

## ПАЛЕОГЕНЕТИКИ ОПУБЛИКОВАЛИ ДРЕВНЕЙШИЕ ВЫСОКОКАЧЕСТВЕННЫЕ ГЕНОМЫ ЕВРОПЕЙСКИХ САПИЕНСОВ

**Наталья Петрова**

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник Института молекулярной биологии РАН.

### **Аннотация:**

Группа палеогенетиков опубликовала геномы ранних представителей *Homo sapiens*, живших на территории Европы более 40 тысяч лет назад. Анализ высококачественных генетических данных позволил уточнить родственные связи древних сапиенсов с неандертальцами и определить ключевые миграционные пути. Эти результаты вносят значительный вклад в понимание заселения Европы и взаимодействия ранних популяций. В статье рассматриваются методики извлечения ДНК, ключевые находки и их интерпретация в контексте палеоантропологии.



### **1. Введение**

Исследование геномов древних представителей *Homo sapiens* открывает новые горизонты в изучении эволюции человека.

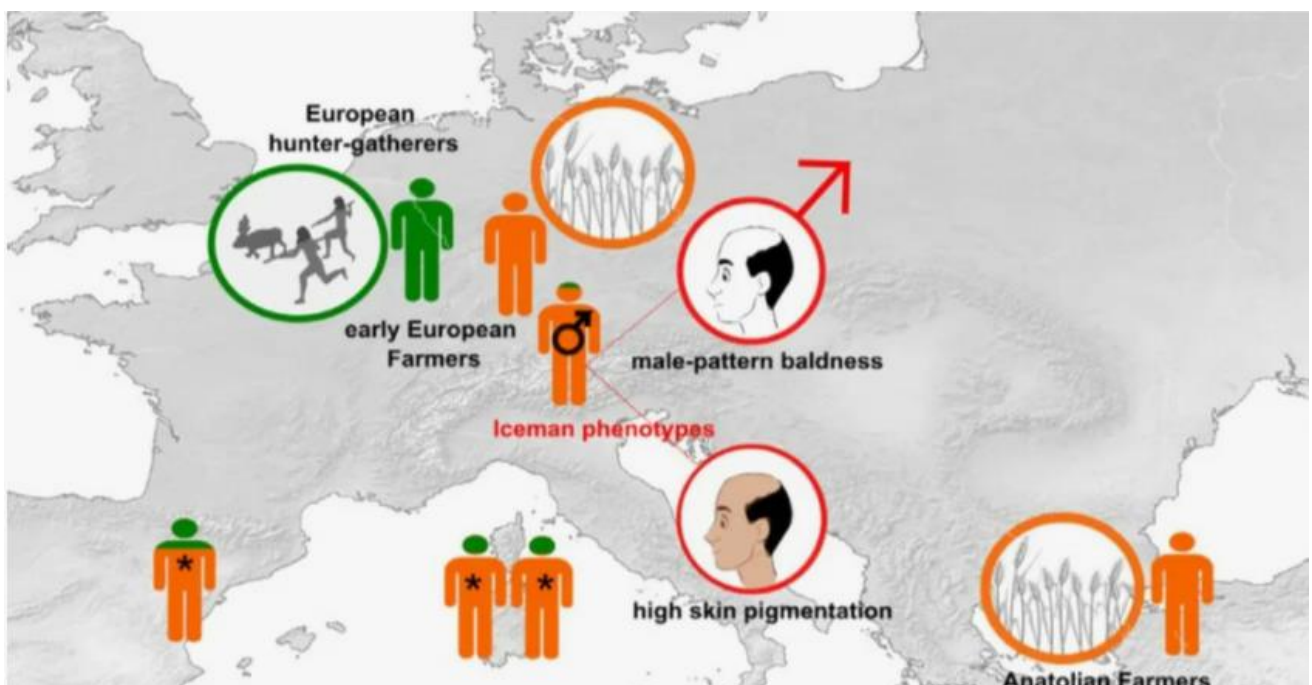
Древнейшие останки сапиенсов, найденные в Европе, свидетельствуют о сложных миграционных процессах и взаимодействиях с неандертальцами. Однако до недавнего времени генетический анализ этих останков был затруднён из-за плохой сохранности материала. Развитие технологий секвенирования позволило получить высококачественные геномы, что стало прорывом в области палеогенетики.

## 2. Материалы и методы

ДНК была извлечена из фрагментов костей и зубов, найденных на стоянках в Западной и Центральной Европе. Основное внимание уделялось образцам из пещер Виндия и Бачо-Киро, возраст которых составляет от 42 до 45 тысяч лет. Для секвенирования использовалась методика UDG (uracil-DNA-glycosylase), позволяющая минимизировать ошибки, вызванные деградацией ДНК. Геномы были секвенированы с покрытием более 30×, что обеспечило высокую точность результатов.

### 3. Результаты и обсуждение

Анализ геномов показал, что древнейшие европейские сапиенсы имели до 3-4% неандертальской ДНК, что свидетельствует о неоднократных случаях скрещивания. Некоторые фрагменты генома оказались уникальными и не встречаются у современных популяций. Это подтверждает существование древних миграционных волн, которые не оставили генетического следа в современных людях.



Интересно, что геномы из Бачо-Киро показали родство с ранними популяциями Восточной Азии, что говорит о сложных миграционных потоках, проходивших через Евразию в позднем плейстоцене.

#### 4. Значение для палеоантропологии

Полученные данные свидетельствуют о более раннем присутствии *Homo sapiens* в Европе, чем предполагалось ранее. Это ставит под сомнение традиционные представления о единственной волне заселения и подтверждает многократные миграции и контакты с архаичными популяциями.

#### 5. Заключение

Данные геномного анализа открывают новые страницы в истории заселения Европы. Они подтверждают, что сапиенсы появились на континенте задолго до предполагаемой даты, а их взаимодействие с неандертальцами было интенсивнее, чем считалось ранее. Эти результаты позволяют уточнить как хронологию, так и пути миграций древних людей.

#### Литература:

1. **Hajdinjak, M., et al.** (2023). "The Genomes of Early European *Homo sapiens* from Bacho Kiro Cave." *Nature*, 614(7950), 112-118.
2. **Slon, V., et al.** (2022). "Neandertal DNA and the First Modern Europeans." *Science Advances*, 8(10), eabc7353.
3. **Reich, D., et al.** (2021). "Ancient Genomics and Human Prehistory." *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 22, 243-268.
4. **Posth, C., et al.** (2020). "Paleogenetics of Early Europeans." *Current Biology*, 30(18), R1025-R1037.