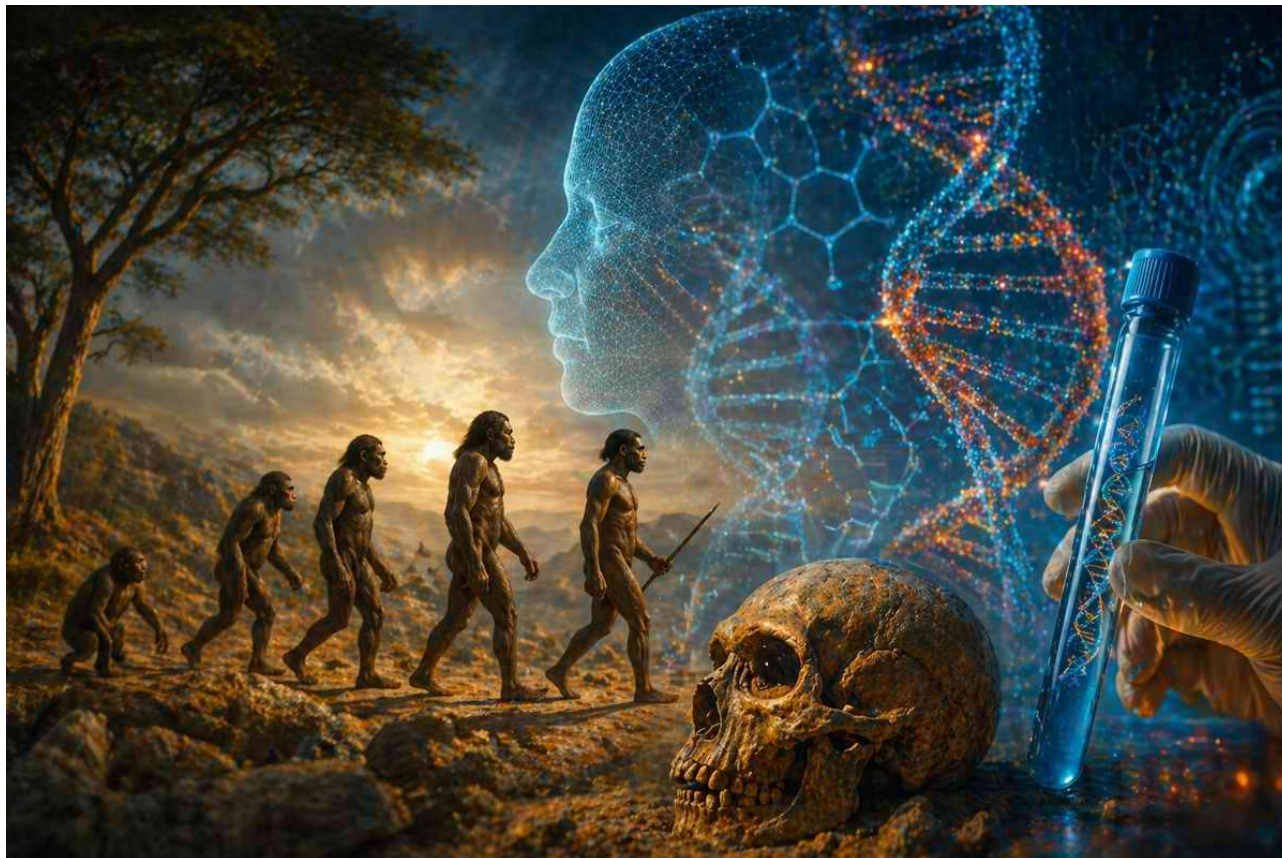


Новая модель происхождения человека: как ДНК изменила представление об эволюции Homo sapiens



Дата публикации: 28.04.2026

Новейшие достижения в области генетики существенно меняют классическое представление о происхождении Homo sapiens, предлагая более сложную и динамичную картину эволюции человека. Согласно данным, полученным исследовательской группой из University of California, Davis, современные люди, вероятно, не произошли от одной изолированной популяции, как считалось ранее, а сформировались в результате длительного взаимодействия нескольких групп, расселенных по территории Африки.

Ключевым элементом исследования стал анализ генетического материала современных африканских популяций, включая 44 недавно секвенированных генома представителей народа нама. Эта группа привлекла особое внимание ученых благодаря исключительно высокому уровню генетического разнообразия, что делает ее важным источником информации о ранних этапах эволюции человека.

Для проверки различных гипотез исследователи применили сложные компьютерные модели, позволяющие сопоставить наблюдаемое генетическое разнообразие с различными сценариями происхождения. Сравнивались модели единого происхождения и сценарии, предполагающие существование нескольких взаимосвязанных популяций. Результаты показали, что именно многопопуляционная модель наиболее точно объясняет современные генетические данные.

Согласно реконструированной модели, наиболее раннее различие между предковыми популяциями, которое можно обнаружить у современных людей, возникло примерно 120 000–135 000 лет назад. Однако даже после этого разделения группы не существовали изолированно: между ними продолжался обмен генами, что свидетельствует о постоянных миграциях и контактах.

Ученые описывают эту структуру как «слабо структурированный ствол», подчеркивая, что корни современного человечества представляли собой сеть взаимосвязанных популяций, а не линейное древо. Такой подход позволяет объяснить многие особенности генетического разнообразия, которые ранее требовали введения гипотез о неизвестных архаичных популяциях.

Важным выводом исследования стало то, что вклад этих ранних популяций в различия между современными людьми относительно невелик и составляет лишь 1–4% генетической дифференциации. Это означает, что несмотря на ранние разделения, постоянное смешение популяций сглаживало различия и формировало единый вид.

Новая модель также влияет на интерпретацию палеоантропологических данных. Если ранее считалось, что различные ископаемые формы могут представлять отдельные линии, ведущие к современному человеку, то теперь становится очевидно, что многие из них могли быть эволюционными ветвями, не оставившими прямого генетического вклада. Это касается, в частности, таких видов, как *Homo naledi*, чьи морфологические особенности существенно отличаются от современных людей.

Исследование подчеркивает ограничения, связанные с недостатком древней ДНК и неполнотой ископаемой летописи. Несоответствия между генетическими моделями и находками окаменелостей указывают на необходимость комплексного подхода, объединяющего геномику, археологию и антропологию.

Ключевые особенности новой модели можно описать так: множественные популяции вместо единого источника, длительный обмен генами, высокая мобильность ранних людей, постепенное формирование генетического единства, ограниченный вклад изолированных линий.

В более широком научном контексте эти результаты подтверждают, что эволюция человека была нелинейным и сложным процессом, включающим постоянные контакты и адаптацию к различным условиям окружающей среды. Это открытие не только уточняет происхождение нашего вида, но и формирует новую основу для изучения миграций, адаптаций и биологического разнообразия человека.

Таким образом, современная генетика постепенно заменяет упрощенные модели происхождения человека более реалистичными сценариями, в которых ключевую роль играют взаимодействие, смешение и динамика популяций.