

Nejstarší moderní Středoevropané byli přímí příbuzní

13.12.2024 - Jaroslav Brůžek | Přírodovědecká fakulta UK

Poté, co moderní lidé opustili Afriku, setkali se a mísili se i s neandertálci, což vedlo k tomu, že dnes všichni lidé mimo Afriku mají v genomech přibližně 2-3 % neandertálské DNA. O genetice prvních migrantů v Evropě a o načasování jejich mísení s neandertálci se však ví jen málo. Nové poznatky přináší studie, kterou v prestižním vědeckém časopise Nature publikoval mezinárodní tým, jehož součástí byli i Petr Velemínský z Národního muzea a Jaroslav Brůžek z Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy v Praze.



Autoři studie provedli rozbor nejstarších genomů, které byly získány od sedmi jedinců z lokalit Koněprusy-Zlatý kůň v Česku a v Ilsehöhle-Ranis v Německu, které dělí geografická vzdálenost jen o málo větší než 200 km. Tito jedinci patřili k malé, úzce příbuzné skupině lidí, která se oddělila od populace, jež opustila Afriku přibližně před 50 000 lety a později osídlila zbytek světa. Analýzou délky segmentů zděděných od neandertálců v genomu Ranis13 a pomocí přímého radiokarbonového datování tohoto jedince, je mísení datované do období před 45 000 až 49 000 lety. Neandertálská DNA v jejich genomech odkazuje na mísení, které je společné pro všechny lidi mimo Afriku, přičemž neandertálská příměs v genomu ženy ze Zlatého koně sahá do období před přibližně 70–80 generacemi (tj. až zhruba 2000 let). Populace Zlatý kůň/Ranis však nezanechala stopy v genomu současných lidských populací. Na rozdíl od populace Bacho Kiro, která žila v přibližně stejném období na území Bulharska. Nález z Bacho Kiro ukázaly, že tamější lidé měli neandertálské předky jen před několika málo generacemi a jsou geneticky bližší současným i starověkým populacím z východní Asie a Ameriky než pozdějším populacím západní Eurasie.

Z analýzy jaderných genomů vzorků z Ranis také vyšlo najevo, že představují nejméně šest jedinců,

tři jedince byli mužského a tři jedince ženského pohlaví. Zajímavé je, že mezi nimi byla matka a dcera, stejně jako další vzdálenější biologičtí příbuzní. Při analýze genetických variant spojených s charakteristickými znaky se ukázalo, že jedinci z Ranis i Zlatého koně nesli varianty spojené s tmavou pletí, tmavými vlasy a hnědýma očima, což odráží nedávný africký původ této rané evropské populace. Srovnáním genomů lidí z lokality Ranis se ženou ze Zlatého koně se zjistilo, že žena ze Zlatého koně byla příbuzná v pátém až šestém stupni genetického příbuzenství se dvěma jedinci z Ranis. To znamená, že Zlatý kůň byl z genetického hlediska součástí širší populace společně z jedinci z Ranis, kteří vyráběli nástroje typu Lincombe-Ranis- Jerzmanowické (LRJ) kultury či technokomplexu Tato kultura je známá ze širokého území od Polska po Velkou Británii a lze se domnívat, že pravděpodobně i lidé jako byla žena Zlatý kůň vyráběli nástroje tohoto typu.

Zjištění příbuznosti jedinců obou střeoevropských lokalit je významné i pro potvrzení správnosti dřívějšího staří genetického datování lebky ženy Zlatý kůň, která byla kontaminovaná lepidlem dnešních zvířat. Současně moderní morfologie této lebky potvrzuje vedle genetických důkazů, že zlomkovité nálezy z Ranis patří anatomicky modernímu člověku.

Výsledky studie též podporují názor, že první migrace moderních lidí z Afriky do Evropy mohly probíhat ve vícero proudech a na své cestě se moderní lidé mohli mísit v různém období s nepřítisť hustou neandertálskou populací. Současně studie obohacuje diskuze o tom, kdo byli tvůrci jedné z nejstarších archeologických kultur kontinentu, kterou LRJ technokomplex představuje.

Přílohy:

Obr. 1. Žena ze Zlatého koně. Fotografie modelu rekonstrukce provedené francouzskou sochařkou Élisabeth Daynès (zdroj: Národní muzeum Praha)

Obr. 2. Ilustrace skupiny lidí Zlatý kůň/Ranis od Toma Björklunda. Před přibližně 45 000 lety pravděpodobně jedinci z Ranis v dnešním Německu a Zlatého koně v Česku společně cestovali po otevřených stepních krajinách Evropy. Obě lokality jsou od sebe vzdálené jen zhruba 200 km.

Odkaz na studii:

Sümer, A.P., Rougier, H., Villalba-Mouco, V. et al. Earliest modern human genomes constrain timing of Neanderthal admixture. Nature (2024). <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08420-x>