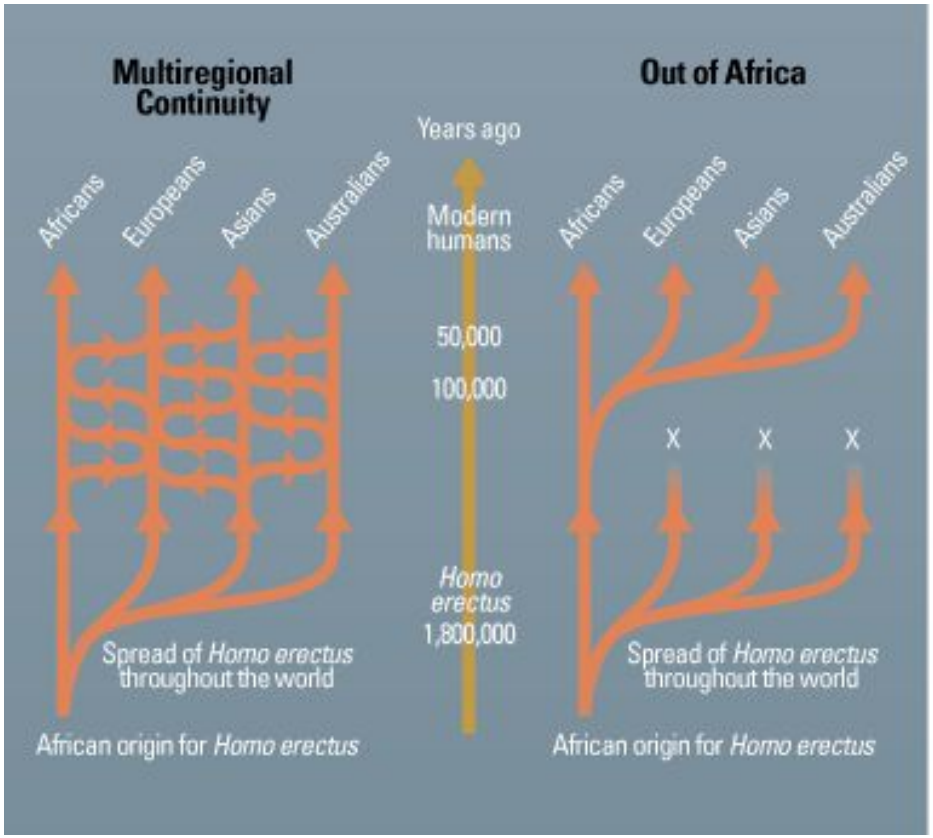
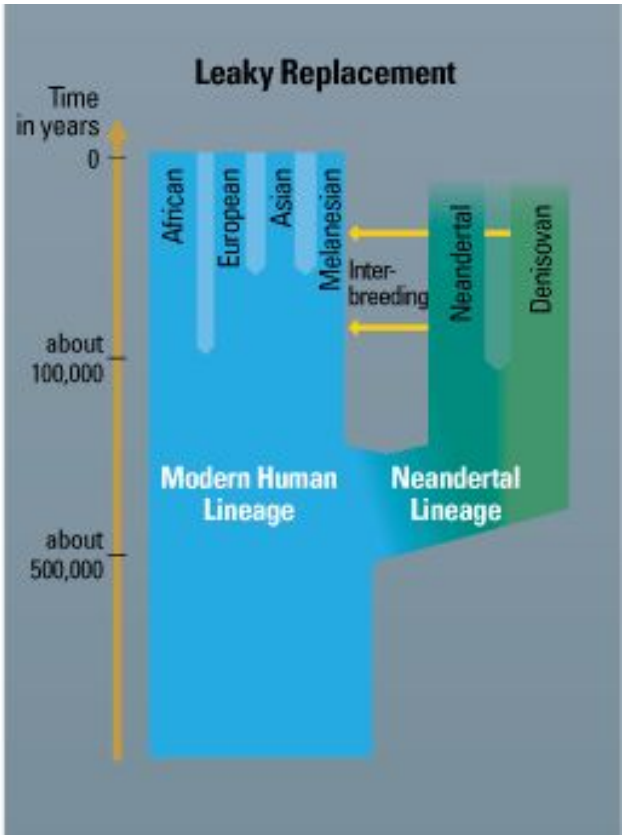
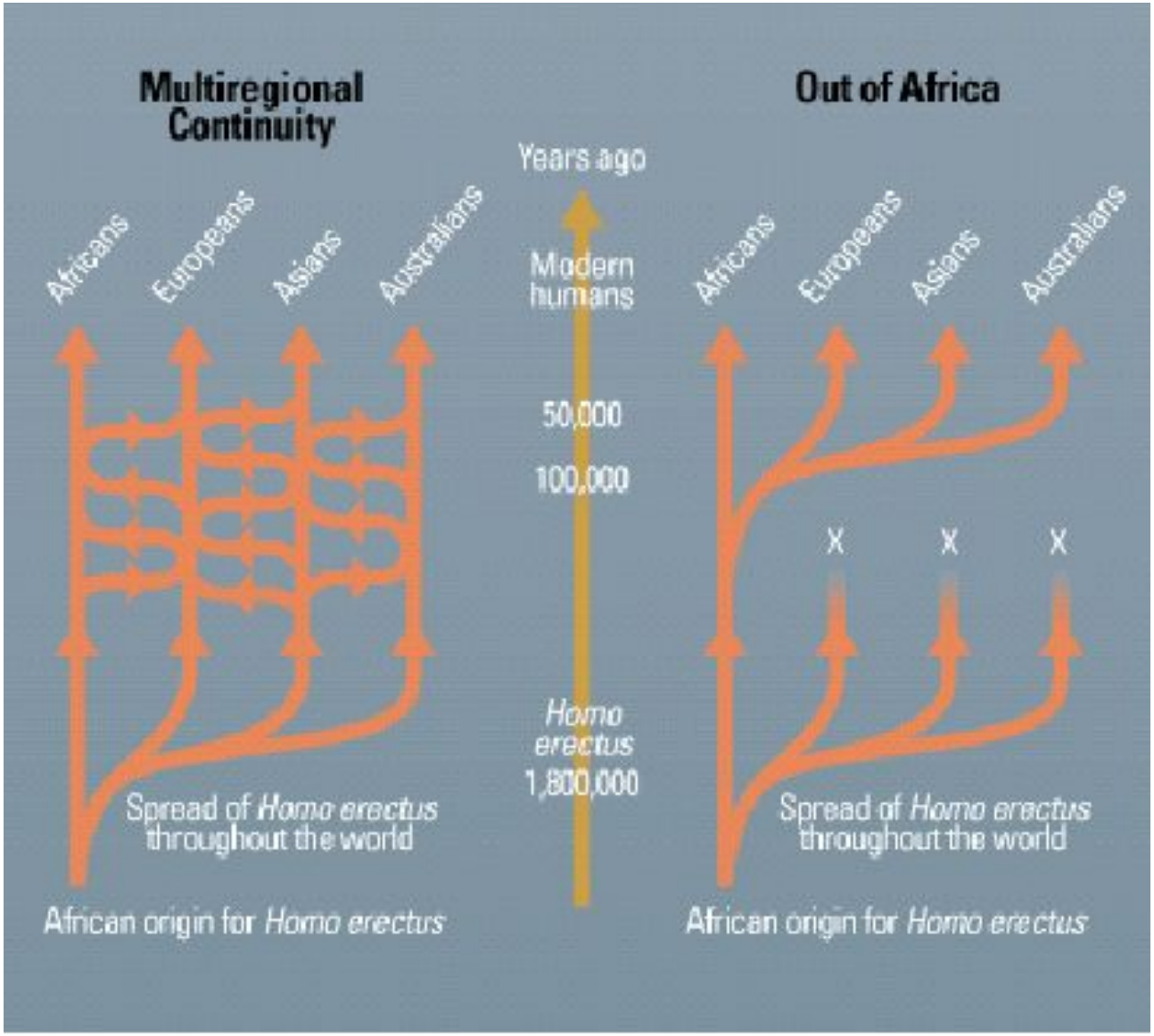
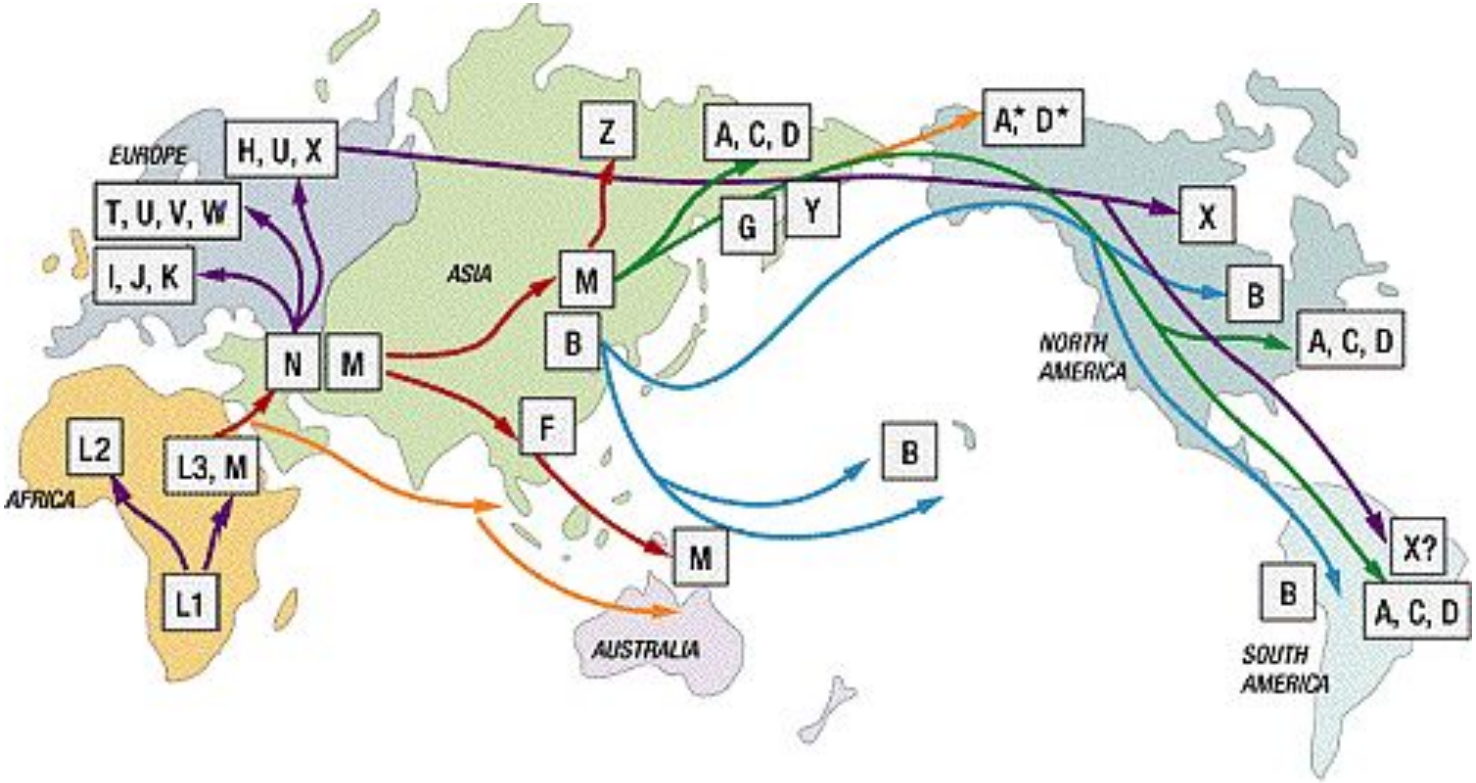
Как палеогенетика помирила моноцентристов с полицентристами





Марков А.В.
Палеонтологический институт РАН


Multiregional Continuity
Africans
Europeans
Asians
Australians
Spread of Homo erectus throughout the world
African origin for Homo erectus
Years ago
Modern humans
50,000
100,000
Homo erectus
1,800,000
Out of Africa
Africans
Europeans
Asians
Australians
X
X
X
Spread of Homo erectus throughout the world
African origin for Homo erectus



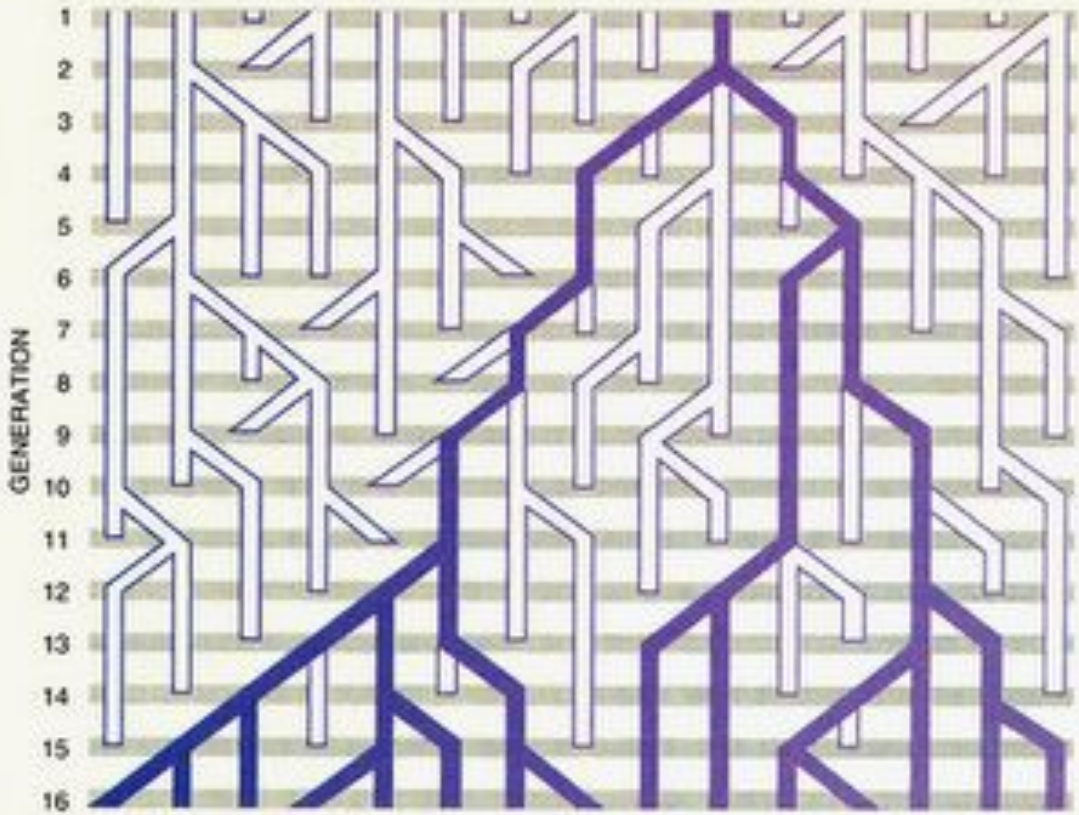
EXPANSION TIMES *(years ago)*	
Africa	120,000 - 150,000
Out of Africa	55,000 - 75,000
Asia	40,000 - 70,000
Australia/PNG	40,000 - 60,000
Europe	35,000 - 50,000
Americas	15,000 - 35,000
Na-Dene/Esk/Aleuts	8,000 - 10,000

FamilyTreeDNA

mtDNA Migrations Map

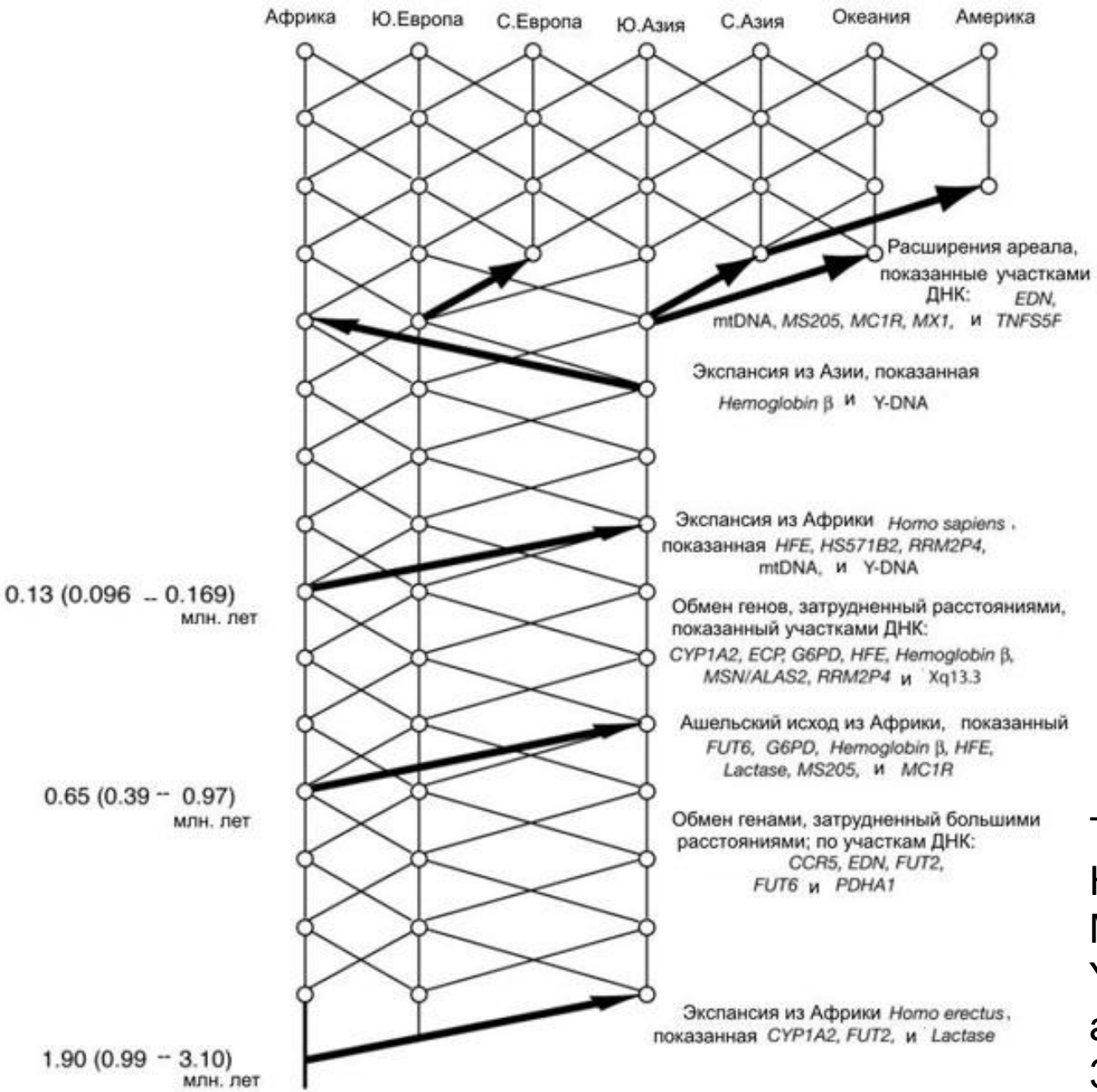
http://coyoteprime-runningcauseicantfly.blogspot.com/2010/08/genetics-mitochondrial-eve-our-200000.html

«Митохондриальная Ева» - обязательный атрибут любой группы особей



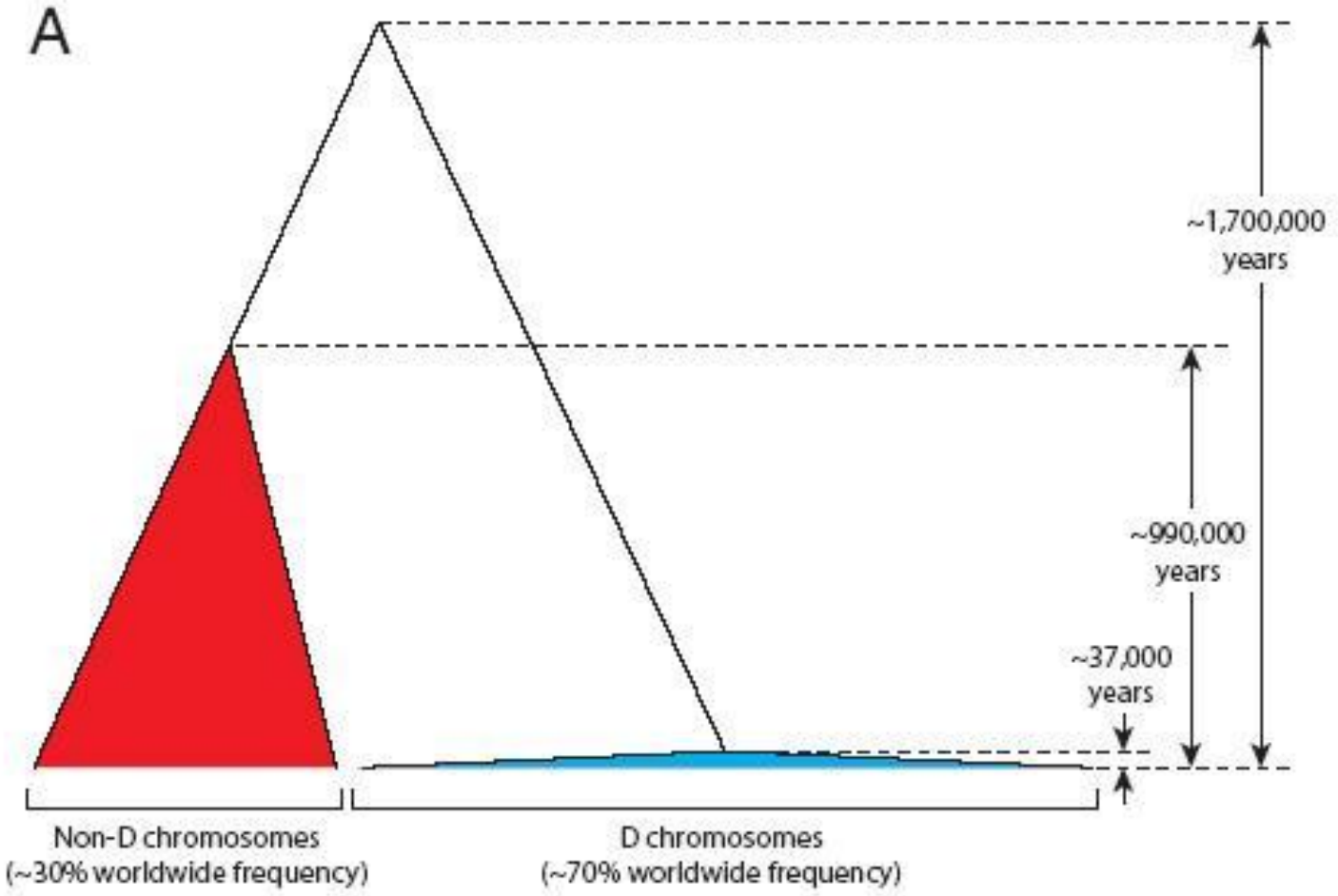
UNIVERSAL MATERNAL ANCESTOR can be found for all the members of any population. The example traces the lineages of 15 females in a stable population. In each generation, some maternal lineages proliferate and others become extinct. Eventually, by chance, one maternal lineage replaces all the others.

http://1.bp.blogspot.com/_GSqxYFmgJp0/SeLLPlNqXUI/AAAAAAAAAG4/JHrYAGabVb0/s320/Mitochondrial.gif



Templeton A.R. 2005. Haplotype Trees and Modern Human Origins // Yearbook of physical anthropology. V. 48. P. 33–59.

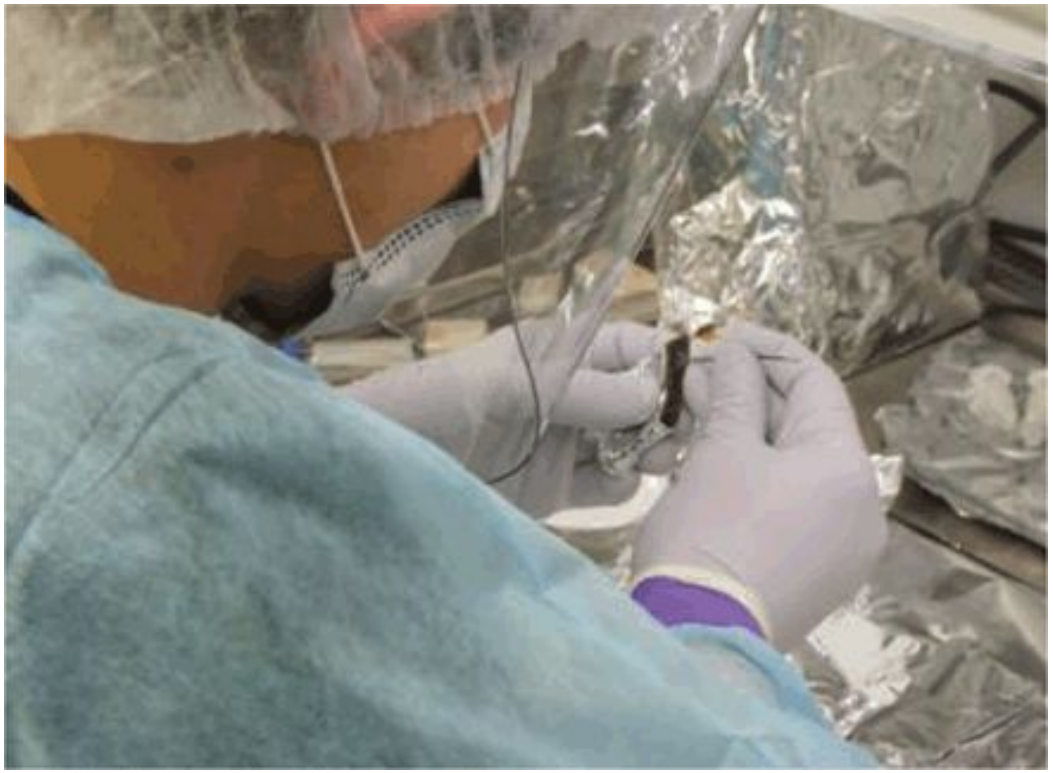
D-аллели гена *Microcephalin*, по-видимому, попали в генофонд Homo sapiens в результате эпизодического скрещивания с другой человеческой популяцией около 37 тысяч лет назад



Evans P.D., Mekel-Bobrov N., Vallender E.J., Hudson R.R., Lahn B.T. 2006. Evidence that the adaptive allele of the brain size gene microcephalin introgressed into Homo sapiens from an archaic Homo lineage // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. V. 103. P. 18178-18183.

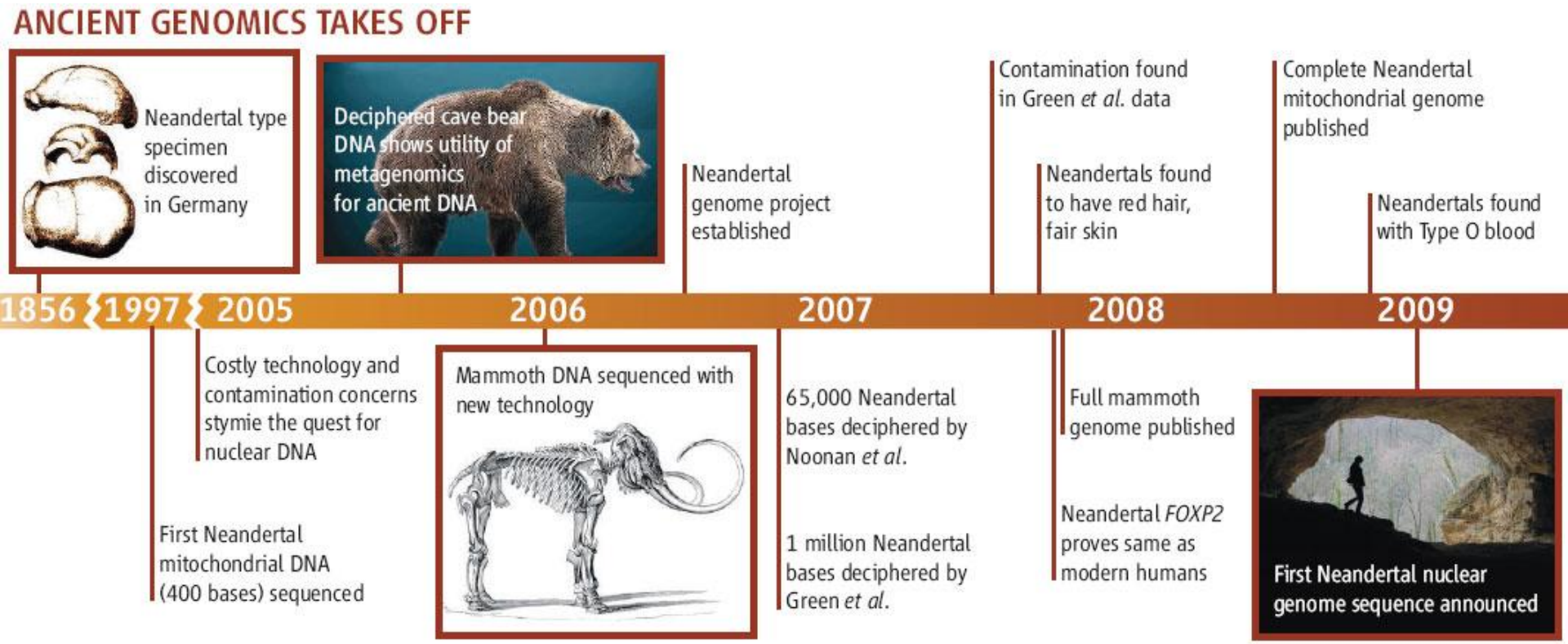
ПАЛЕОГЕНЕТИКА

Ann Gibbons. A New View Of the Birth of *Homo sapiens*
Science 28 January 2011:
vol. 331 no. 6016 392-394



Going back in time.
A researcher extracts DNA from a fossil.
CREDIT: MAX PLANCK INSTITUTE FOR EVOLUTIONARY ANTHROPOLOGY

Основные вехи в развитии палеогенетики неандертальцев (1997 – 2009)

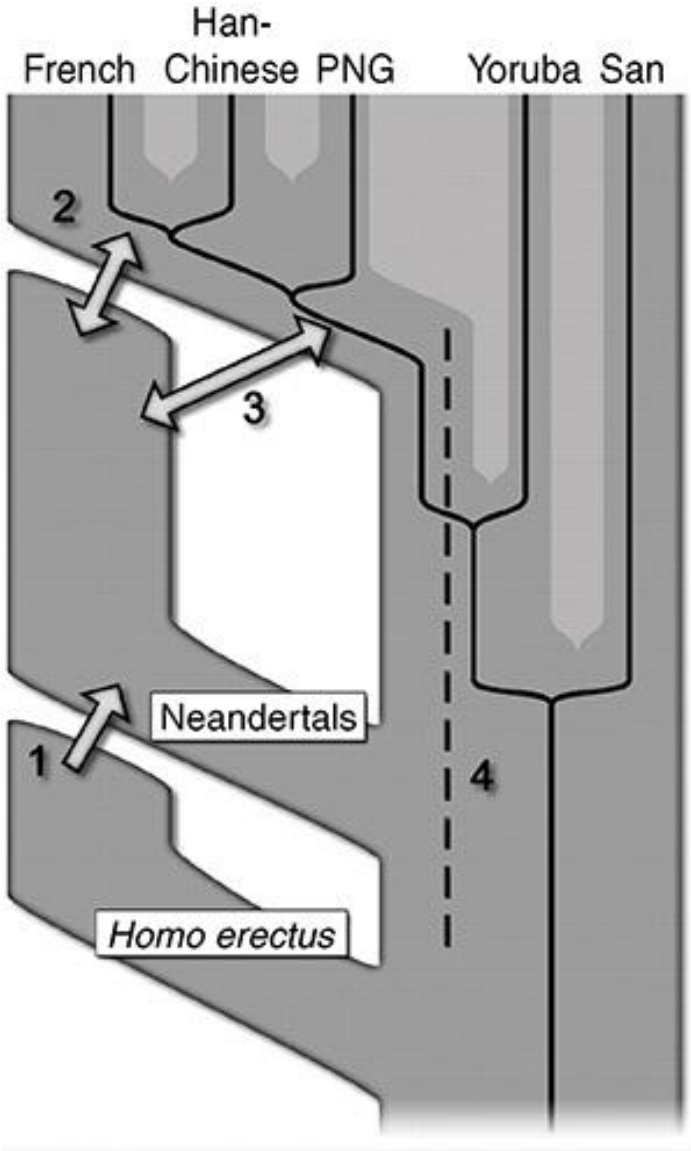


Elizabeth Pennisi. Neandertal genomics: Tales of a Prehistoric Human Genome // Science. 2009. V. 323. P. 866–871.

Svante Pääbo

Гены, находившиеся под действием положительного отбора в сапиентной линии после отделения от предков неандертальцев

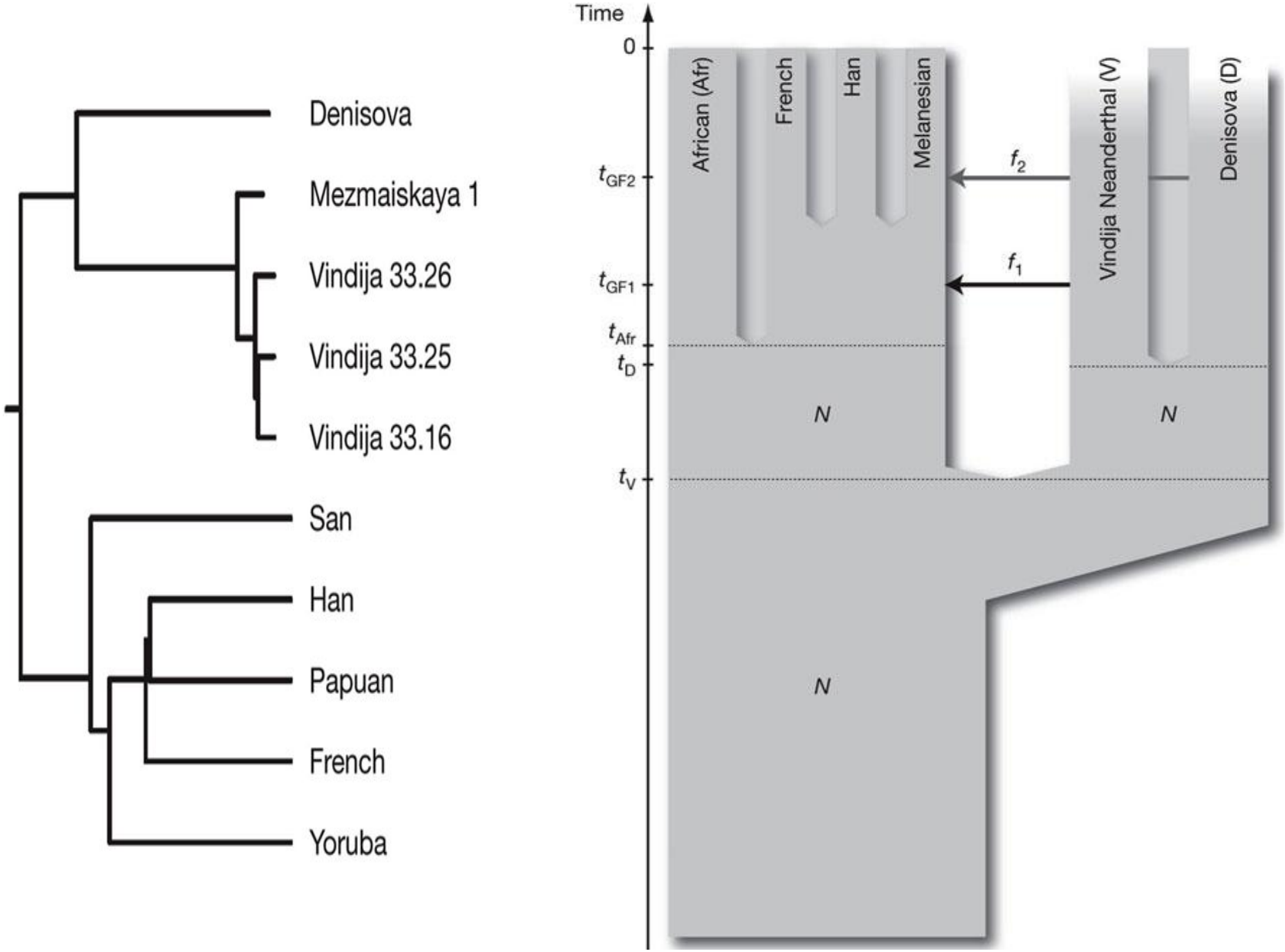
- *RPTN* – кодирует белок репетин, экспрессирующийся в коже, потовых железах, сосочках языка, волосяных сумках;
- *TRPMI* – кодирует меластатин, белок, участвующий в пигментации кожи;
- *THADA* – связан с диабетом второго типа, вероятно, важен в энергетическом обмене;
- *DYRK1A* – возможно, связан с синдромом Дауна;
- *NRG3* – мутации в этом гене сопутствуют шизофрении;
- *CADPS2*, *AUTS2* – мутации в этих генах ассоциированы с аутизмом;
- *RUNX2* – мутации этого гена вызывают задержку формирования костей черепа, деформацию ключиц и грудной клетки, неправильное развитие зубов;
- *SPAG17* – влияет на работу жгутика сперматозоида.

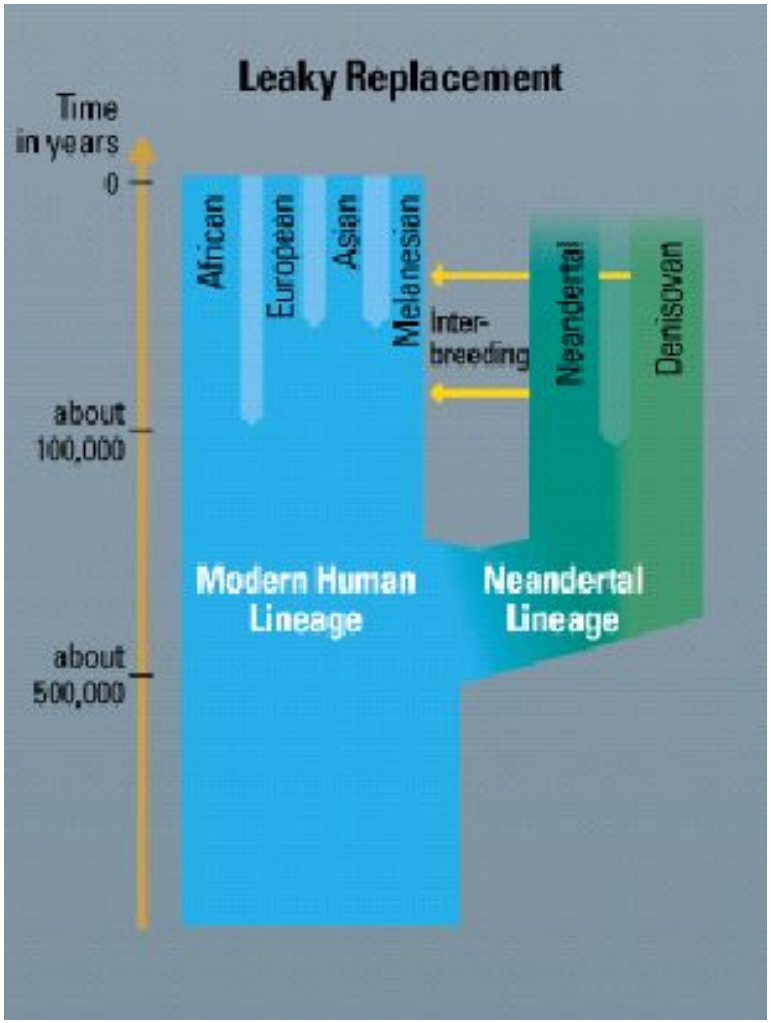


Подтвердился сценарий №3: гибридизация с неандертальцами после выхода из Африки, но до широкого расселения по Евразии

Green R.E., Krause J., Briggs A.W. et al. 2010. A Draft Sequence of the Neandertal Genome // Science. V. 328. P. 710–722.

Денисова пещера



Reich D., Green R.E., Kircher M. et al. 2010. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia // Nature. V. 468. P. 1053–1060.

Leaky replacement