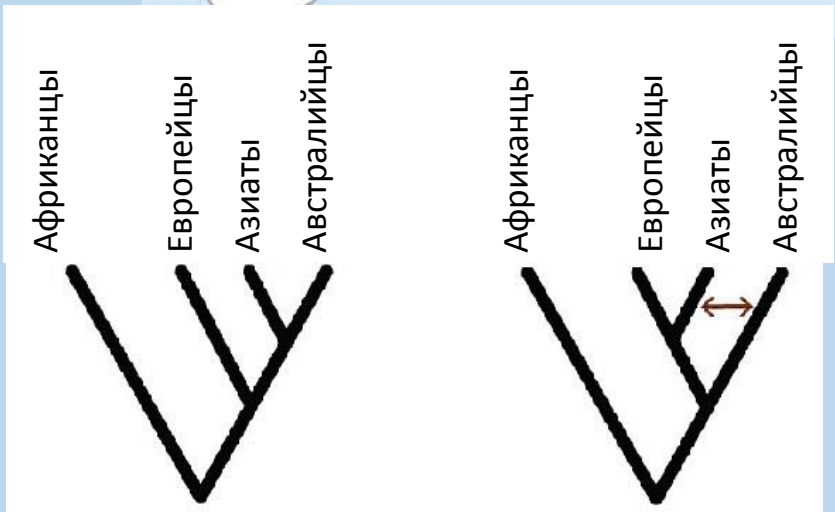
Templeton, 2002

Ранний выход из Африки. Останки людей из пещер Схул (~120 тыс.л.) и Кафзех (~80 тыс.л), север Израиля

Человек из пещеры Схул (рисунок, основанный на черепе Схул-5)

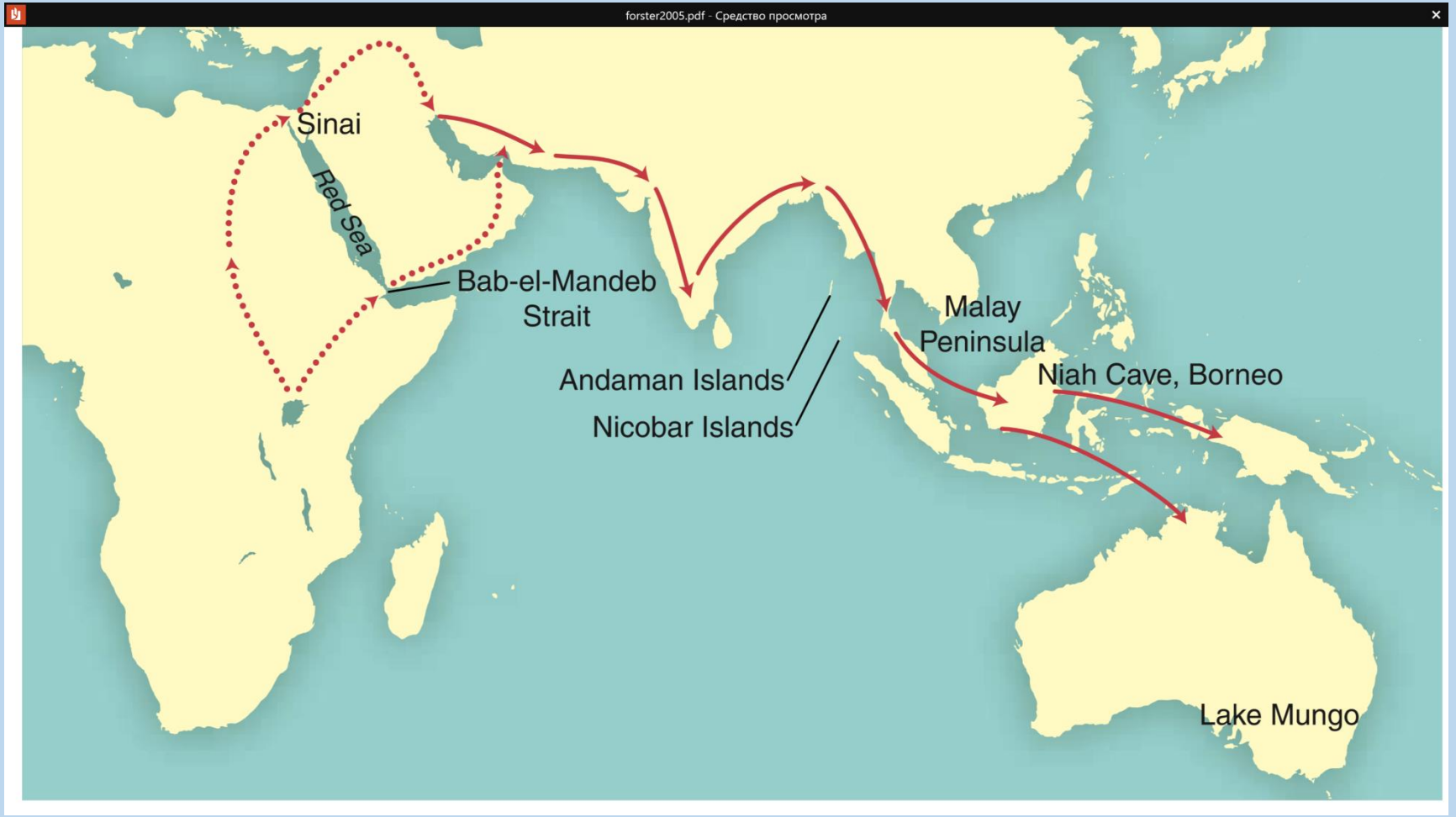
Свидетельство двух волн расселения анатомически современных людей из Африки





(Rasmussen et al., 2011)

Свидетельства существования ранней южной прибрежной волны. МтДНК населения Андаманских островов и Малайзии



Специфические древние галпогруппы мтДНК: M31, M32 (Андаманские острова), M21, M22 (Малайзия) возрастом не менее 60 тыс. Л.

Раннее заселение Австралии. Останки у озера Mungo

Lake Mungo 3 (Mungo man), 40-68 тыс.л.н.

Mitochondrial DNA sequences in ancient Australians: Implications for modern human origins

Gregory J. Adcock*†, Elizabeth S. Dennis‡, Simon Easteal§, Gavin A. Huttley§, Lars S. Jermiin§¶, W. James Peacock‡‖, and Alan Thorne*

*Research School of Pacific and Asian Studies and §John Curtin School of Medical Research, Australian National University, Canberra ACT 0200, Australia; ‡Commonwealth Scientific and International Research Organization Division of Plant Industry, Canberra ACT 2601, Australia; and ¶Australian Genomic Information Centre and School of Biological Sciences, University of Sydney, New South Wales 2006, Australia

Contributed by W. James Peacock, October 30, 2000

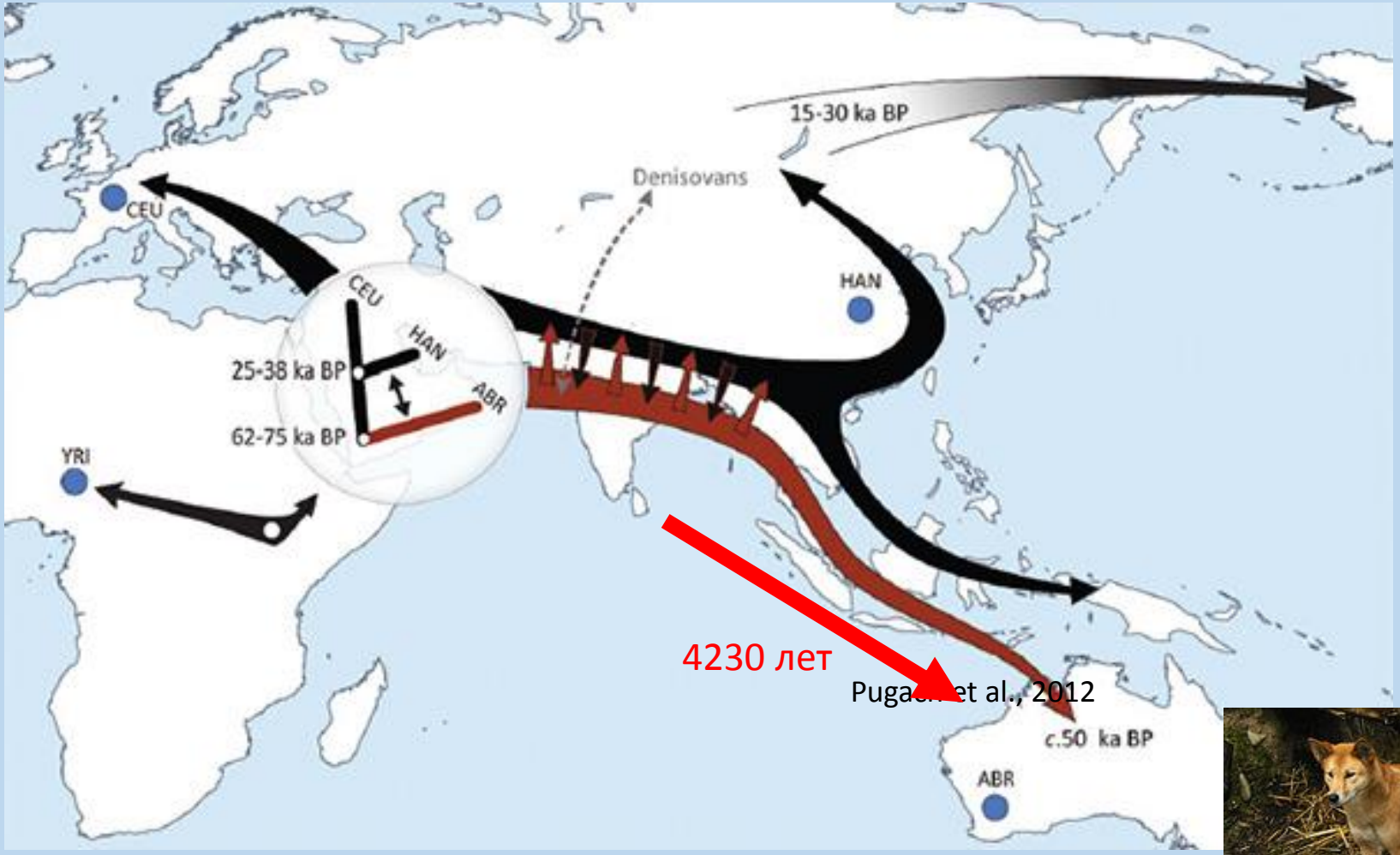
DNA from ancient human remains provides perspectives on the origin of our species and the relationship between molecular and morphological variation. We report analysis of mtDNA from the remains of 10 ancient Australians. These include the morphologically *gracile* Lake Mungo 3 [≈60 thousand years (ka) before present] and three other *gracile* individuals from Holocene deposits at Willandra Lakes (<10 ka), all within the skeletal range of living Australians, and six Pleistocene/early Holocene individuals (15 to <8 ka) from Kow Swamp with *robust* morphologies outside the skeletal range of contemporary indigenous Australians. Lake Mungo 3 is the oldest (Pleistocene) ''anatomically modern'' human from whom DNA has been recovered. His mtDNA belonged to a lineage that only survives as a segment inserted into chromosome 11 of the nuclear genome, which is now widespread among human

not confined to specific regions, and that the earliest branching lineages are found in East Africa. These findings were interpreted as strongly supporting the recent out of Africa model (4). However, this interpretation failed to recognize that the demographic history of a species cannot be inferred from the pattern of variation of a single nucleotide segment. Patterns of variation in different regions of the genome must be considered and interpreted in the context of paleontological and archeological evidence (3).

Human origins are now being investigated with the use of more general models of population structure and evolutionary genetics (3–6). Different regions of the genome appear to have had different evolutionary histories (7–14), and the idea that the pattern of human evolution can be deduced solely from the

Adcock et al., 2001

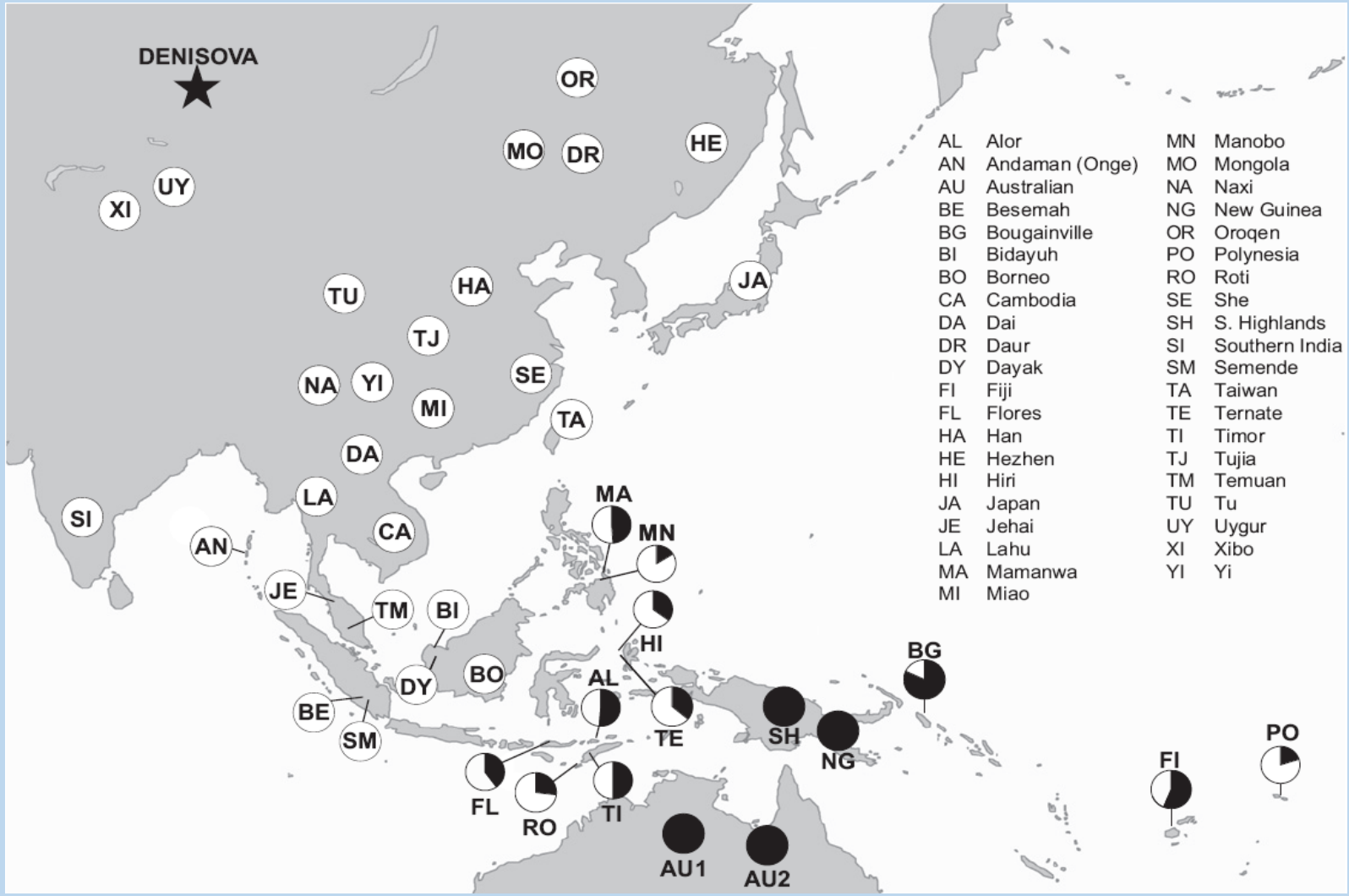
Генетические контакты австралийцев и индийцев (4,5 тыс. лет назад).



Pugach et al., 2012

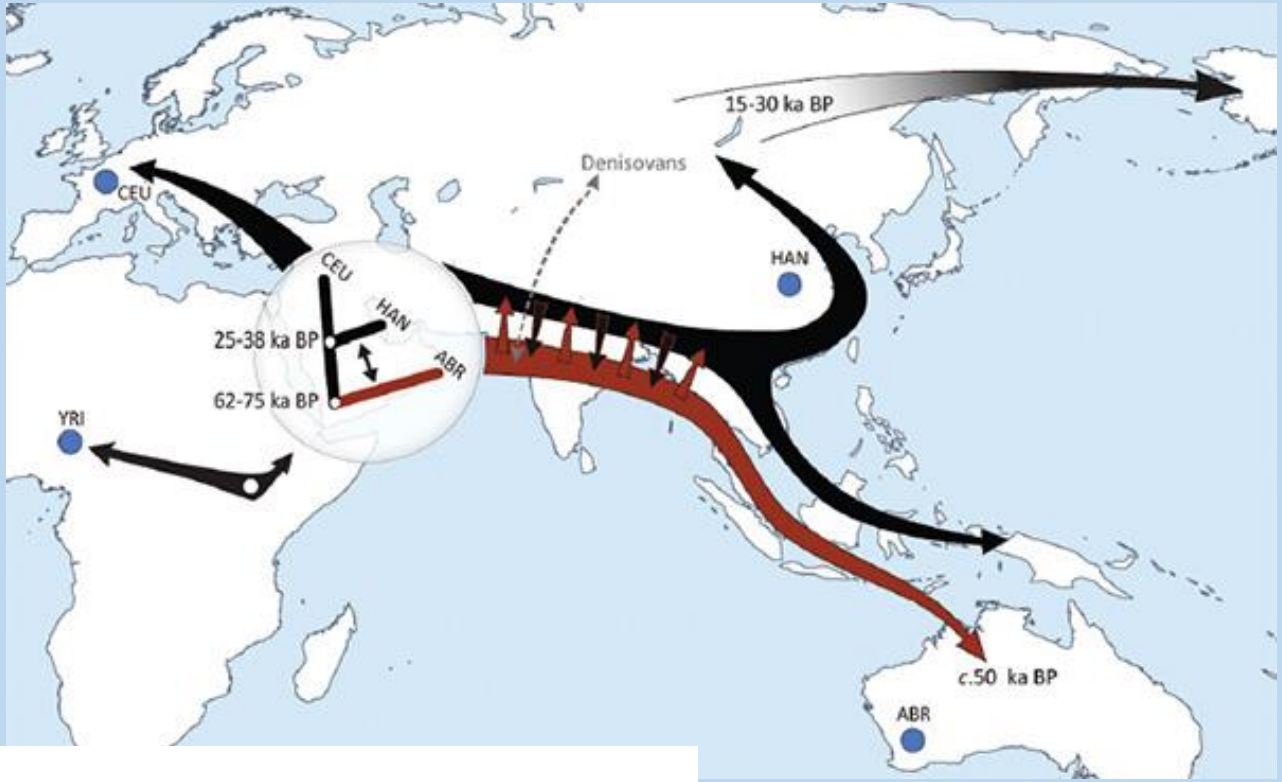
Pugach et al., 2013

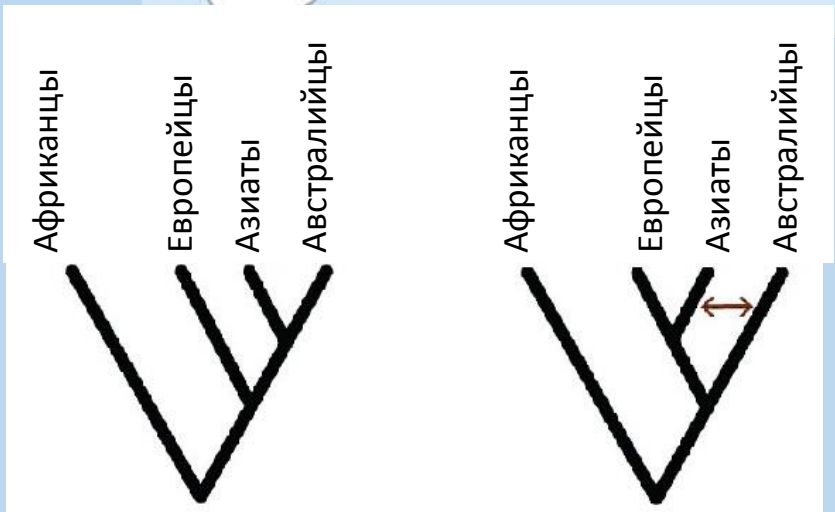
Влияние денисовцев на население Австралии и Океании



(Reich et al., 2011)

Свидетельство двух волн заселения Азии анатомически современными людьми



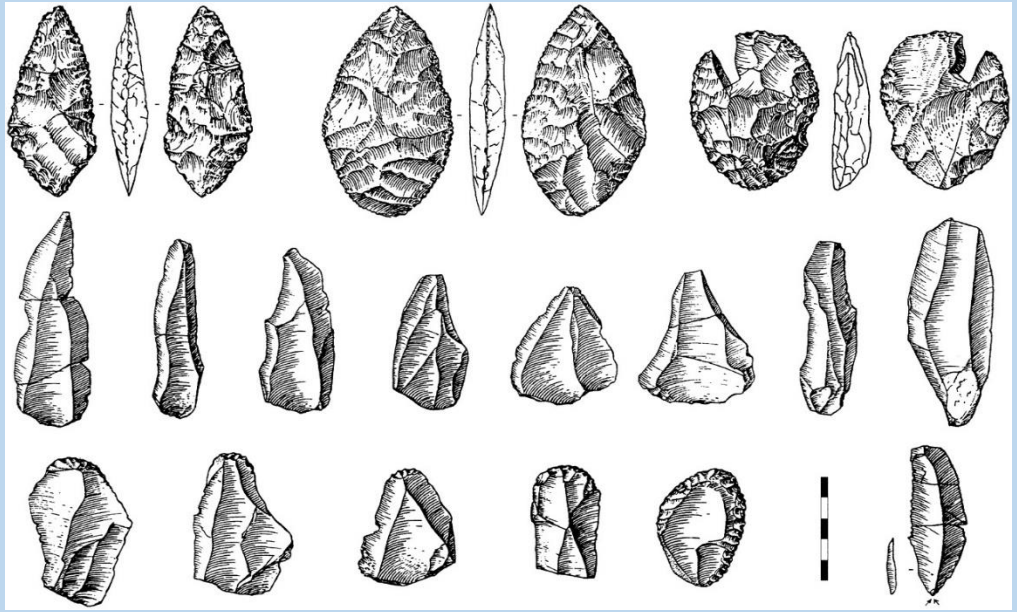


(Rasmussen et al., 2011)

Стадии формирования населения Европы.

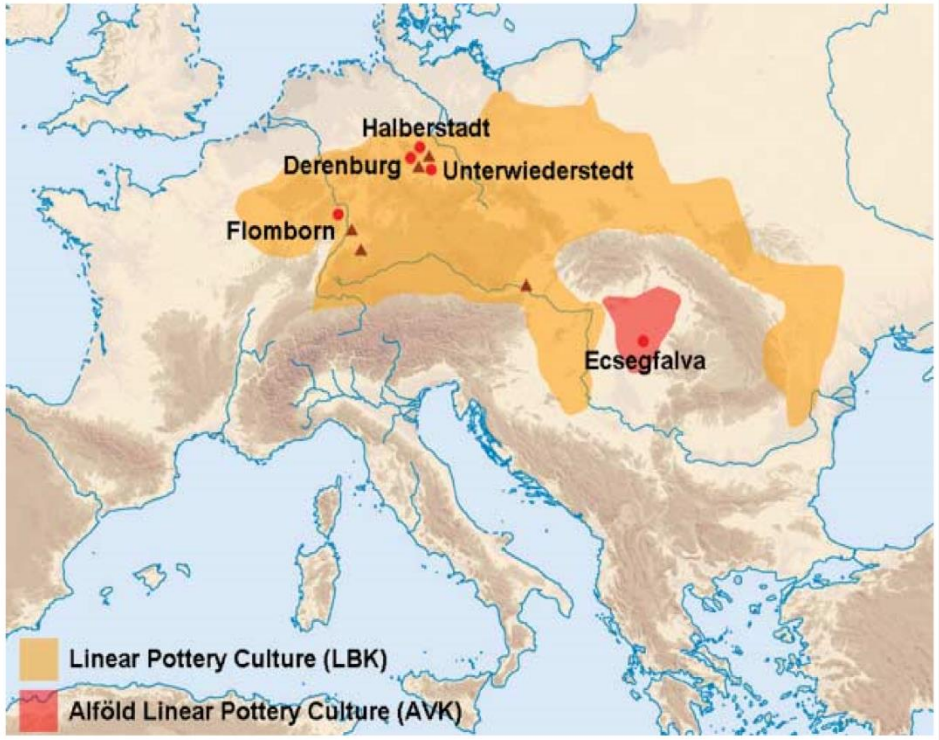
- Первоначальное заселение в верхнем палеолите.
- Неолитизация Европы.
- Постнеолитические процессы.

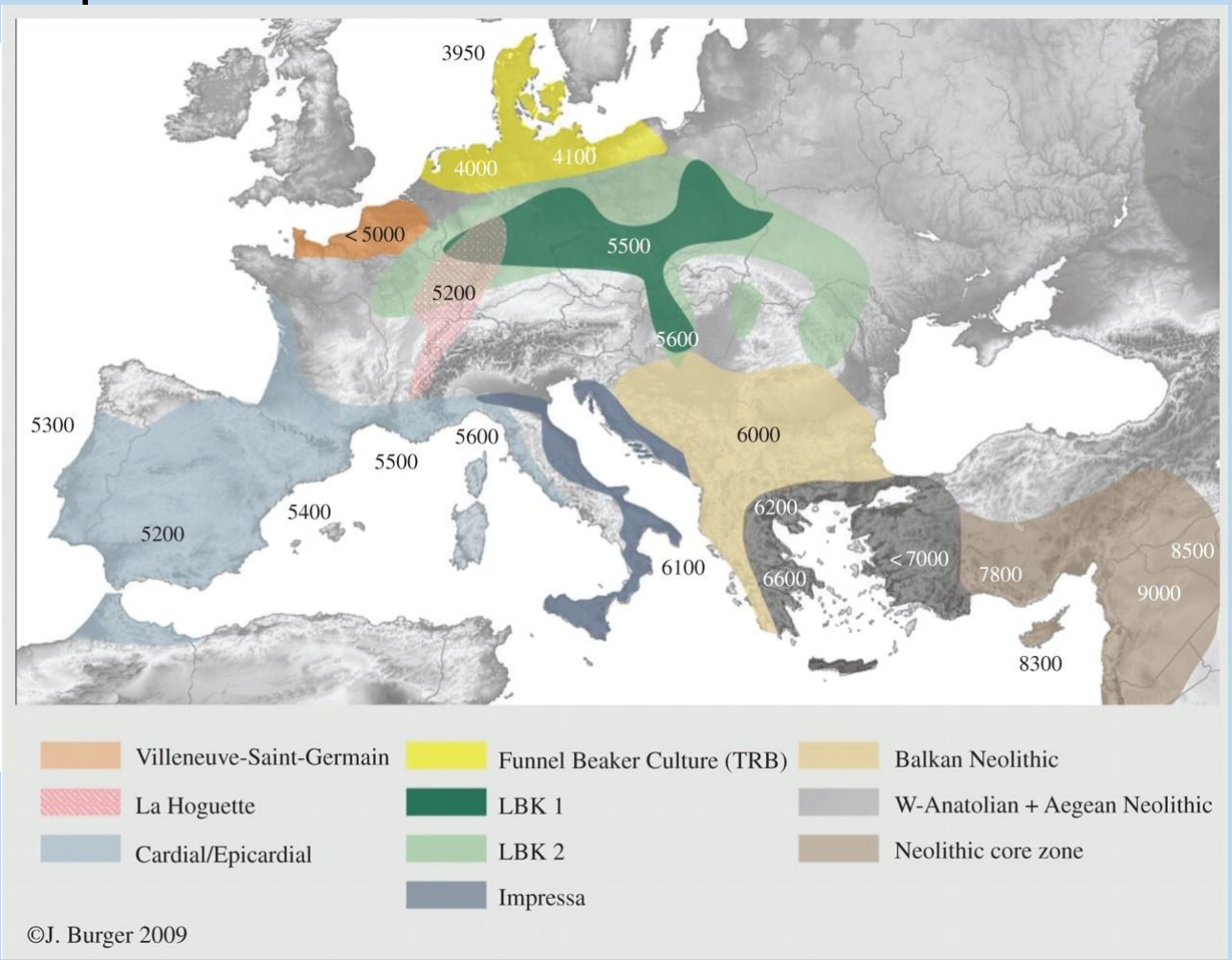
Заселение Европы. Распространение верхнепалеолитических культур



«Палеолитические Венеры»

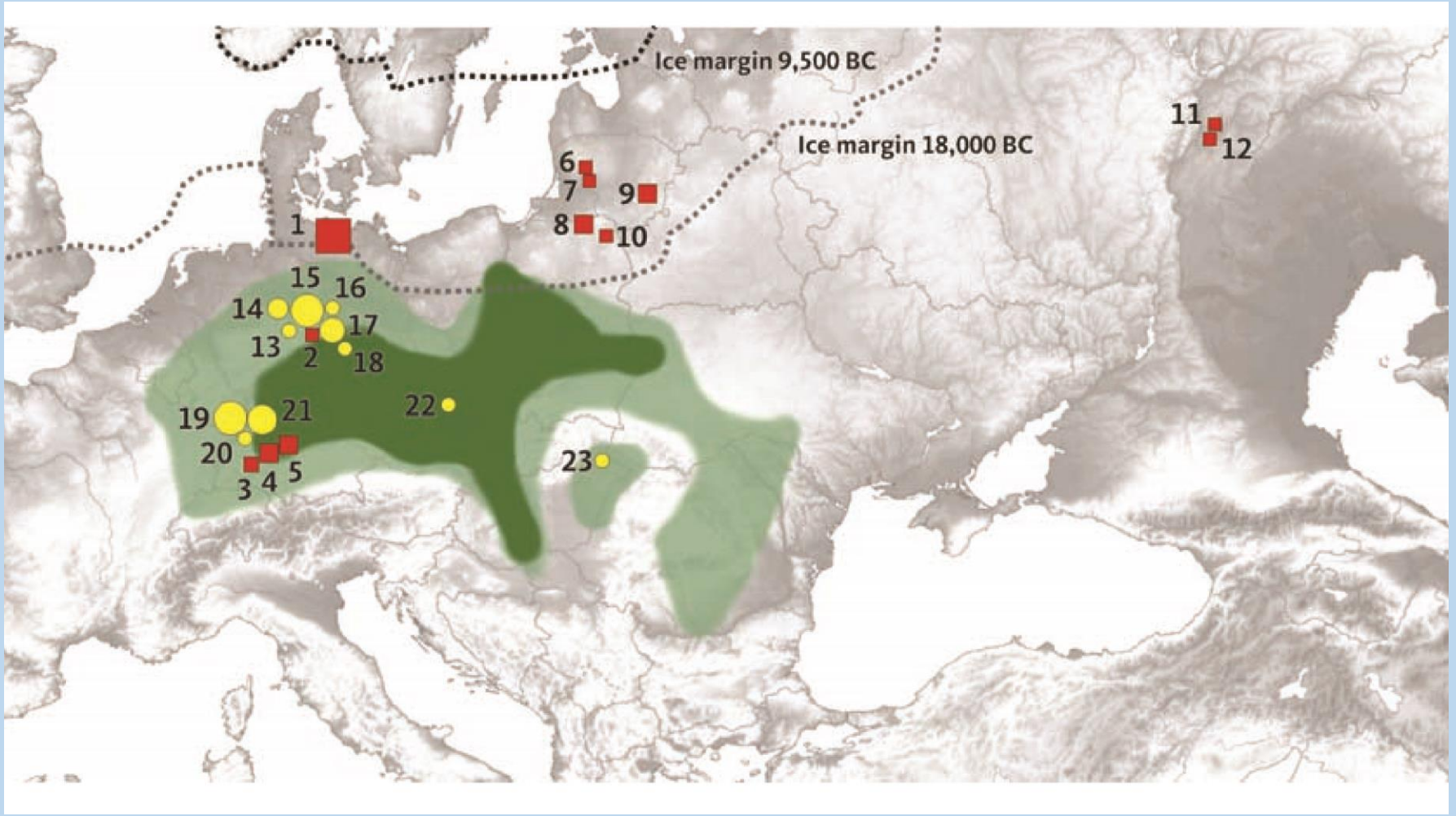
Неолитические популяции – первые носители навыков сельского хозяйства в Европе





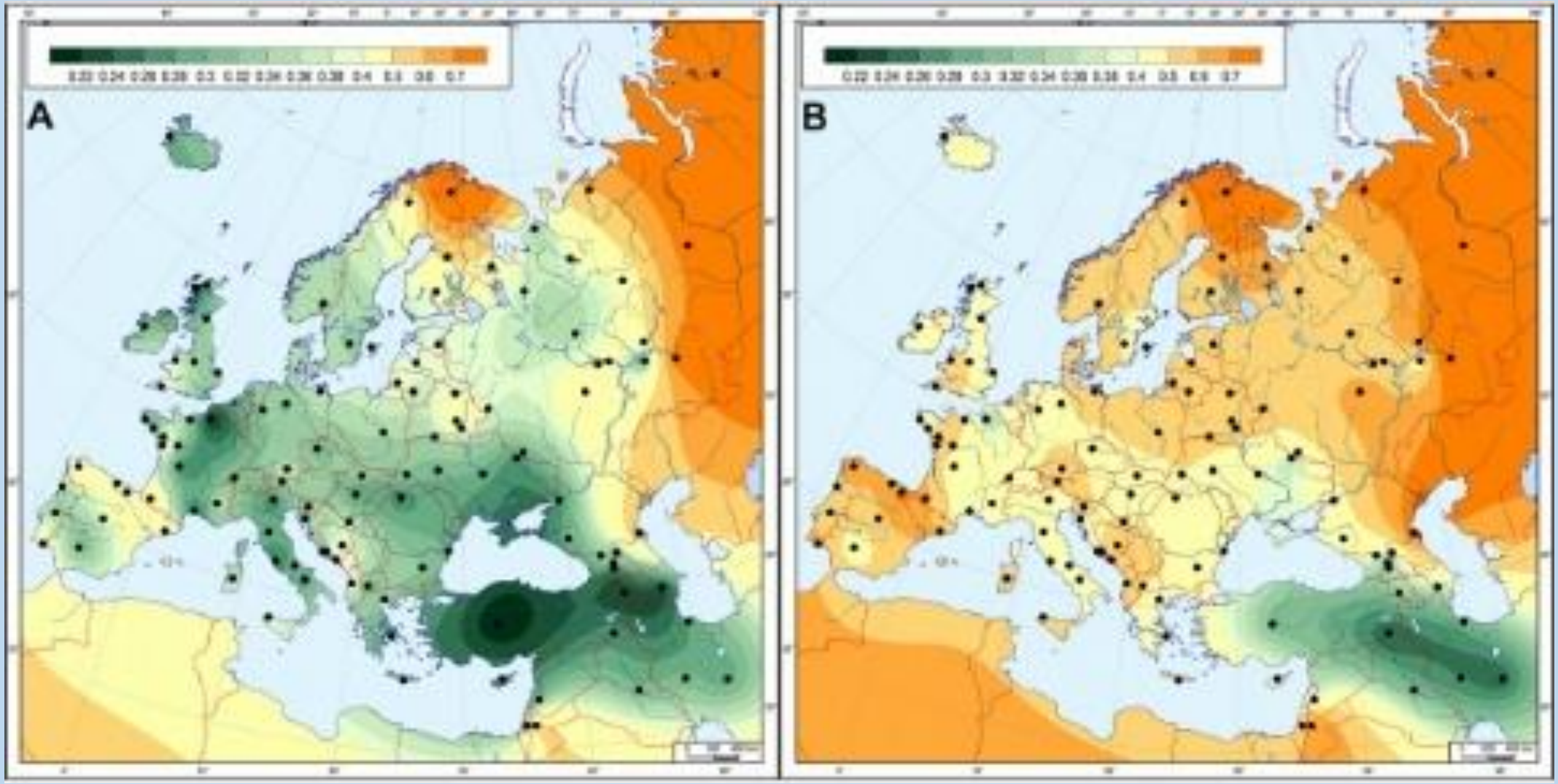
Haak et al., 2005

Древние охотники-собиратели Европы отличались от ранних «фермеров» по составу генофонда мтДНК.



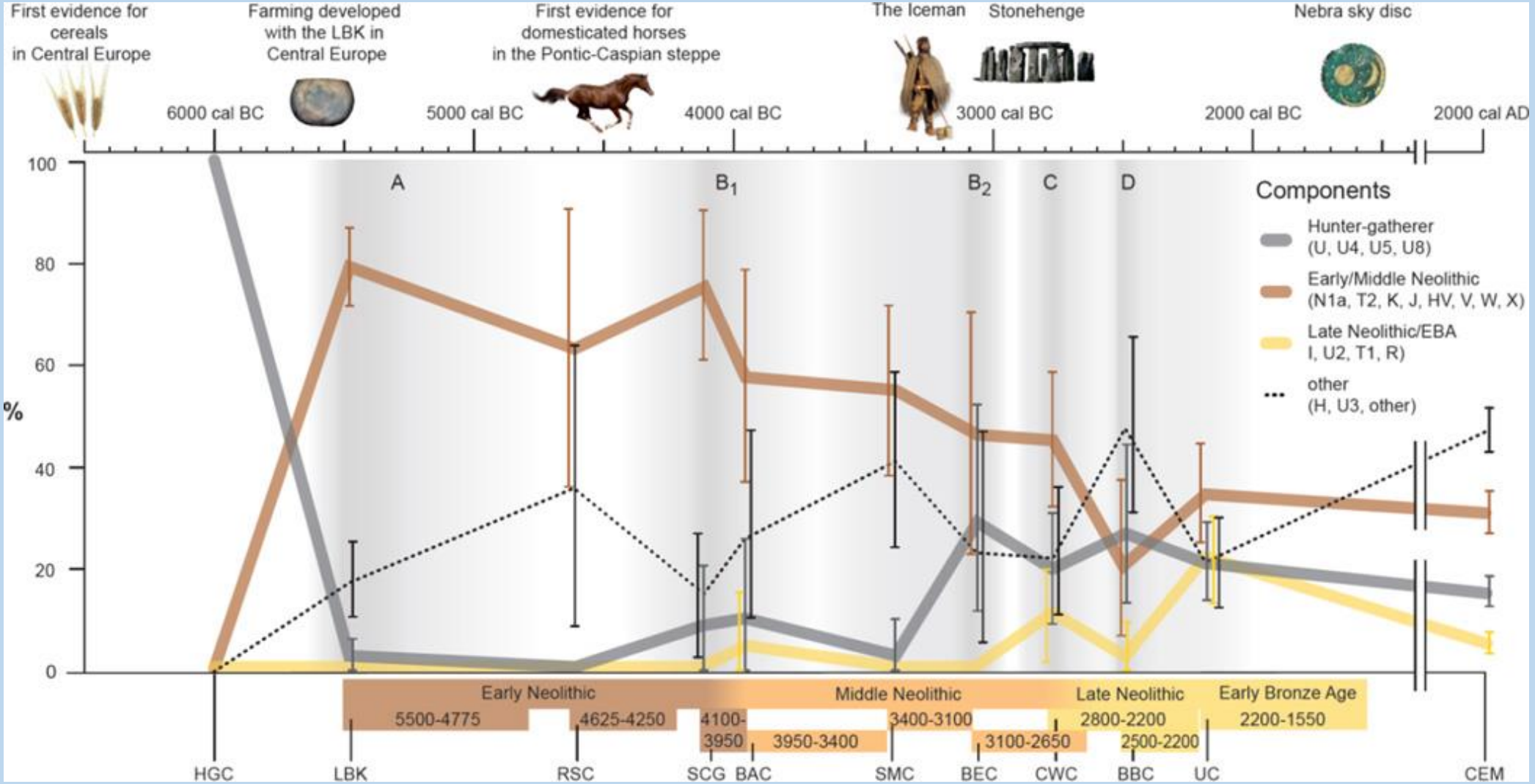
Bramanti et al., 2009

Ближневосточное происхождение ранних «фермеров» Европы



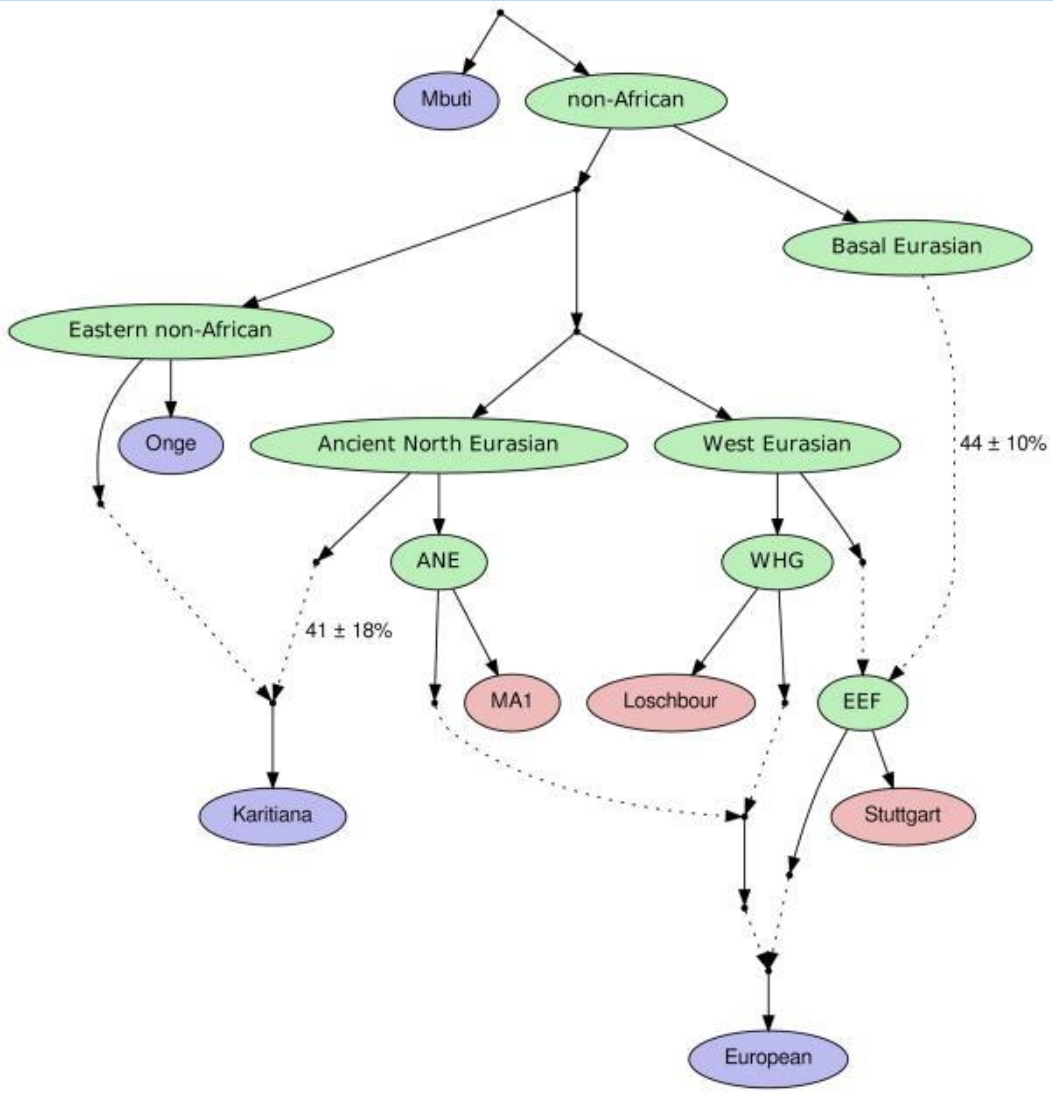
Haak et al., 2010

Динамика структуры генофонда мтДНК населения Европы на протяжении 8 тыс. л.

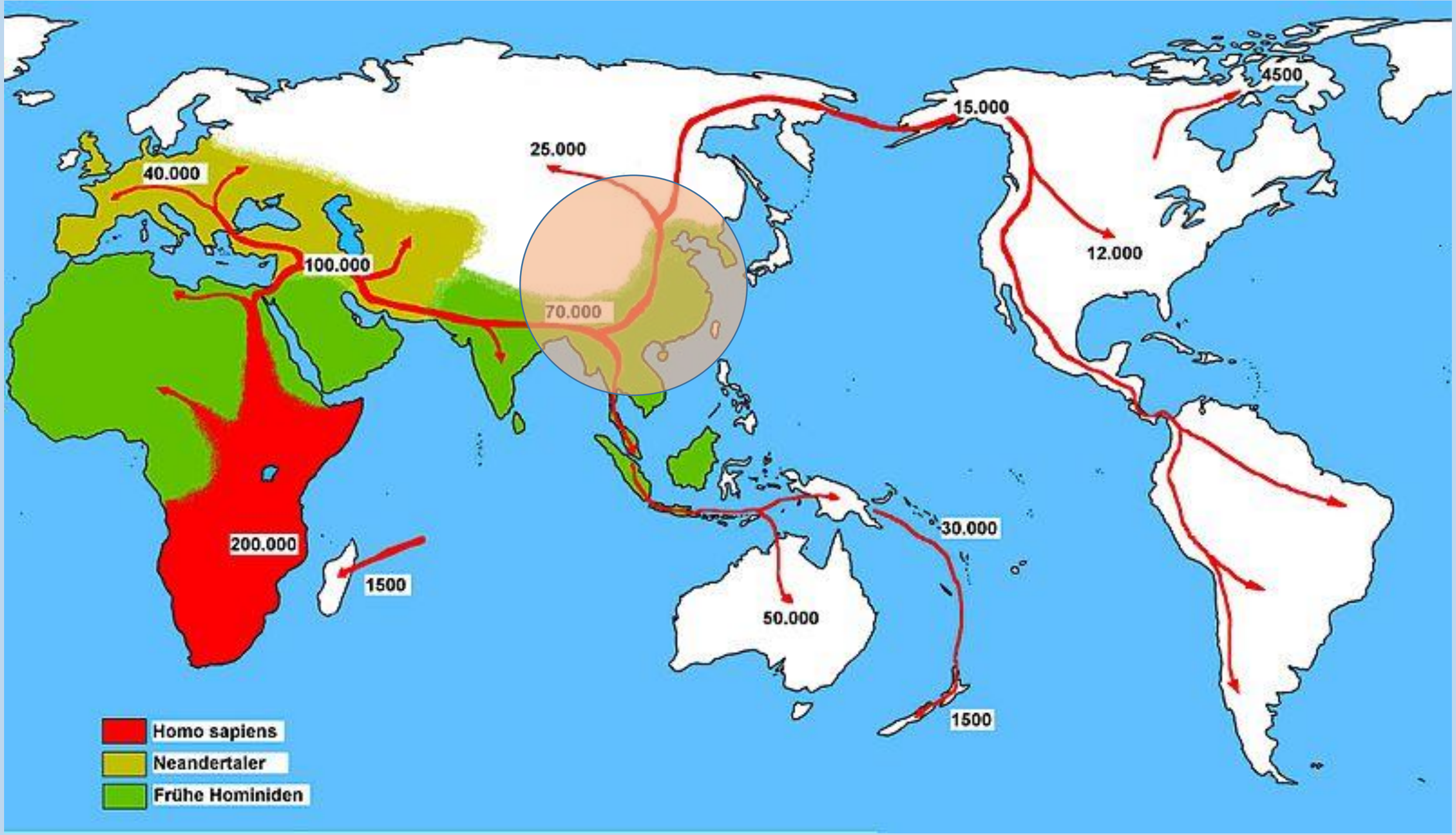


Brandt et al., 2013

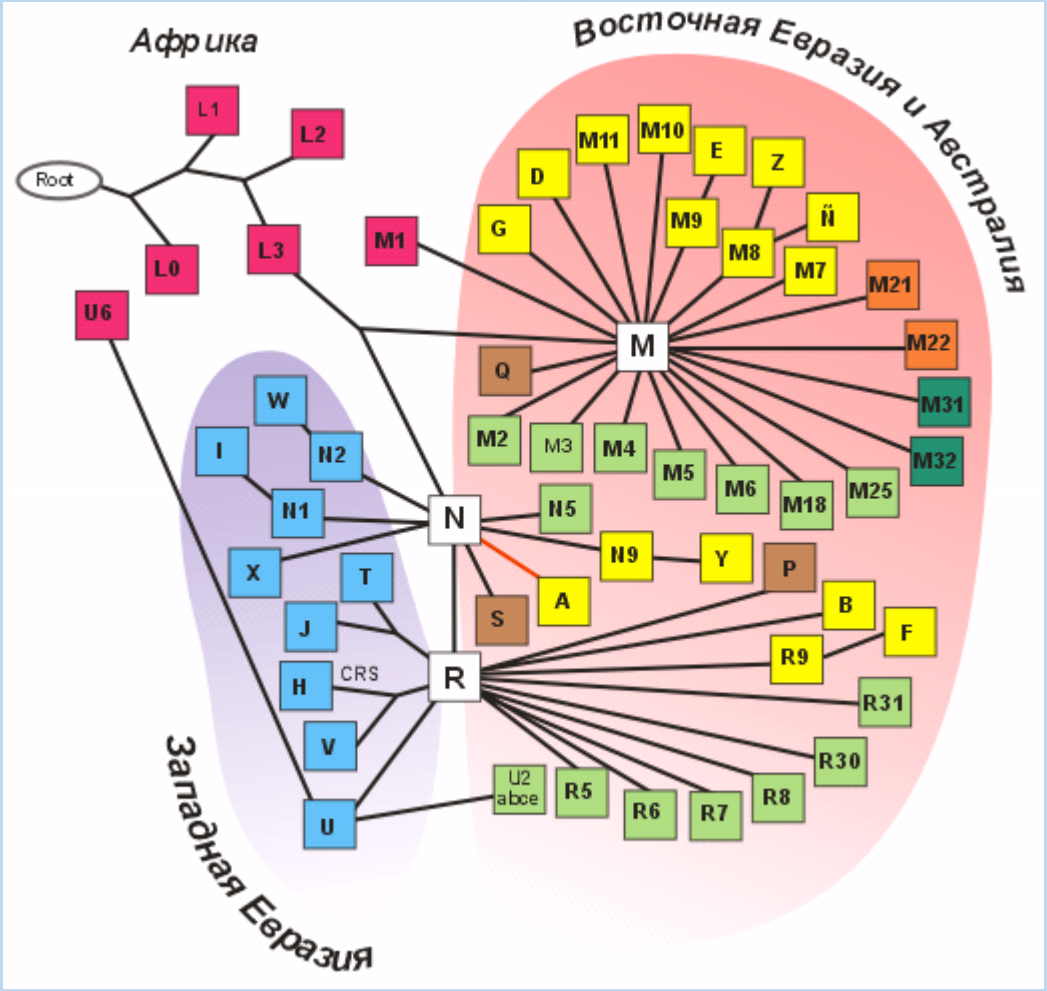
3 источника формирования генофонда современных Европейцев.



1. **Древние-охотники собиратели.**
2. **Ранние европейские «фермеры».**
3. **Древние «Северные Евразийцы»**

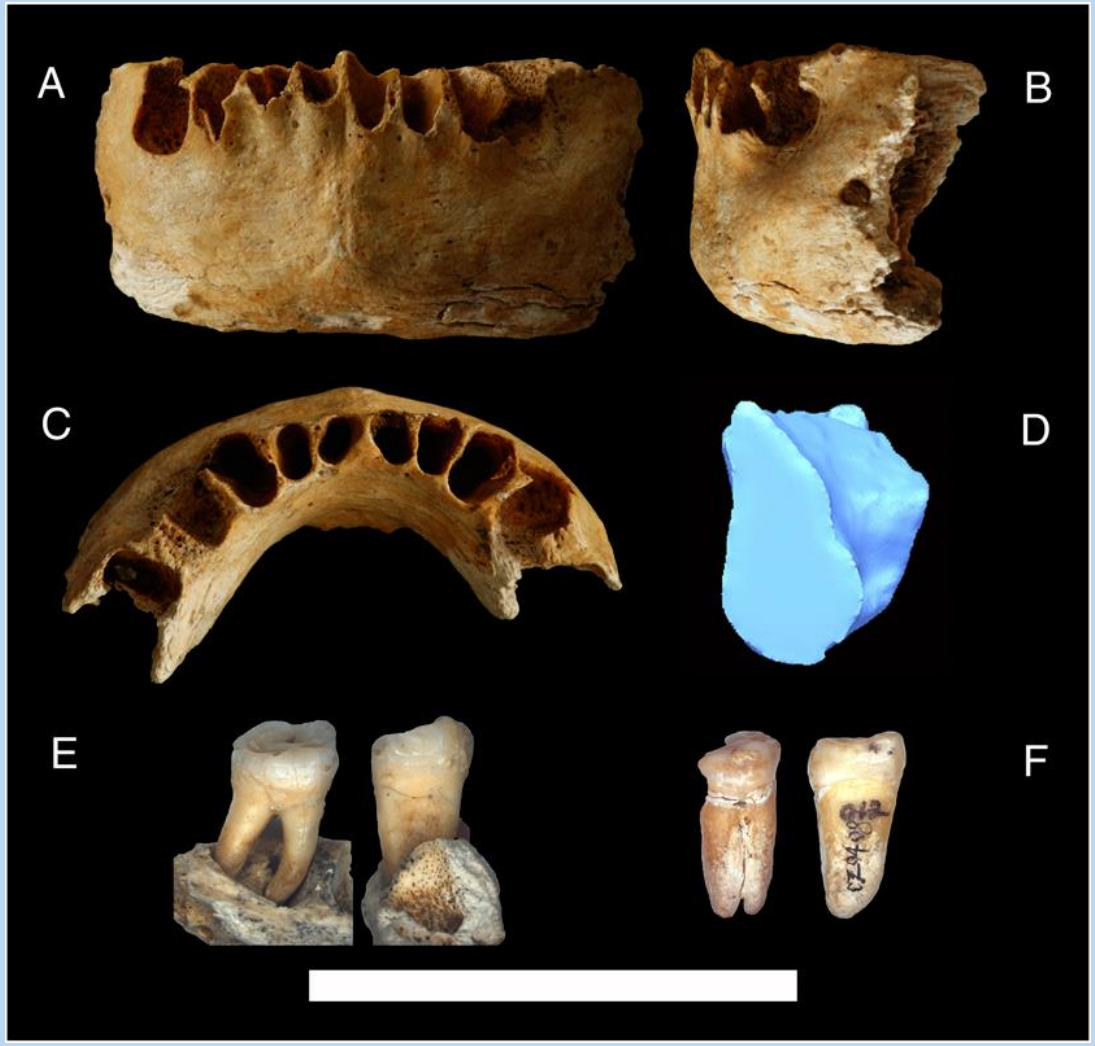

4500
15.000
25.000
40.000
12.000
100.000
70.000
200.000
30.000
1500
50.000
1500
Homo sapiens
Neandertaler
Frühe Hominiden

Данные по мтДНК и Y-хромосоме. Дерево мтДНК.



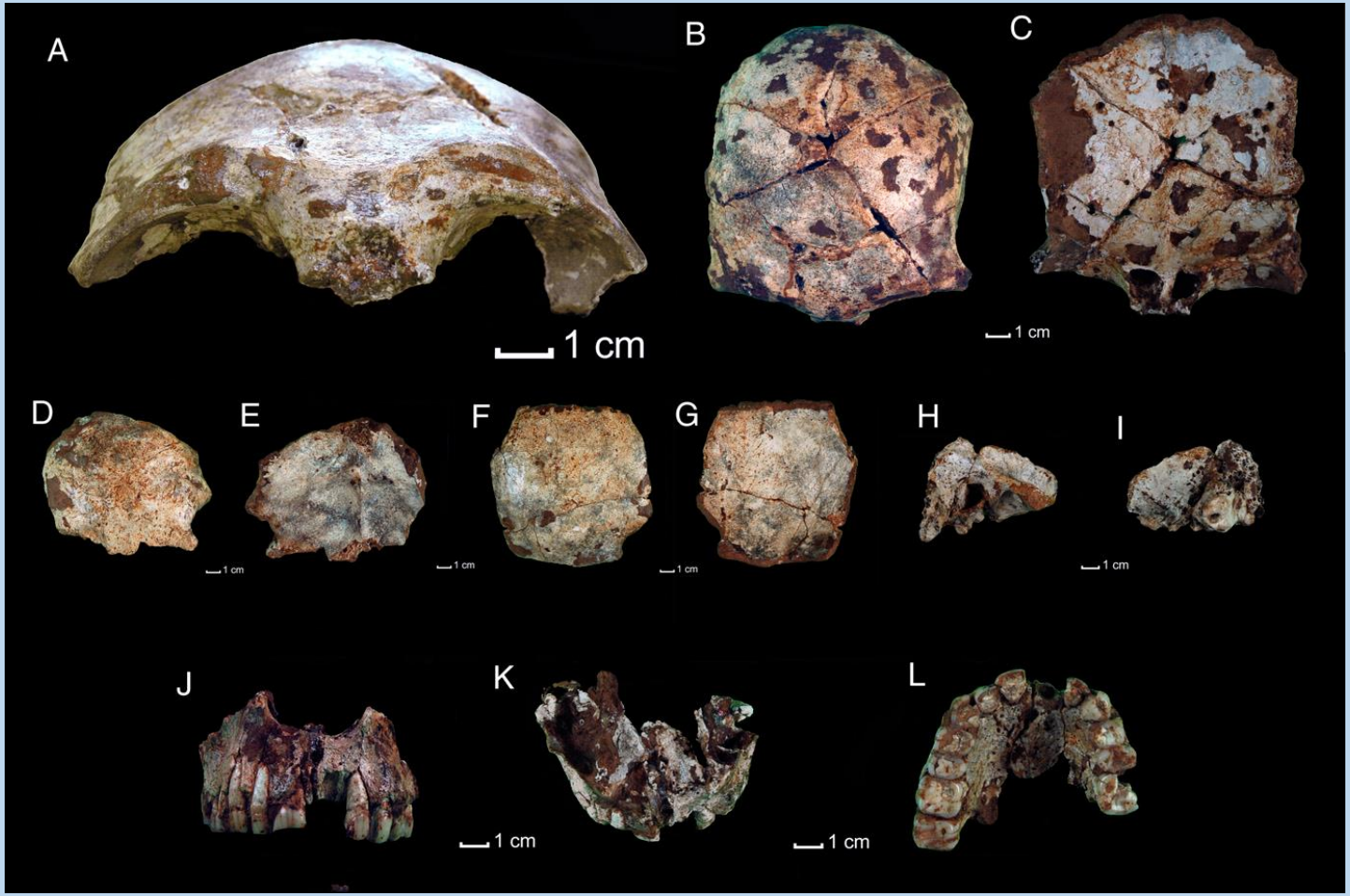
Малярчук, Деренко, 2006

Данные о населении Юго-Восточной Азии.
Новые находки ранних анатомически современных (?) людей.
Юг Китая, пещера Zhiren. Возраст более 100 тысяч лет.



Liu et al,.2010

Новые находки ранних анатомически современных (?) людей.
Лаос, возраст не менее 46 тыс. лет.

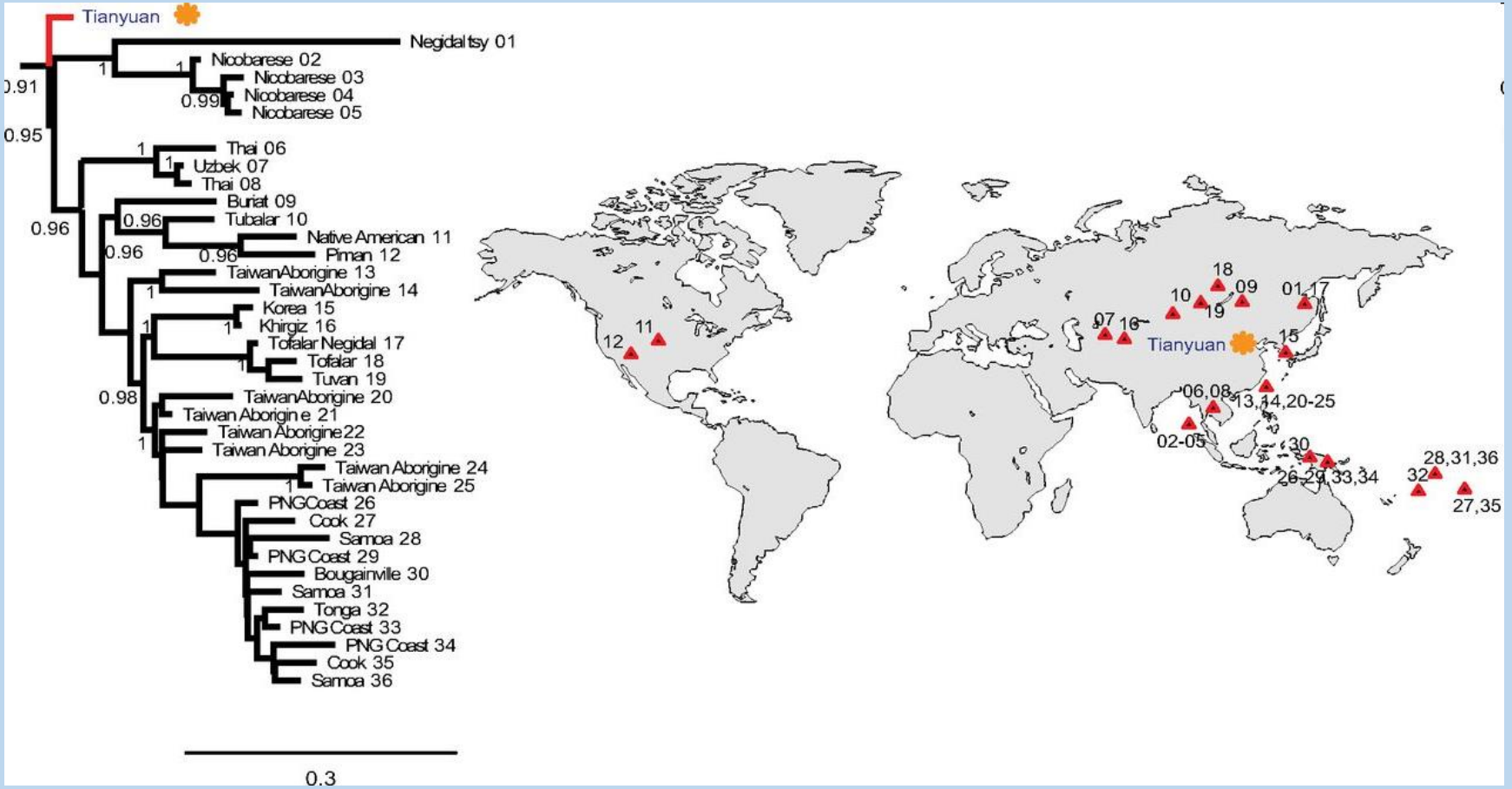


Demeter et al., 2012

Новые находки ранних анатомически современных (?) людей.
Пещера Tianyuan, Северный Китай.
Возраст 40 000 лет.

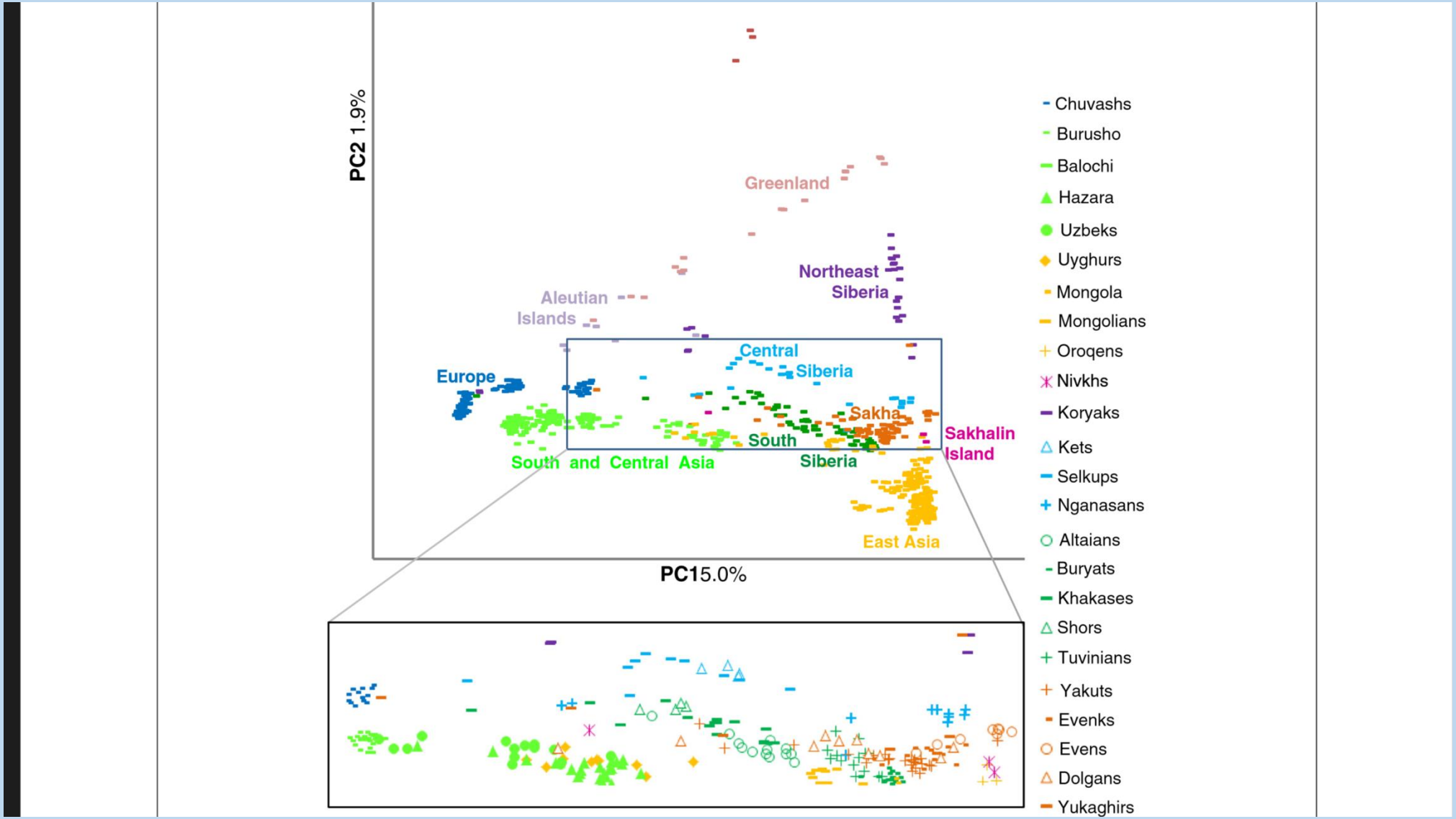
Shang et al., 2007

Полный митохондриальный геном и последовательность хромосомы 21. **Пещера Tianyuan, Северный Китай.**
Возраст 40 000 лет.



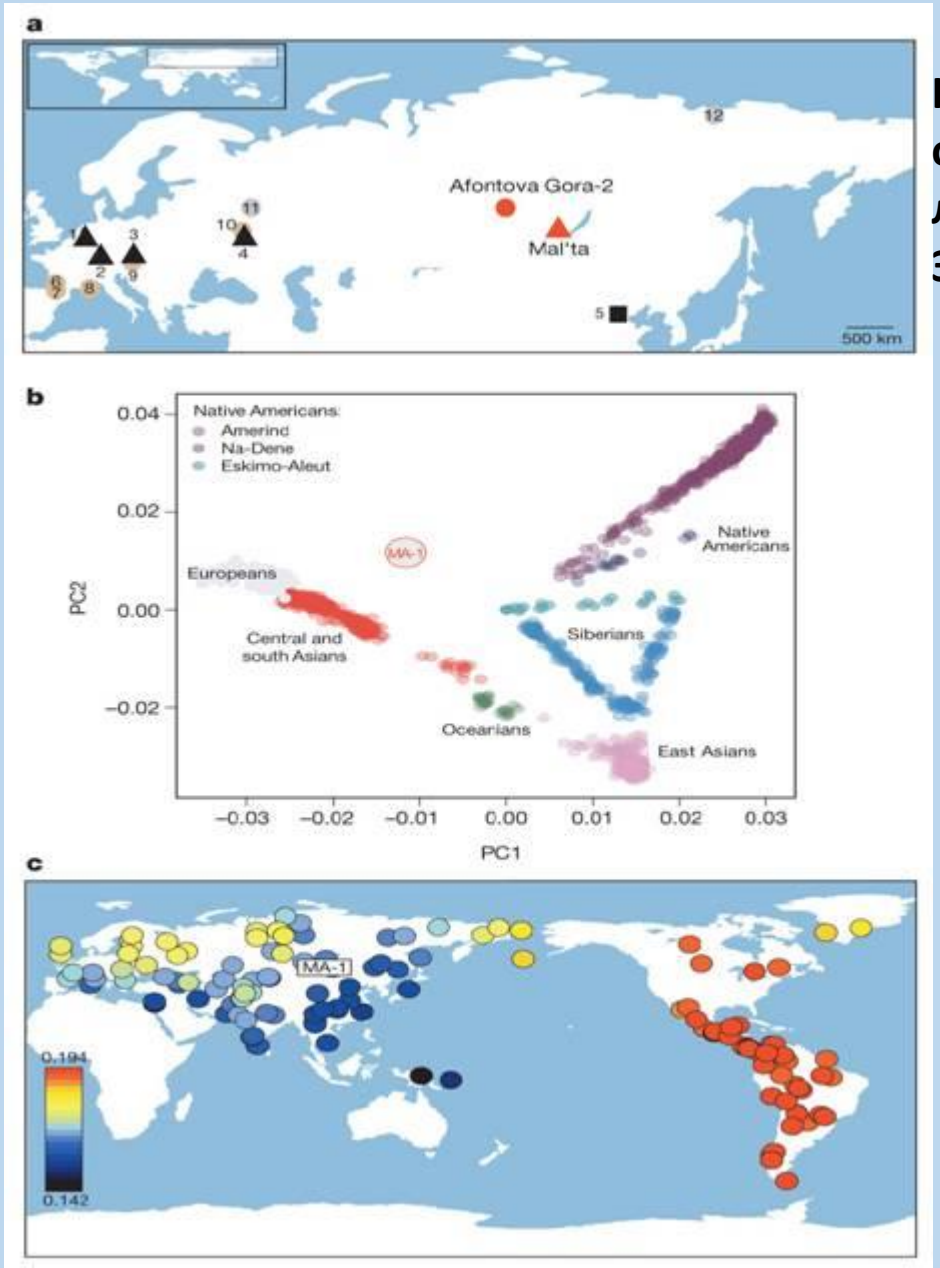
Fu et al., 2012

Генетический спектр современных популяций популяций Евразии (данные по ядерному геному).



Формирование населения Центральной Евразии

Геном анатомически современного представителя населения Сибири возрастом 24000 лет. Стоянка Мальта.



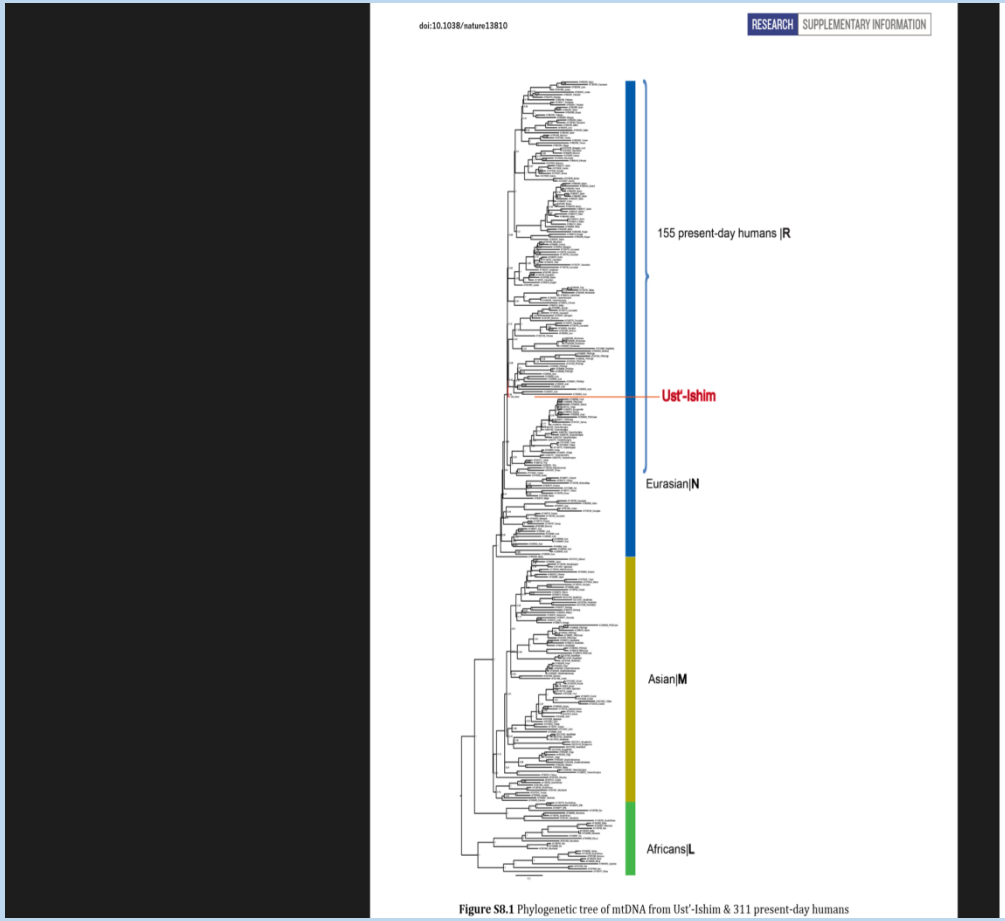
На юге Сибири в верхнем палеолите обитали анатомически современные люди, генетически близкие населению Западной Евразии.

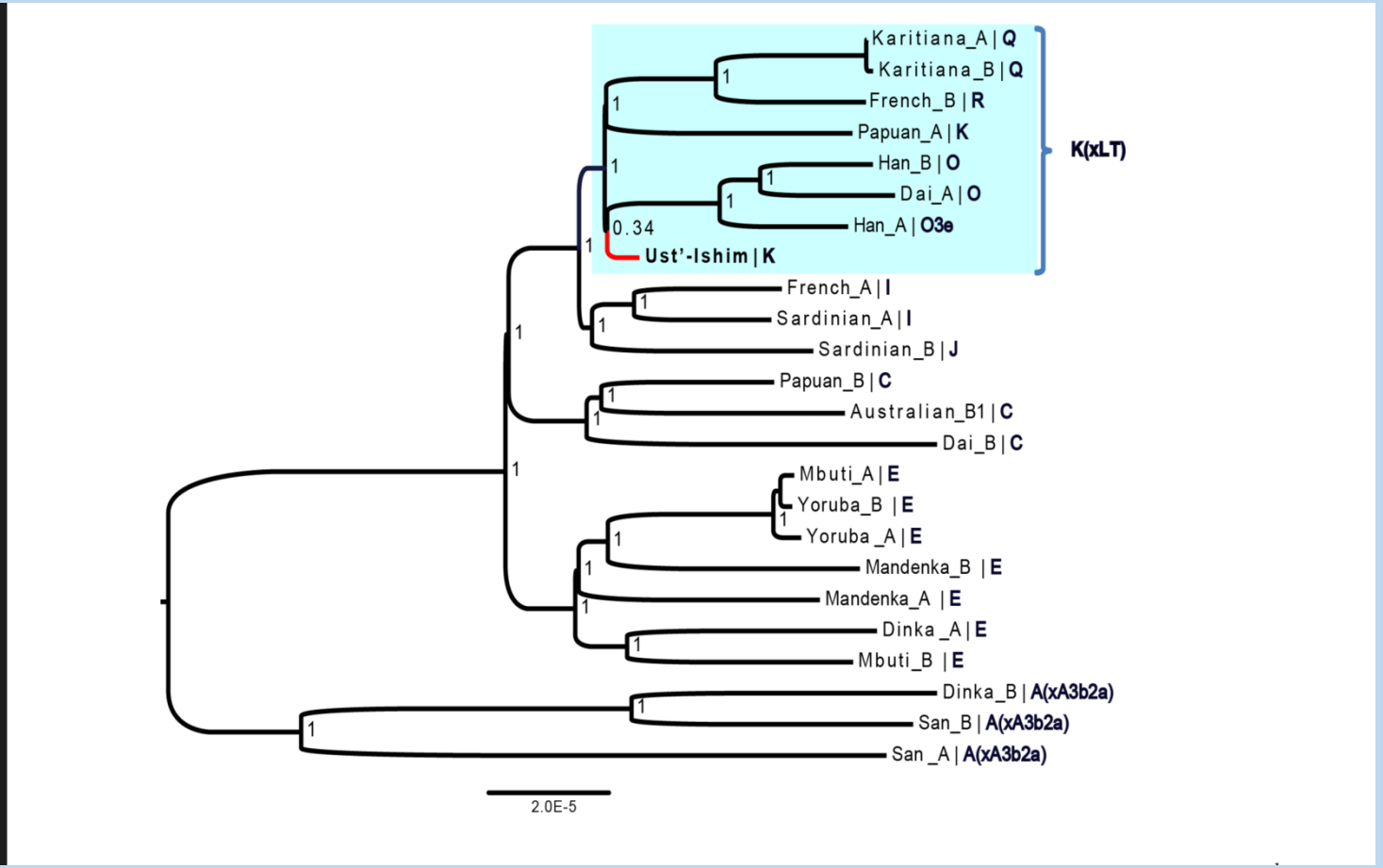
Raghavan et al., 2014

Мальта: палеолитические Венеры!

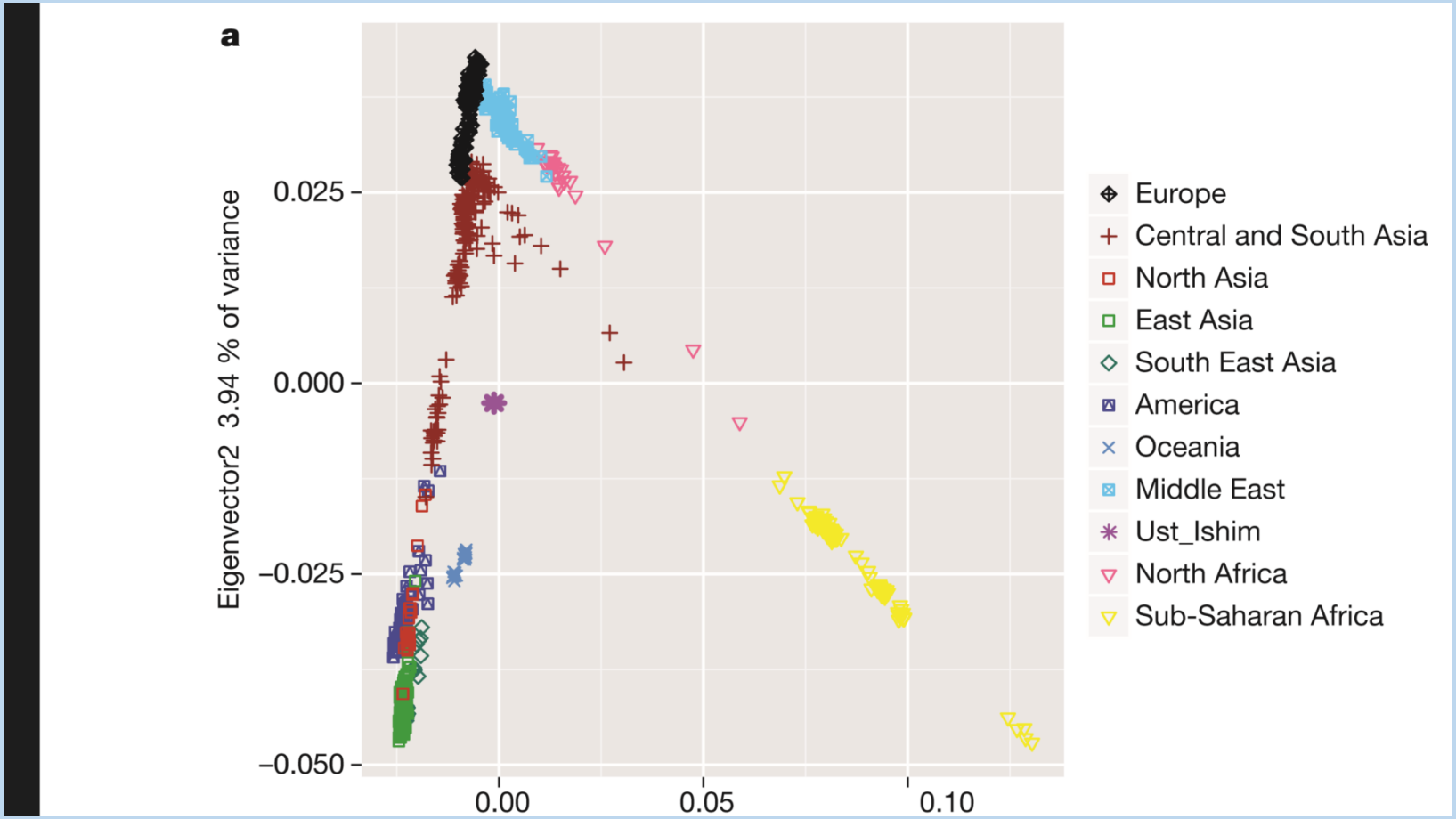
Ранний анатомически современный человек из Западной Сибири (Усть-Иша) (Fu et al., 2014).

Ранний анатомически современный человек из Западной Сибири (Усть-Ишим) (Fu et al., 2014).





Ранний анатомически современный человек из Западной Сибири (Усть-Ишим) (Fu et al., 2014).



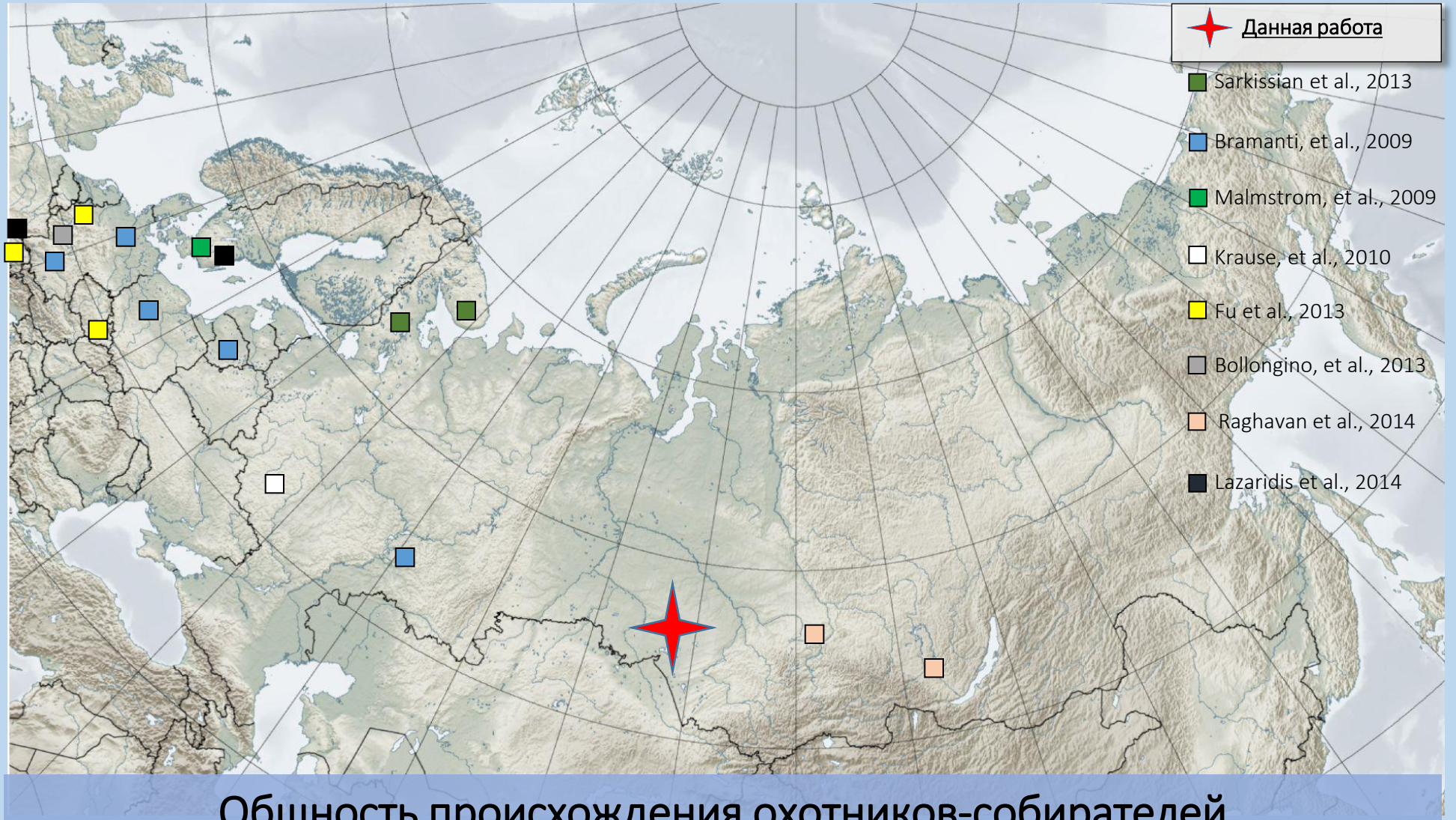
Население Барабинской лесостепи эпохи неолита и раннего металла

Этнокультурная группа	Могильники
Неолитическое население	Сопка-2/1, Корчуган 1А
Усть-тартасская культура (ранний металл)	Сопка-2/3, Сопка-2/3А, Тартас-1

Автохтонное происхождение населения – это формирование популяции на основе предшествующего коренного населения

- Автохтонное происхождение населения
- Специфическое сочетание западно-евразийских и восточно-евразийских признаков

Доминирование линий гаплогруппы U в западно-евразийском компоненте генофонда мтДНК охотников-собирателей Северо-Западной Евразии



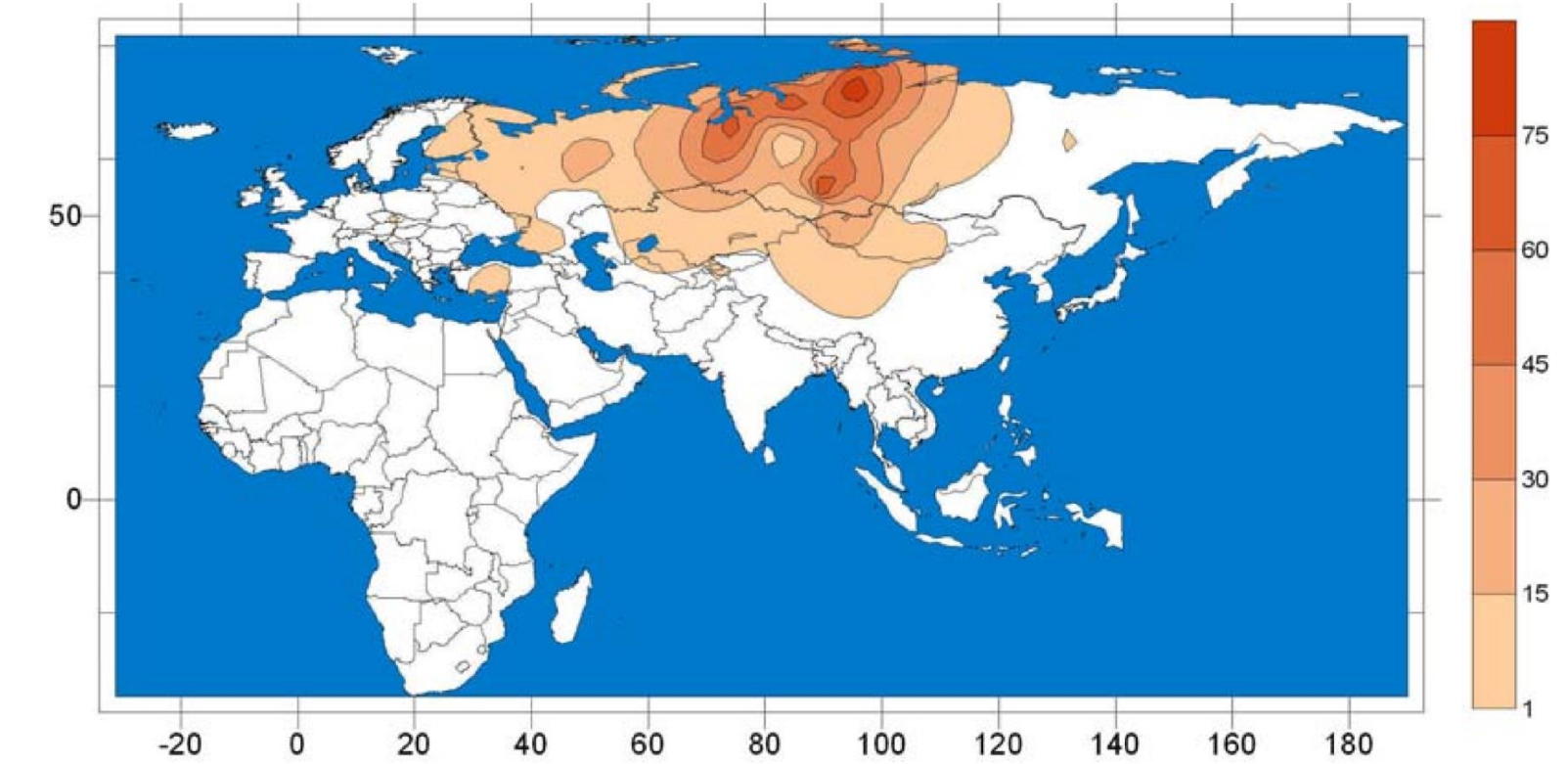
Общность происхождения охотников-собирателей всей Северо-Западной Евразии

Сходство генофонда мтДНК населения Кольского полуострова и Барабинской лесостепи в эпоху неолита и ранней бронзы

- Смешанная структура
- Разнообразие U2e, U5a и Z
- Отсутствие разнообразия гаплогрупп C и D

Сходство материальной культуры и краниометрических признаков

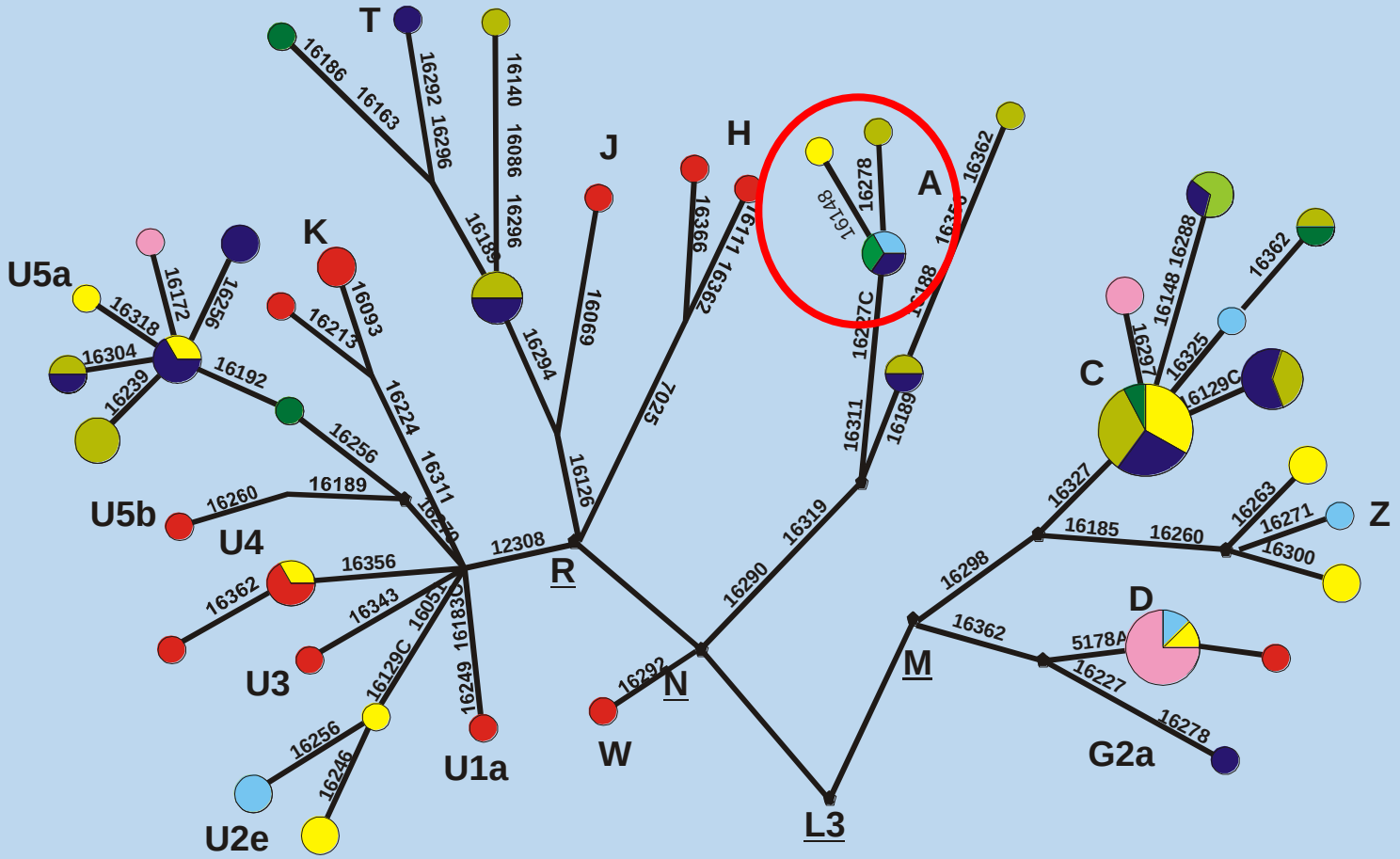
N1b группа Y-хромосомы.



Филогеография гаплогруппы N1b в популяциях Евразии.

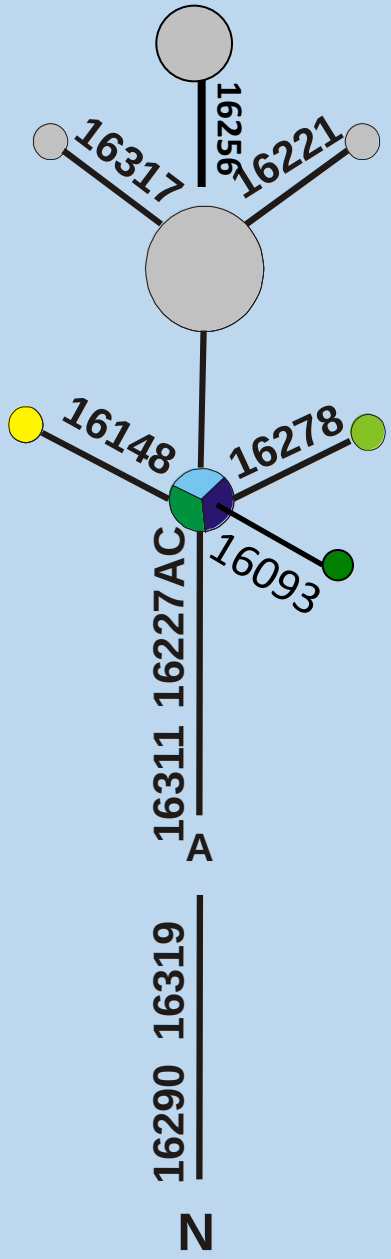
Харьков, 2012.

Гаплогруппа A10 – автохтонный компонент в восточно-евразийском компоненте генофонде мтДНК населения Барабы эпохи неолита и бронзы.



Гаплогруппа A10 – автохтонный компонент генофонда мтДНК населения лесостепной полосы Западной Сибири и Волго-Уральского региона.

Гаплотип ГВС I	Популяция	Число носи-телей	Частота (%)	Ссылка
223-227AC-290-311-319	Кротовская культура Барабы	1	16.7	Данное исследование
	Позднекротовская культура Барабы	1	5.6	Данное исследование
	Культура эпохи поздней бронзы Барабы	1	20.0	Данное исследование
148-223-227AC-290-311-319	Усть-тартасская культура Барабы	1	6.7	Данное исследование
093-223-227AC-290-311-319	Культура эпохи поздней бронзы Барабы			
223-227AC-278-290-311-319	Андроновская (Федоровская) культура Барабы	1	5.6	Данное исследование
223-227AC-230-290-311-319	Сибирские татары (Тоболо-Иртышская группа)	2	0.9	Наумова и др., 2008
	Татары ВУР	4	1.8	Бермишева и др., 2002
	Башкиры ВУР	1	0.5	Бермишева и др., 2002
	Мари ВУР	1	0.7	Бермишева и др., 2002
	Чуваши ВУР	2	3.6	Бермишева и др., 2002
	Чуваши	1	2.8	Richards et al., 2000
	Ногайцы	2	1.0	Бермишева и др., 2004
223-227AC-230-256-290-319	Нганасаны	5	-	Tamm et al., 2007
	Долганы	3	-	Tamm et al., 2007
	Манси	1	0.9	Derbeneva

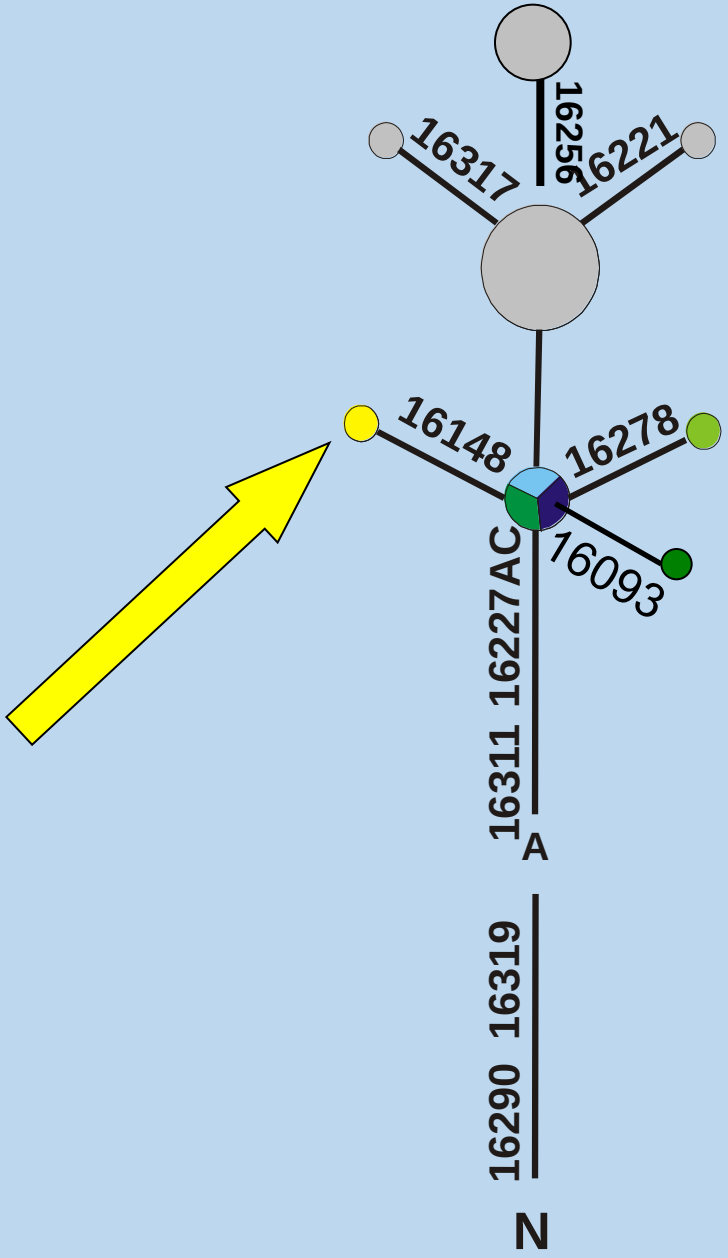


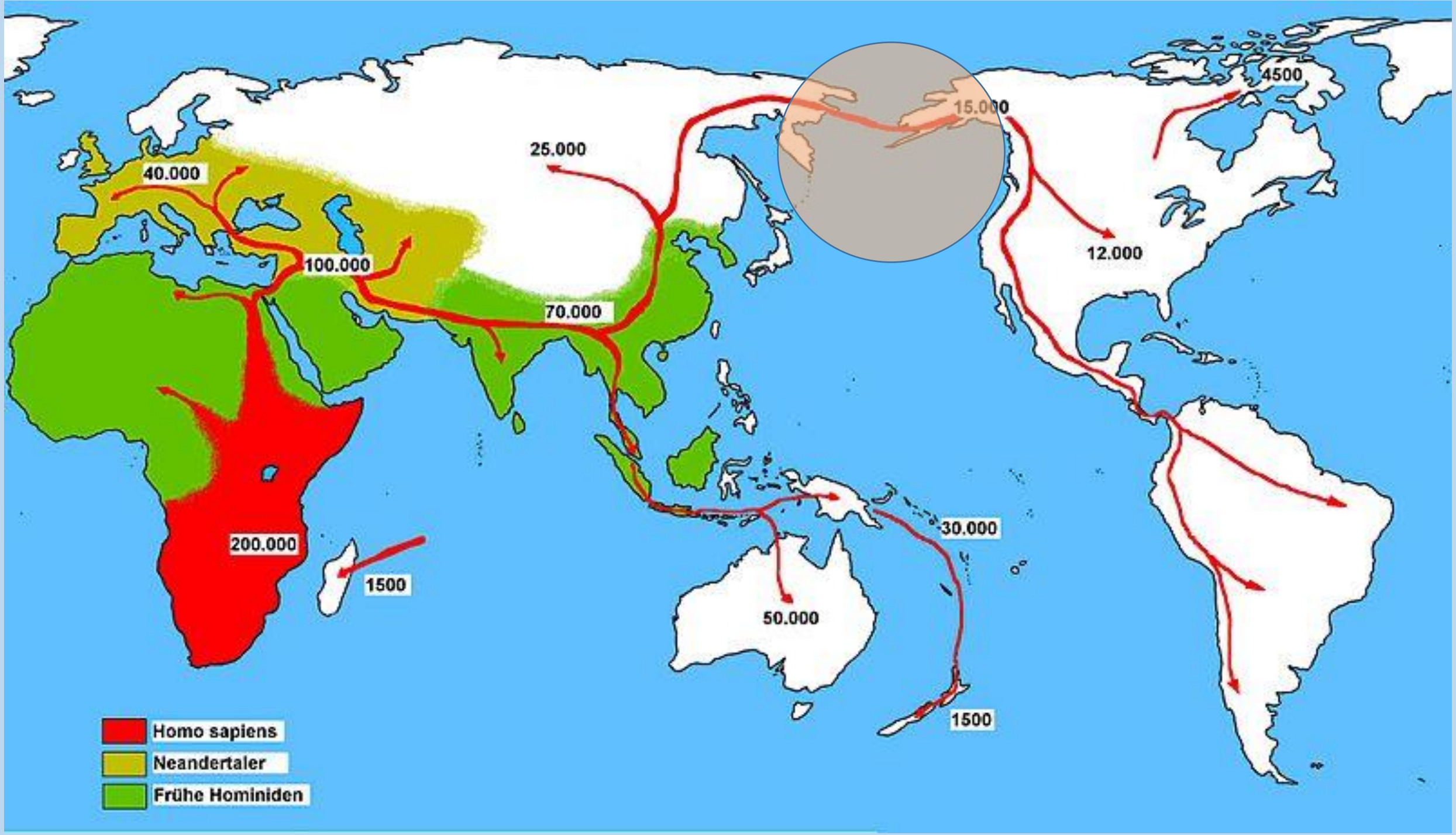
Распространение гаплогруппы A10 в генофондах современных популяций

Наличие древнего автохтонного кластера свидетельствует в пользу периода независимой эволюции популяций региона на ранних этапах формирования их генетического состава (финальный плейстоцен – ранний голоцен).

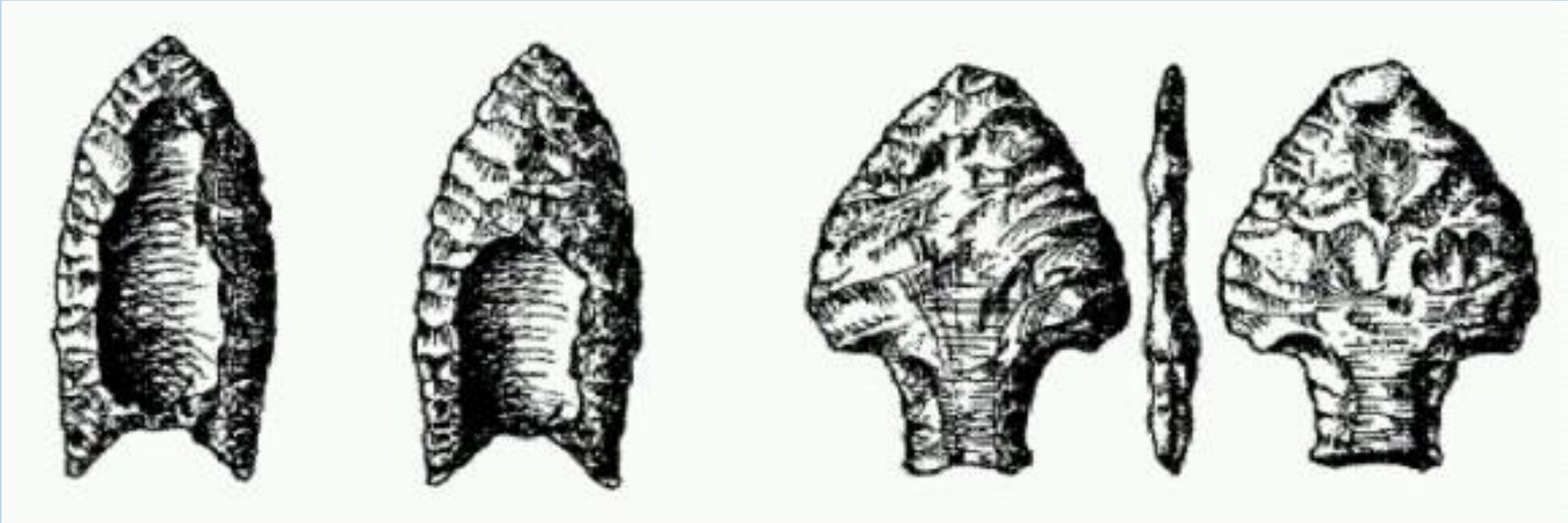
A10 – потенциальный специфический генетический маркер населения северной евразийской антропологической формации.

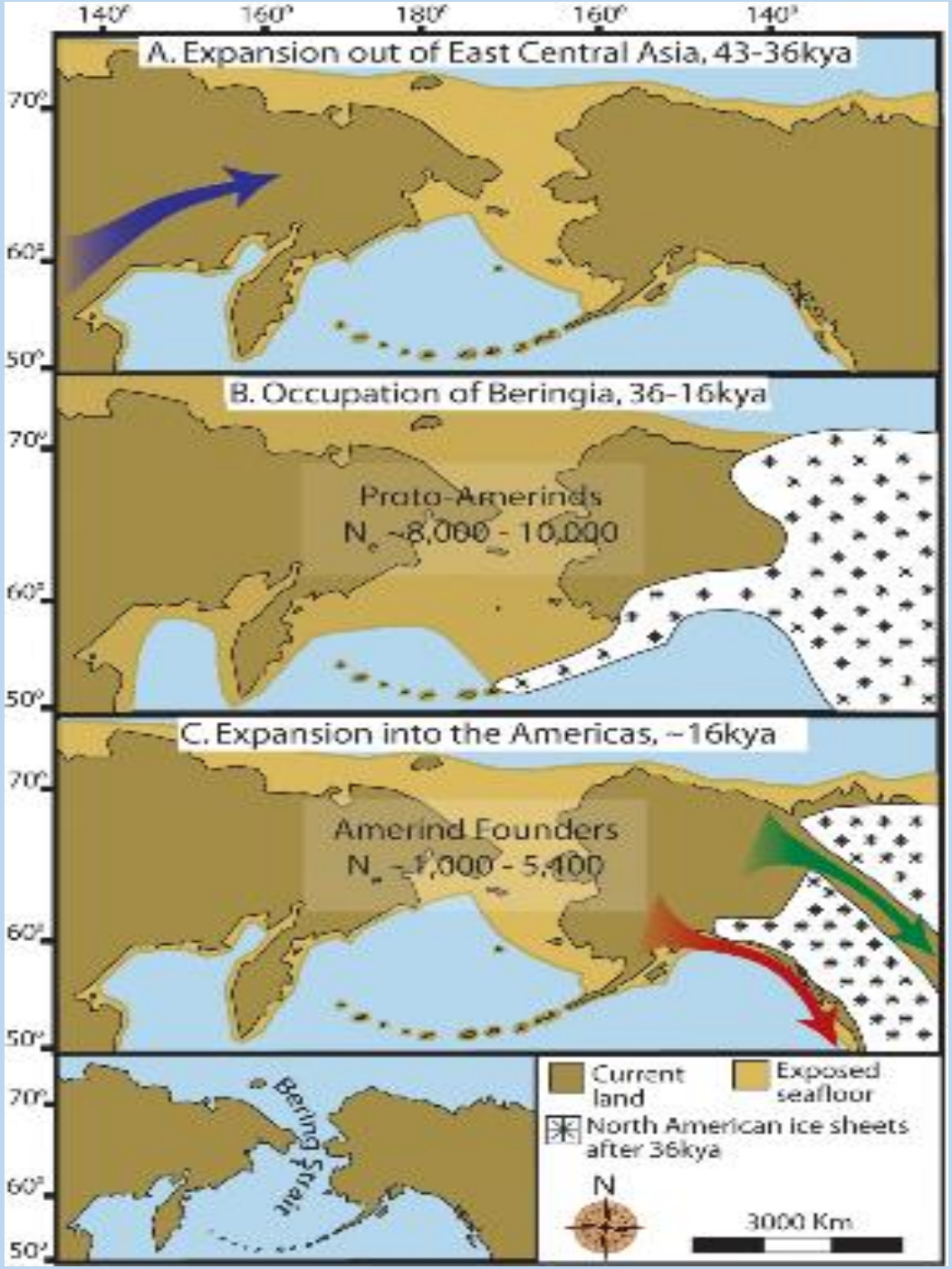
Вариант гаплогруппы A10 в останках индивида № 4 из погребального комплекса №1 могильника Венгероо-2.



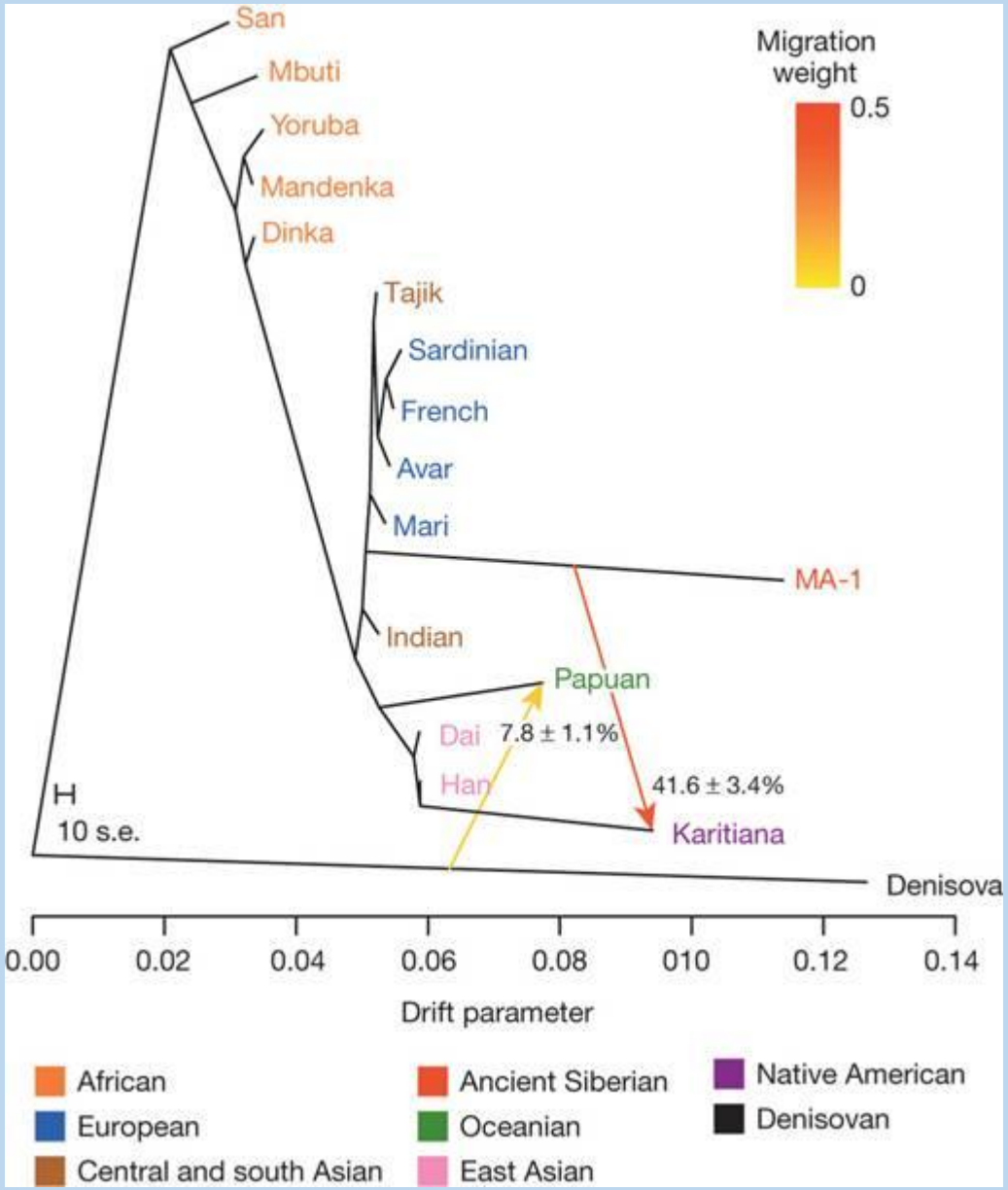

40.000
100.000
200.000
1500
25.000
70.000
15.000
4500
12.000
30.000
50.000
1500
Homo sapiens
Neandertaler
Frühe Hominiden

Заселение Америки.
2 познепалеолитические культуры.




140°
160°
180°
160°
140°
A. Expansion out of East Central Asia, 43-36kya
70°
60°
50°
B. Occupation of Beringia, 36-16kya
Proto-Amerinds
N_e ~8,000 - 10,000
C. Expansion into the Americas, ~16kya
Amerind Founders
N_e ~1,000 - 5,400
Bering Strait
Current land
Exposed seafloor
North American ice sheets after 36kya
N
3000 Km

Потенциальное участие в генетических (миграционных) потоках. Стоянка Мальта.

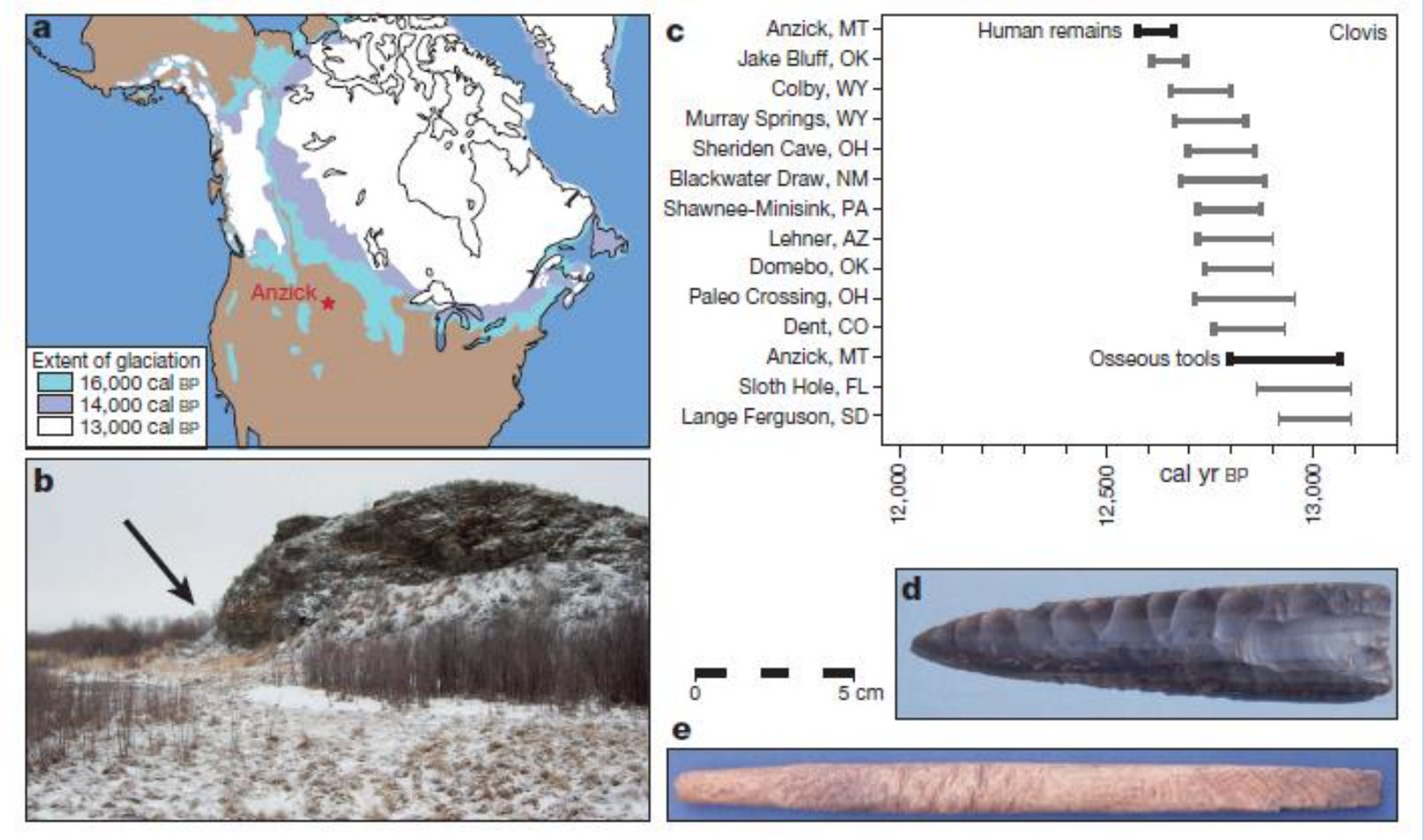


Люди, генетически близкие
Индивиду из Мальты внесли
Вклад в формирование
Аборигенного населения
Америки.

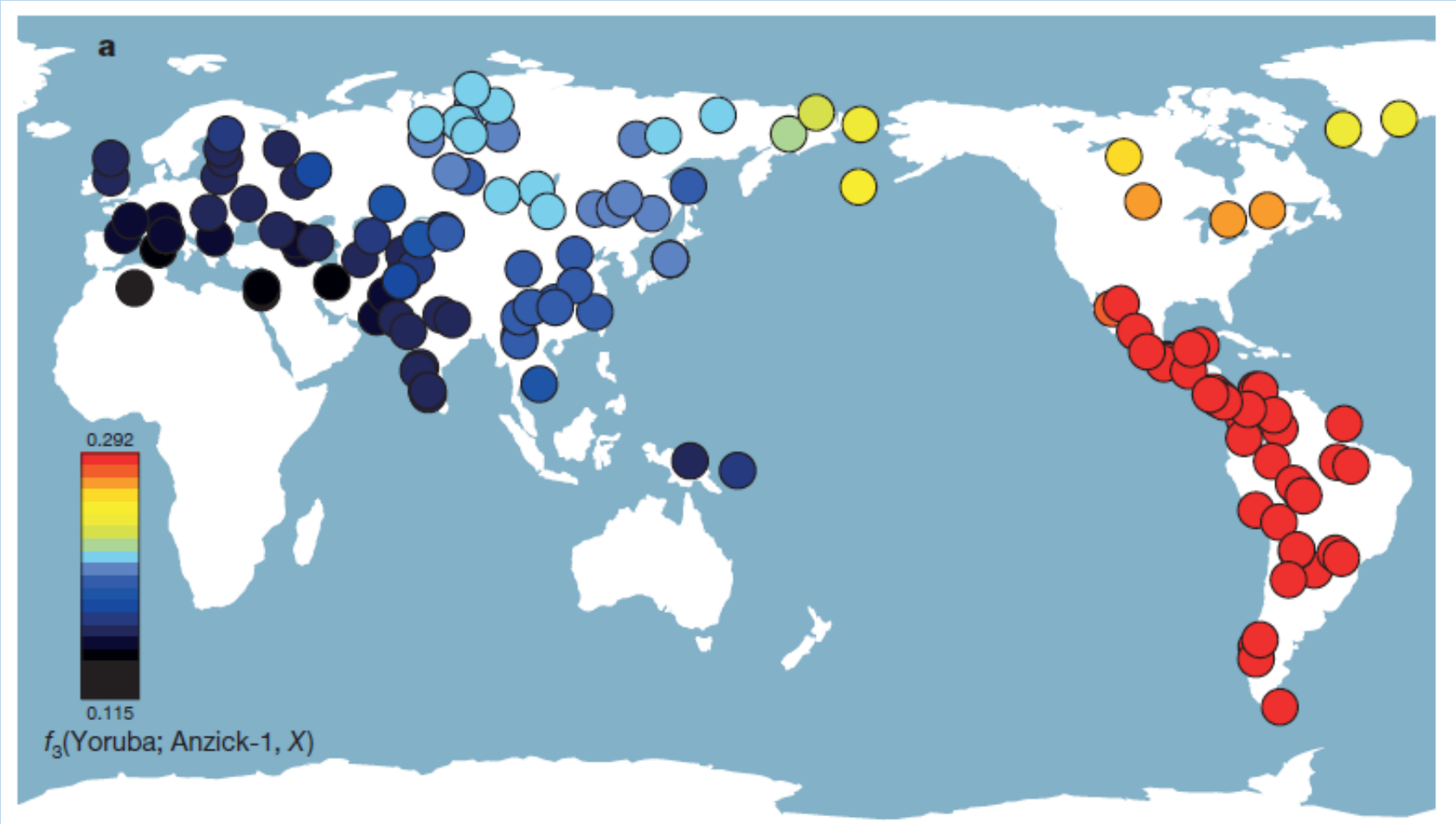
Таким образом, наличие
Западно-евразийских черт
В генофонде американских
Аборигеном объясняется не только
Последствиями недавней
Колонизации континента,
Но может иметь более древнее
Происхождение.

Raghavan et al., 2014

Геном носителя культуры Кловис (возраст 12.6 тыс. лет), США, Монтана

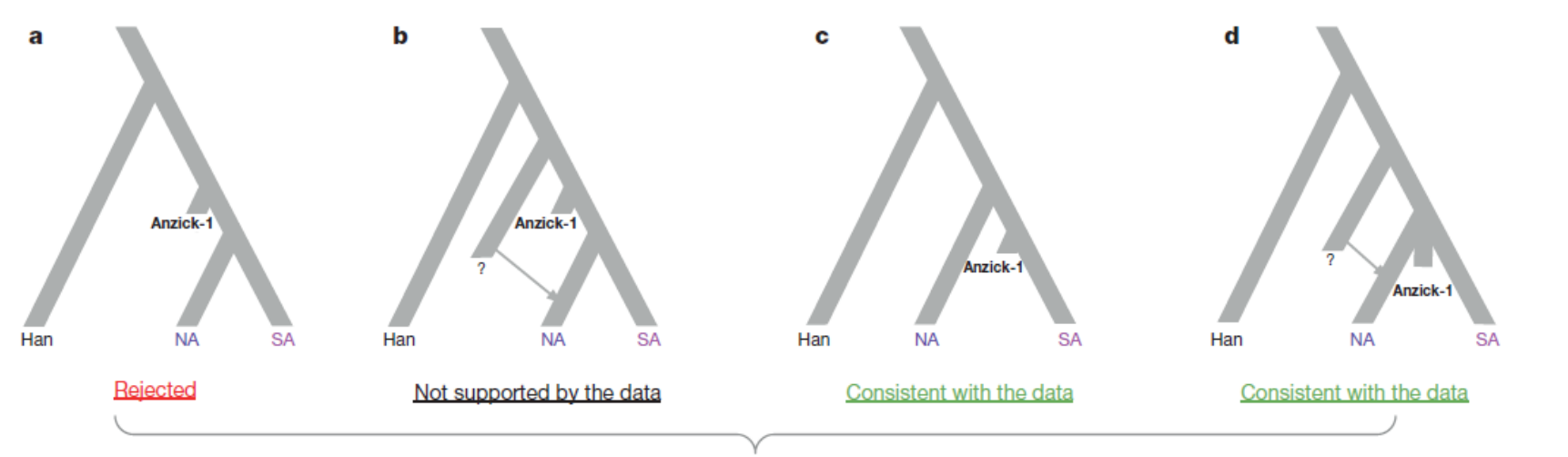


Геном носителя культуры Кловис (возраст 12.6 тыс. лет), США, Монтана

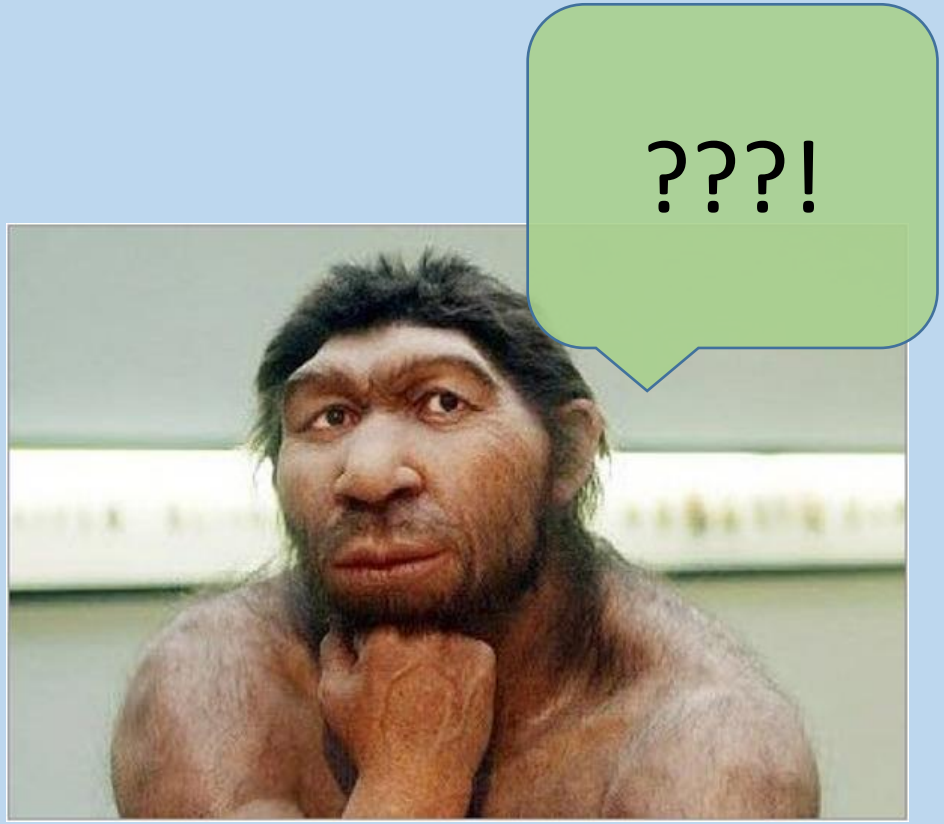


•Демонстрирует наибольшую генетическую близость с популяциями Центральной И Южной Америки, чем с населением Северной Америки.
•Демонстрирует признаки влияния населения Сибири Верхнего палеолита (индивид из памятника Мальта).

Геном носителя культуры Кловис (возраст 12.6 тыс. лет), США, Монтана



• Основным источником происхождения коренного населения Америки была Миграционная волна с территории Сибири, предшествующая появлению Культуры Кловис.

• Зафиксирована глубокая дивергенция аборигенных популяций Америки, Начавшаяся до момента существования исследованного индивида.

Благодарю
За внимание!