

Tak, neandertalczycy to my!

4 listopada 2014

W artykule opublikowanym w "Nature" Qiaomei Fu z współpracownikami informuje o wysokiej jakości sekwencji genomu wydobytego z liczącej 45 tysięcy lat, anatomicznie nowoczesnej kości udowej znalezionej w zachodniej Syberii. "Człowiek Ust-Ishim" dostarczył najstarszego znanego genomu anatomicznie nowoczesnego człowieka (są wcześniejsze genomy człowieka archaicznego).

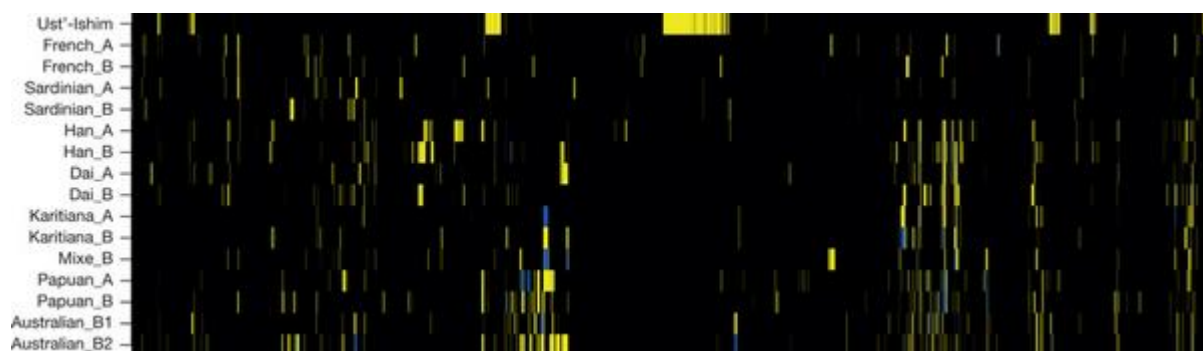


Kość udowa Człowieka Ust-Ishim.

Dlaczego jest to interesujące? Po pierwsze, wydobywanie wysokiej jakości sekwencji z tak starej kości znalezionej na brzegu rzeki jest wspaniałym osiągnięciem technicznym. Brawo dla Fu i jej kolegów za to osiągnięcie. Po drugie, Człowiek Ust-Ishim okazał się być bardzo interesujący filogenetycznie. Choć zdecydowanie nie-afrykański w powinowactwach genetycznych, wydaje się być w równej odległości od współczesnych Europejczyków i współczesnych mieszkańców Azji Wschodniej. Zdaniem Fu i jej zespołu żył on blisko punktu w czasie, kiedy nastąpiło rozejście się tych dwóch gałęzi ludzkości, co czyniłoby go tą częścią linii rodowej nowoczesnego człowieka, która opuściła Afrykę, ale jeszcze nie rozdzieliła się na linię europejską i wschodnioazjatycką. Po trzecie, ponieważ

mogli zidentyfikować różnice genetyczne między Człowiekiem Ust-Ishim a człowiekiem współczesnym, byli w stanie ocenić tempo mutacji zarówno w genomie jądrowym, jak mitochondrialnym. Tempo mutacji autosomalnych wynosiło około $.5 \times 10^{-9}$ na miejsce rocznie, tempo mutacji w chromosomie Y było wyższe, około $.75 \times 10^{-9}$ na miejsce rocznie, a tempo mutacji mitochondrialnych było znacznie wyższe, około 2.5×10^{-8} na miejsce rocznie. Te dane i ich wzajemne relacje odpowiadają niemal dokładnie temu, czego oczekiwaliśmy, ale miło jest mieć bezpośrednie oceny oparte na długim odcinku czasowym, by potwierdzić szacunki oparte krótkoterminowych badaniach mutacji de novo i porównań współczesnych sekwencji.

I wreszcie, stąd dowiadujemy się o krzyżowaniu się anatomicznie nowoczesnych ludzi i neandertalczyków. Jak Jerry, John Hawks, i ja twierdziliśmy wcześniej (i jak to niedawno podsumowałem w „The Dish”), neandertalczycy i wcześni nie-afrykańscy, anatomicznie nowocześni ludzie (wraz z Denisowianami) byli częścią grupy krzyżującej się populacji, a więc wszyscy byli członkami gatunku *Homo sapiens*. Genom Człowieka Ust-Ishim jest w około 2% neandertalski, tak samo jak współczesnych Europejczyków i mieszkańców Azji Wschodniej. Znaczy to, że poziom domieszki charakteryzujący współczesne populacje istniał już 45 tysięcy lat temu. Nie jest to zbyt zaskakujące. Mniej więcej w tym czasie neandertalczycy albo znikali, albo już zniknęli, więc jakiegokolwiek krzyżowanie z nimi, które miało się zdarzyć, zdarzyło się (głównie) wtedy. A więc neandertalczycy są nami.



Regiony dziedzictwa neandertalskiego w chromosomie 12 w osobniku Ust-Ishim i piętnastu dzisiejszych nie-Afrykanach.

Analiza oparta na SNP, gdzie genomy afrykańskie mają allele przodków, a genomy neandertalczyków mają allele zmutowane. Homozygotyczne allele przodków są czarne, heterozygotyczne allele zmutowane są żółte, a homozygotyczne allele zmutowane są niebieskie.

Nie jest to jednak wszystko. Współcześni ludzie są oddzieleni dziesiątkami tysięcy lat i tysiącami pokoleń od czasów, kiedy nasi przodkowie krzyżowali się ze sobą. W tym czasie rekombinacje chromosomów naszych anatomicznie nowoczesnych i neandertalskich przodków rozłamały pierwotnie przylegające do siebie odcinki chromosomów, rozpraszając te dwa zestawy wzajem w sobie. Ponieważ olbrzymia większość naszego genomu pochodzi od anatomicznie nowoczesnych przodków, najłatwiej jest zobaczyć to w naszym neandertalskim składniku genetycznym, który został rozrzucony po anatomicznie nowoczesnej części. To właśnie widać w 15 współczesnych nie-afrykańskich genomach na ilustracji powyżej – żółte i niebieskie odcinki neandertalskie rozrzucone są po całym czarnym anatomicznie nowoczesnym tle.

Kiedy jednak zachodzi krzyżowanie się, te dwa genomy są oddzielne. Pierwsze „hybrydowe” dziecko ma jeden zestaw chromosomów neandertalskich i jeden zestaw chromosomów anatomicznie nowoczesnych. Kiedy takie dziecko tworzy gamety, jego chromosomy podlegają crossing over – wymianie odcinków chromosomów – podczas mejozy, a więc jego dzieci otrzymają chromosomową mieszankę: każdy chromosom będzie składał się z przemiennych odcinków części neandertalskich i anatomicznie nowoczesnych. W kolejnych pokoleniach znowu zachodzi crossing over, a więc przylegające do siebie odcinki z pokolenia założycielskiego ciągle rozłamują się na coraz mniejsze kawałki. Jeśli więc złapiemy genom dość szybko po zajściu domieszki genetycznej, powinniśmy zobaczyć, że odcinki chromosomu pojawiają się w większych, ciągłych blokach – i to właśnie odkryli Fu i jej koledzy!

Spójrz na najwyższy rząd na ilustracji powyżej. To jest Człowiek Ust-Ishim – zauważ, że jego neandertalski DNA pojawia się w większych blokach, wskazując na to, że jeszcze nie

został w pełni rozłamany przez crossing over. Jego genom reprezentuje wcześniejsze stadium genetycznej domieszki neandertalskiej do ludzi anatomicznie nowoczesnych. Krzyżowanie już zaszło – jest on w 2% neandertalczykiem – ale jego neandertalski DNA nadal występuje w nierekombinowanych blokach. W oparciu o to Fu i jej koledzy byli w stanie wyliczyć, ile czasu wcześniej zaszło to krzyżowanie i doszli do liczby około 300 pokoleń, czyli około 10 tysięcy lat przed Człowiekiem Ust-Ishim. Tak więc krzyżowanie zdarzyło się około 50-60 tysięcy lat temu.

Można się także zastanawiać, dlaczego nasze genomy pochodzą w większości od anatomicznie nowoczesnych ludzi. Jeśli krzyżowali się oni z neandertalczykami, to czy nie powinno być 50 na 50? No cóż, nie – byłoby 50 na 50 tylko gdyby była równa liczba przodków z tych dwóch grup, ale niekoniecznie tak było (w rzeczywistości wiemy, że tak nie było). Większość „hybryd” musiała krzyżować się z powrotem (tj. mieć dzieci) z anatomicznie nowoczesnymi ludźmi. Wiele jest wypadków w historii, kiedy spotykają się dwie współczesne grupy ludzi i krzyżują się ze sobą, ale z dość nierównym wkładem genetycznym do populacji potomnej. W wypadku neandertalczyków stosunek wynosi 1 do 49. Łatwo wyobrazić sobie, jak to mogło się zdarzyć – samotny neandertalczyk zostaje zaadoptowany do nowoczesnej grupy, a jego potomkowie mają dzieci głównie z przeważającymi liczebnie nowoczesnymi. Możliwe jest jeszcze wiele scenariuszy, ale byłyby one w większości zgadywanką.

Gdy tylko widzę ciekawe wyniki dotyczące ewolucji człowieka, zawsze sprawdzam, co mówi o tym John Hawks, ale jeszcze niczego nie napisał; na szczęście Carl Zimmer był w stanie zapytać Johna osobiście, co o tym myśli. Opublikował to w “New York Times”: “Jest to niezastąpiony dowód tego, co istniało kiedyś, a czego nie możemy zrekonstruować na podstawie tego, jacy ludzie są dzisiaj”- powiedział Hawks, paleoantropolog z University of Wisconsin, który nie brał udziału w tym badaniu. „Daje nam informację o czasie dla nas straconym”.

Oczywiście jest to absolutnie słuszne, ale chciałbym usłyszeć więcej z tego, co ma do powiedzenia i mam nadzieję, że niedługo napisze coś o tych nowych odkryciach.

Autor: Greg Mayer

Tłumaczenie: Małgorzata Koraszewska

Ilustracje: Nature, Fu et al

Źródło oryginalne: [Why Evolution Is True](#)

Źródło polskie: [Listy z naszego sadu](#)

O AUTORZE

Greg Mayer – zastępca kuratora działu gadów i płazów w muzeum zoologicznym Uniwersytetu Wisconsin. Doktorat z biologii ewolucyjnej obronił na Harvardzie.

BIBLIOGRAFIA

Fu, Q., et al. 2014, Genome sequence of a 45,000-year-old modern human from western Siberia, Nature 514:445-449, abstract.