



ПОЧЕМУ ВЫМЕРЛИ НЕАНДЕРТАЛЬЦЫ? (С ПАЛЕОДИЛЕТАНТСКОЙ ТОЧКИ ЗРЕНИЯ, НО С УЧЕТОМ ДАННЫХ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ОБРАЗЦОВ СОВРЕМЕННОЙ И ДРЕВНЕЙ ДНК)

¹Гарафутдинов Р.Р., ²Чемерис Д.А., ¹Сахабутдинова А.Р., ¹Геращенко Г.А., ³Морозов Р.А.,
¹Матниязов Р.Т., ¹Кулуев Б.Р., ¹Баймиев Ан.Х., ¹Баймиев Ал.Х., ¹Салтыкова Е.С., ¹Чемерис А.В.

¹Институт биохимии и генетики Уфимского федерального исследовательского центра
Российской академии наук, Россия, 450054, Уфа, проспект Октября, 71. E-mail: garafutdinovr@mail.ru

²ООО «Максим Медикал», Россия, 123423, Москва, ул. Народного Ополчения, д. 34, стр. 1

³Национальный исследовательский университет «МИЭТ», Россия, 124498, Москва-Зеленоград, пл. Шокина, 1

Резюме

Причины загадочного исчезновения неандертальцев около 40 тысяч лет назад, произошедшего вскоре после появления на их территории людей современного анатомического типа – кроманьонцев, занимают умы многих поколений палеоантропологов. Вымирание неандертальцев длилось на протяжении 2 – 5 тысяч лет в зависимости от места обитания, что можно считать достаточно быстрым процессом, поскольку до этого они успешно проживали на территории западной Европы примерно 300 тысяч лет в отсутствие какой-либо конкуренции со стороны прочих гоминин. Исчезновению неандертальцев способствовало несколько факторов. Главным из них был демографический, приведший к резкому снижению численности популяции, причиной которого послужило превосходство кроманьонцев в интеллекте и, возможно, обладание ими членораздельной речью, способствовавшей лучшей организованности, в том числе в добывании пропитания. Массивное телосложение неандертальцев требовало большего количества пищи, при этом неандертальцы и кроманьонцы конкурировали за одни и те же ресурсы и территории. Можно допустить, что после появления кроманьонцев неандертальцы жили впроголодь, что снижало их рождаемость и увеличивало смертность, причем в более молодом, по сравнению с кроманьонцами, возрасте. Климатические изменения (ледниковый период) сказались, скорее всего, в малой степени, поскольку неандертальцы вымерли и на южных территориях своего проживания, где резкого похолодания не произошло. Как одну из возможных причин вымирания неандертальцев нельзя исключать инфекции, принесенные кроманьонцами из Африки, к которым первые оказались неустойчивы. В статье обсуждается также социальный аспект: предшественники неандертальцев были, вероятно, первой волной людей-выходцев из Африки, пришедших на территорию Западной Европы около 600 тысяч лет назад; второй волной можно считать кроманьонцев, шедших тем же путем из Африки через Ближний и Средний Восток. В наступившем третьем тысячелетии новой эры Западная Европа сталкивается уже с третьей волной мигрантов – афразийцев. Можно предположить, что благодаря лучшей рождаемости у последних и ряду прочих обстоятельств уже через несколько поколений автохтонное население Европы вытеснится пришлым, в том числе за счет ассимиляции.

Ключевые слова: неандерталец, кроманьонец, афразийцы, анатомически современный человек, *Homo sapiens*, *Homo neanderthalensis*, палеоантропология, секвенирование, древняя ДНК, FOXP2, вымирание

Цитирование: Гарафутдинов Р.Р., Чемерис Д.А., Сахабутдинова А.Р., Геращенко Г.А., Морозов Р.А., Матниязов Р.Т., Кулуев Б.Р., Баймиев Ан.Х., Баймиев Ал. Х., Салтыкова Е.С., Чемерис А.В. Почему вымерли неандертальцы? (С палеодилетантской точки зрения, но с учетом данных полногеномного секвенирования образцов современной и древней ДНК) // *Biomics*. 2022. Т.14(2). С.134 - 155. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2022-11

© Авторы

WHY DID NEANDERTHALS BECOME EXTINCT? (FROM A PALEODILETTANTISH POINT OF VIEW BUT TAKING INTO ACCOUNT THE DATA OF WHOLE GENOME SEQUENCING OF MODERN AND ANCIENT DNA SPECIMENS)

¹Garafutdinov R.R., ²Chemeris D.A., ¹Sakhabutdinova A.R., ¹Gerashchenkov G.A., ³Morozov R.A., ¹Matniyazov R.T., ¹Kuluev B.R., ¹Baymiev An.Kh., ¹Baymiev Al.Kh., ¹Saltykova E.S., ¹Chemeris A.V.

¹Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Center, Russian Academy of Sciences, 71 Pr. Oktyabrya, Ufa, 450054, Russia. E-mail: garafutdinovr@mail.ru

²Maxim Medical LLC, 34-1 Narodnogo Opolcheniya str., Moscow, 123423, Russia

³National Research University of Electronic Technology, 1 Shokin Square, Moscow-Zelenograd, 124498, Russia

Resume

The reasons for the mysterious disappearance of Neanderthals about 40 thousand years ago, which occurred shortly after the appearance on their territory of people of the modern anatomical type - Cro-Magnons, occupy the minds of many generations of paleoanthropologists. The extinction of the Neanderthals lasted for 2-5 thousand years, depending on the habitat, which can be considered a fairly fast process, since before that they successfully lived in Western Europe for about 300 thousand years in the absence of any competition from other hominins. Several factors contributed to the extinction of the Neanderthals. The main one was demographic, which led to a sharp decline in the population, the cause of which was the superiority of the Cro-Magnons in intelligence and, possibly, their possession of articulate speech, which contributed to better organization in obtaining food. In addition, the Neanderthals' massive physique required more food, with Neanderthals and Cro-Magnons competing for the same resources and territories. It can be assumed that after the appearance of the Cro-Magnons, the Neanderthals lived from hand to mouth, which reduced their birth rate and increased mortality, and at a younger age compared to the Cro-Magnons. Climatic changes (Ice Age) affected, most likely, to a small extent, since the Neanderthals died out in the southern territories of their residence, where a sharp cooling did not occur. As one of the possible reasons for the extinction of the Neanderthals, one cannot exclude infections brought by the Cro-Magnons from Africa, to which the first were unstable. The article also discusses the social aspect: the predecessors of the Neanderthals were probably the first wave of people from Africa who came to the territory of present-day Western Europe about 600 thousand years ago; the second wave can be considered the Cro-Magnons, who followed the same path from Africa through the Near and Middle East. In the coming third millennium of the new era, Western Europe is already facing the third wave of migrants - Afrasians, following almost the same path. It can be assumed that due to the better birth rate among the latter and a number of other circumstances, in a few generations the autochthonous population of Europe will be replaced by newcomers, including through assimilation.

Keywords: Neanderthal, Cro-Magnon, Afrasians, anatomically modern man, *Homo sapiens*, *Homo neanderthalensis*, paleoanthropology, sequencing, ancient DNA, FOXP2, extinction

Citation: Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Sakhabutdinova A.R., Gerashchenkov G.A., Morozov R.A., Matniyazov R.T., Kuluev B.R., Baymiev An.Kh., Baymiev Al.Kh., Saltykova E.S., Chemeris A.V. Why did Neanderthals become extinct? (From a paleodilettantish point of view but taking into account the data of whole genome sequencing of modern and ancient DNA specimens). *Biomics*. 2022. V.14(2). P. 134 – 155. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2022-11 (In Russian)

© **Authors**

Введение

Неандертальцы (поздние палеоантропы) жили бок о бок с кроманьонцами¹ (ранними неантропами)

на территории западной Европы на протяжении 2 - 5 тысяч лет (по другим данным – от 1 до 10 тысяч лет) в зависимости от географического положения. Вопрос, почему неандертальцы после примерно трехсоттысячелетнего господства довольно быстро исчезли после «встречи» с кроманьонцами,

¹ «Кроманьонец» - практически вышедшее из употребления обозначение человека анатомически современного типа.

пришедшими из Африки приблизительно 50 тысяч лет назад², не дает покоя многим поколениям исследователей в области палеоантропологии. Подлинное развитие событий того периода установить на сегодняшний день не представляется возможным. В связи с этим материал статьи будет отражать наше видение ситуации, основанное на данных, полученных при секвенировании древней ДНК. При этом особенности людей мустьерской и протоориньякской культур оставим здесь без внимания, а главный акцент будет сделан на древней и современной ДНК и роли отдельных генов в эволюции гоминин. Но сначала стоит уделить внимание краткому описанию древних видов³ людей.

Древние люди

Великий систематик К.Линней на стр. 28 первого тома *Systema Naturae* привел латинское обозначение человека в биномиальной системе, назвав его разумным - *Homo sapiens* и сопроводив словами “*Nosce te ipsum*”, что в переводе с латинского означает «познай самого себя» [Linne, 1752]. Тогда не задумывались, что в древности у человека были какие-либо далекие предки, а о живой Природе было весьма догматическое представление. Но благодаря обнаруженным спустя примерно столетие останкам древнего человека и выхода в 1859 г. книги Дарвина «Происхождение видов» отношение к эволюции стало меняться. Спустя некоторое время древнему виду человека было присвоено латинское название - *H. neanderthalensis*. Найденные позже останки древнего человека другого типа - кроманьонца, обладающего анатомическими чертами современного человека, окрестили на латыни как *H. sapiens fossilis*, тогда как живущие люди получили дополнительное определение *H. sapiens recens* либо *H. sapiens sensu stricto*, что из обихода уже выведено и заменено на *H. sapiens sapiens*.

Про древних людей написано очень много, но считаем, что будет нелишним кое-что напомнить и

² Все датировки в данной статье носят ориентировочный характер; в разных источниках можно встретить сильно отличающиеся временные рамки.

³ Существует точка зрения, что неандертальцы и кроманьонцы являются подвидами одного вида, но стоит заметить, что такой таксон как вид, а также более мелкие и более крупные систематические образования придумал сам человек, и грань между видами/подвидами часто провести не просто. В палеонтологии за отдельные виды обычно принимаются организмы, отличающиеся морфологически, что считается достаточным для принятия подобного решения.

здесь, для чего воспользуемся информацией из книги «Жизнь древнего человека» [Аугуста, Буриан (Augusta, Burian), 1960]. Также обратимся к обстоятельному труду Л.Б.Вишняцкого «Неандертальцы: история несостоявшегося человечества» [Вишняцкий (Vishnyatsky), 2010], довольно подробно описавшего неандертальцев и рассмотревшего ряд гипотез, объясняющих их исчезновение. Заметим, что работа Л.Б.Вишняцкого отличается беспристрастностью оценок и суждений, в то время как у многих наших современников сложилось отношение к неандертальцам как к примитивным созданиям, и этот стереотип трудно преодолеть.

Хотя нас будут интересовать взаимоотношения неандертальцев и кроманьонцев только на территории Западной Европы, все же следует коснуться некоторых других вымерших видов семейства гоминид. Считается, что существовало более 20 видов древних гоминид [Вокма et al., 2012], часть из которых получили статус вида и латинские наименования. Стоит обратить внимание на человека прямоходящего *H. erectus*, называвшегося ранее питекантропом, который на протяжении приблизительно одного миллиона лет был доминирующим видом в подсемействе гоминин и затем около миллиона лет назад, выйдя из Африки, начал свое расселение по миру и придя на территорию Западной Европы, превратился через некоторое время в человека гейдельбергского *H. heidelbergensis*. Секвенирование найденных там образцов позволило заключить, что этот вид явился предшественником неандертальцев и жил в тех же местностях на протяжении нескольких сотен тысяч лет до них [Meuer et al., 2016]. В одной из схем эволюционирования гоминин *H. heidelbergensis* и *H. rhodesiensis* считались предками неандертальца и кроманьонца соответственно [Hublin, 2009]. Возможно, это справедливо в том плане, что общим далеким предком для них был *H. erectus* (*H. ergaster*), из которых иногда выводят еще *H. antecessor*, предшествовавшего дальнейшим видам гоминин. Однако недавно было предложено отказаться от вида *H. heidelbergensis*, считая его представителем ранними неандертальцами, а также от вида *H. rhodesiensis*, и ввести новый вид *H. bodoensis*, который мог быть прямым предком *H. sapiens* [Roksandic et al., 2021].

Неандертальцы

В 1856 г. в долине Неандерталь в Германии при добыче известняка наткнулись на пещеру, в которой обнаружили древние скелетные останки, включая частично сохранившийся череп. В 1857 г. было сделано предположение, что они принадлежат человеку вымершего типа. Но борьба за признание этого открытия продолжалась долгое время и была

нелегкой. Находка аналогичных останков в пещере Бек-о-Рош близ местечка Спи в Бельгии в 1887 г. добавило уверенности в том, что действительно были обнаружены останки древнего человека. Но лишь по прошествии еще довольно длительного времени этот вид получил латинское название *H. neanderthalensis*. Позже подобные находки стали носить чуть ли не массовый характер. При этом нужно отметить, что еще раньше, в 1848 г., в Гибралтаре был найден женский череп, оказавшийся, как выяснилось позже, неандертальским.

Найденные скелетные останки свидетельствовали, что неандерталец был невысокого роста, коренаст, его череп имел покатый лоб, над глазами орбитами имелся сильно развитый надглазничный валик. Размер мозга был сопоставим с таковым у анатомически современного человека. Нос

был широким, и физиологического объяснения этому с точки зрения эволюционной приспособленности до сих пор нет. К скуловым дугам прикреплялись мощные жевательные мускулы, на нижней челюсти отсутствовал подбородочный выступ. Последний признак увязывают с членораздельной речью, точнее, с ее отсутствием (какого-либо физиологического объяснению этому нет), из чего следует, что неандертальцы, скорее всего, не умели связно говорить.

На рис. 1 приведен фрагмент рисунка из книги «Жизнь древнего человека», изображающего взрослого неандертальца с довольно доброжелательным взглядом, хотя многие считают, что у неандертальцев был звериный лик. Для большей наглядности описываемых признаков нами приведено изображение черепа неандертальца.

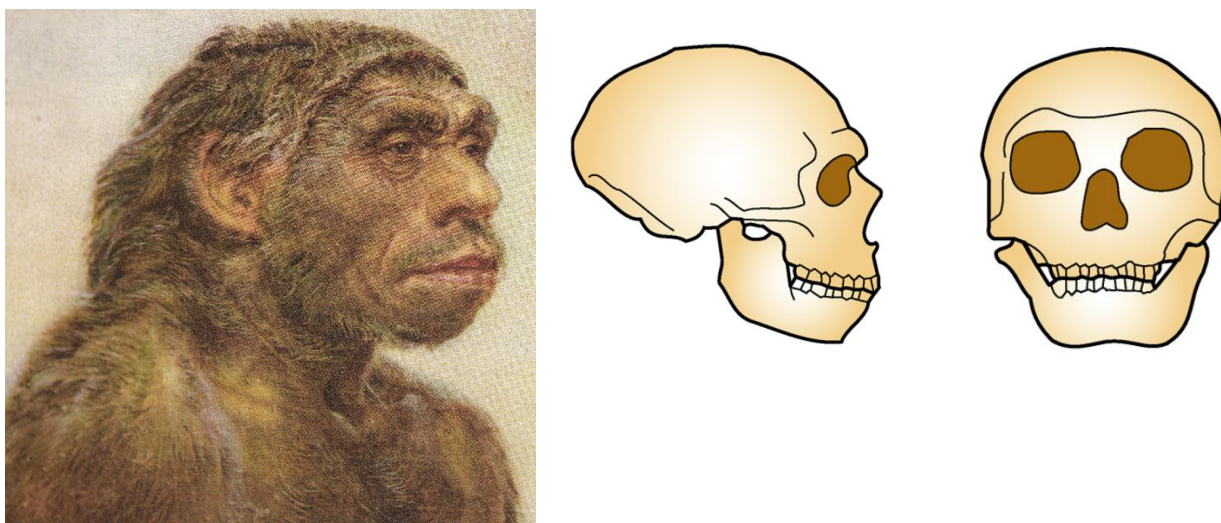


Рис. 1. Фрагмент рисунка из книги «Жизнь древнего человека», изображающего взрослого неандертальца и его череп в двух проекциях

Fig. 1. A fragment of a drawing from the book "The Life of an Ancient Man" depicting an adult Neanderthal and his skull in two projections

Жили неандертальцы относительно небольшими группами до 20 – 25 человек. Период их господства на территории западной Европы исчисляется несколькими сотнями тысяч лет, за которым последовало их загадочное исчезновение. С помощью секвенирования митохондриальной ДНК установлено, что мужская часть, по крайней мере, у некоторых племен неандертальцев имела патрилокальный характер, тогда как женщины, видимо, были «пришлыми» [Gibbons, 2021], что в целом характерно и для многих последующих популяций людей. Неандертальцы были всеядны, охотились на крупных зверей: шерстистого носорога, северного оленя, бизона, но не брезговали и мелкой дичью, хотя основной охотничьей добычей

неандертальцев был пещерный медведь. Считается даже, что у них, по крайней мере, у отдельных групп, был культ этого зверя.

Кроманьонцы

В позднем палеолите в западной Европе появляется человек нового типа, названный кроманьонцем по месту обнаружения первых костных останков – Кро-Маньон во Франции. Так, в 1886 г. при строительстве железной дороги в долине реки Везеры было найдено сразу несколько скелетов – троих мужчин, женщины и ребенка. Этот вид людей получил тогда латинское название *H. sapiens fossilis* (или *diluvialis*). Наиболее известный из них – скелет «старика из Кро-Маньона». Восстановленный по его скелету облик говорил, что эти древние люди имели

схожую с современными людьми комплекцию: аналогичного размера туловище, пропорциональные конечности, черепную коробку с высоким лбом и относительно тонкими чертами лица, с развитым, выступающим вперед подбородком, что свидетельствовало, предположительно, о присущей им членораздельной речи. Считается, что анатомически современный тип людей сформировался в Африке в промежутке 100 – 200 тысяч лет назад, затем начал экспансию на север-

восток и, повернув на запад, пришел на территорию нынешней западной Европы приблизительно 50 тысяч лет назад. Причем археологические находки говорят о том, что его первое появление еще в Африке около 200 тысяч лет назад не сопровождалось проявлением когнитивных способностей, тогда как к моменту их исхода с исторической родины они уже были заметны. На рис. 2 приведен фрагмент рисунка из книги «Жизнь древнего человека», изображающего взрослого кроманьонца и его череп.

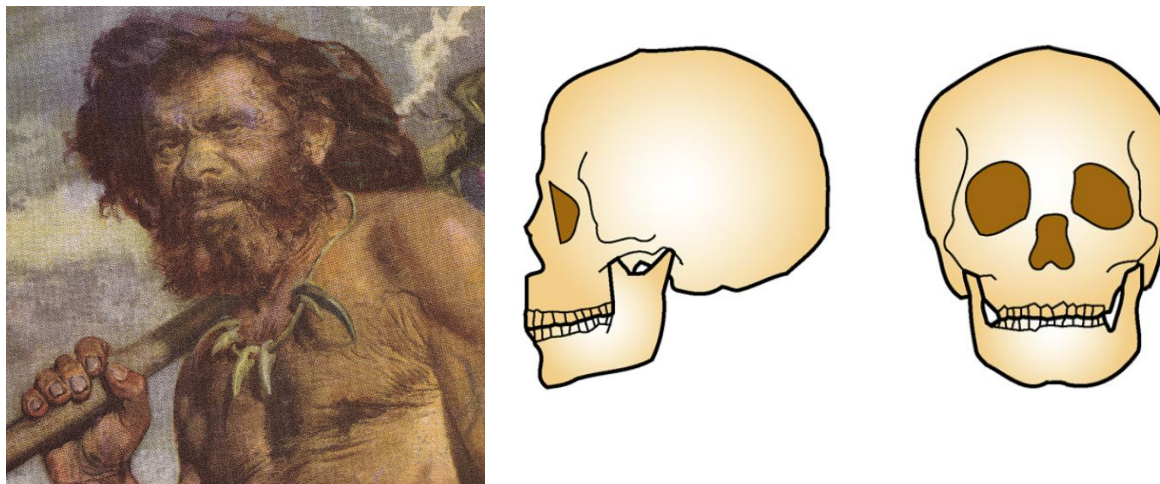


Рис. 2. Фрагмент рисунка из книги «Жизнь древнего человека», изображающего взрослого кроманьонца и его череп в двух проекциях

Fig. 2. A fragment of a drawing from the book "The Life of an Ancient Man" depicting an adult Cro-Magnon and his skull in two projections

По сравнению с неандертальцами кроманьонцы использовали уже метательные копья и дротики с острыми каменными или костяными наконечниками. И это далеко не весь ассортимент их орудий охоты. Места, где селились кроманьонцы, сейчас принято называть стоянками или становищами. Они располагались преимущественно под навесами скал либо в пещерах.

Неандертальцы и кроманьонцы

Долгое время считалось, что неандертальцы являются предками кроманьонцев и современных людей, но благодаря секвенированию древней ДНК, в первую очередь митохондриальной, стало ясно, что это биологически разные, но при этом сестринские виды, причем неандертальцы оказались тупиковой ветвью эволюции гоминин.

В книге «Жизнь древнего человека» имеется множество цветных и черно-белых иллюстраций из жизни как неандертальцев, так и кроманьонцев. Конечно же в первую очередь они передают виденье художника, тем не менее опирающегося на археологические находки. Но при этом нет ни одной иллюстрации, в которых бы изображались встречи

этих древних людей, включая сцены насилия. Хотя каннибализм был присущ отдельным племенам обоих видов древних людей, о чем свидетельствуют многочисленные случаи нахождения раздробленных костей тех и других на их стоянках, убедительные археологические свидетельства возможного противостояния отсутствуют.⁴ Однако не вызывает сомнений, что неандертальцы и кроманьонцы встречались (сталкивались) друг с другом, несмотря на их малочисленность и тем более низкую плотность тогдашнего «населения» западной Европы.

Существует точка зрения, согласно которой оба вида древних людей были плотоядными хищниками верхнего трофического уровня, но при этом кроманьонцы были удачливее на охоте в том числе благодаря более совершенным метательным орудиям. Это приводило к тому, что неандертальцы

⁴ Художественные произведения, включая кинематограф, живописующие противостояния неандертальцев и кроманьонцев, во внимание принимать не стоит.

избегали встреч с ними и не заходили на территорию кроманьонцев точно также, как это происходит в мире животных, когда более мелкие хищники не рискуют охотиться на землях, контролируемых более сильными. При этом кроманьонцам не было нужды уничтожать неандертальцев, поскольку те им особо не мешали. Впрочем, стычки за ресурсы могли происходить между разными группами как самих неандертальцев, так и кроманьонцев.

Считается, что около 50 тысяч лет назад из Африки⁵ на территорию западной Европы пришло около 35 тысяч человек современного анатомического типа. Численность проживавших там к тому времени неандертальцев доподлинно неизвестно, но по некоторым оценкам глобальная популяция неандертальцев могла составлять от 5000 до 70000 индивидов [Boucquet-Appel, Degioanni, 2013; Roberts, Bricher, 2018; Timmermann, 2020]. По мнению Roberts и Bricher [2018] к моменту появления кроманьонцев неандертальцев было всего около 35 тысяч. Timmermann [2020] пришел к выводу, что около 40 тыс. лет назад плотность населения неандертальцев составляла от 0,01 до 0,025 индивидуумов/км², что соответствует расположению одной общины на территории порядка 50 ? 50 км. Плотность населения кроманьонцев в этот же период составляла 0,04 - 0,07 человек/км² (приблизительно 25 ? 25 км на общину), при этом численность их общин доходила до 100 и более человек. Исходя из этих подсчетов, легко предположить, что древние люди обоих видов могли встречаться (сталкиваться) на одних и тех же территориях. В обеих цитированных выше работах отмечается, что после появления людей современного анатомического типа популяция неандертальцев начала резко сокращаться. При этом рост численности кроманьонцев стал заметно увеличиваться. Так, во времена последнего оледенения в Западной Европе популяция людей современного анатомического типа около 30 тысяч лет назад уже составляла приблизительно 330 тысяч человек, тогда как в пике похолодания около 23 тысяч лет назад их количество уменьшилось до 130 тысяч, после чего через 10 тысяч лет вновь выросло до уже 410 тысяч [Tallavaara et al., 2015]. Демографические сдвиги, предшествовавшие полному исчезновению неандертальцев и совпавшему с появлением на их территории кроманьонцев, заставляет задуматься об участии последних в судьбе неандертальцев.

⁵ по-видимому, климатические или демографические факторы могли вынудить древних людей перемещаться за пределы Африки, в которой на тот момент проживало около миллиона человекоподобных существ.

Вымирание неандертальцев. Второстепенные причины

Существует большое количество гипотез, пытающихся объяснить исчезновение (вымирание, ассимиляцию) неандертальцев. Исчезновение, хотя и заняло в разных местностях от 1 до 10 тысяч лет, все же было довольно быстрым, если учитывать, что неандертальцы жили до этого около 300 тысяч лет. Скорее всего, вымирание было обусловлено наложением целого ряда обстоятельств и факторов.

Следует отметить, что ассимиляции, хотя она поначалу допускалась многими исследователями, не произошло, что стало понятно из нуклеотидных последовательностей митохондриальных геномов современных людей и неандертальцев, которые довольно сильно различаются [Serre et al., 2004; Ghirotto et al., 2011]. По крайней мере, есть четкое свидетельство невовлечения неандерталок в популяцию кроманьонцев (митохондриальная ДНК наследуется исключительно⁶ матрилинейно).⁷

Начнем с наиболее невероятных объяснений вымирания неандертальцев, имеющих, тем не менее, под собой даже научную основу. Так, в гене Ah рецептора, связывающегося с вредными полициклическими ароматическими углеводородами, были обнаружены мутации, повышающие чувствительность неандертальцев к дыму, из-за чего они при горении костров в своих плохо проветриваемых пещерах могли медленно «травиться», тогда как люди современного анатомического типа оказались более устойчивы к подобным воздействиям [Caspermeyer, 2016; Hubbard et al., 2016]. Однако имеются археологические свидетельства использования неандертальцами огня, датированные средним плейстоценом (около 250 тысяч лет назад), что свидетельствует о том, что "интоксикацию" дымом в течение столь длительного периода неандертальцы успешно выдерживали еще до появления на их территории новых людей из Африки.

Было также сделано предположение, что люди современного анатомического типа, одомашнив собак, получили перед неандертальцами при охоте преимущество [Shipman, 2012].⁸ На самом деле это не

⁶ Случаи патрилинейного наследования так называемых NUMTs (nuclear mitochondrial DNA segments), представляющих собой вставки митохондриальной ДНК в ядерный геном, здесь в расчет не берем.

⁷ что касается скрещивания неандертальцев и кроманьонков, то этому ниже будет уделено отдельное внимание

⁸ Справедливости ради следует отметить, что непосредственно про травлю неандертальцев

так, поскольку domestикация собак древними людьми произошла значительно позже вымирания неандертальцев (спустя 10-20 тысяч лет) и вне территории Европы, о чем свидетельствуют археологические находки в Сибири [Гиниятов и др. (Giniyatov et al.), 2021]. Согласно уточненным датировкам, вымирание неандертальцев произошло 44200-40600 лет назад [Devièse et al., 2021]. В указанный период собак у кроманьонцев, когда они проживали «бок о бок» с неандертальцами, еще не было.

В одной из работ было сделано предположение, что неандертальцы из-за практикуемого ими каннибализма и употребления в пищу мозга могли заразиться трансмиссивной губчатой энцефалопатией [Underdown, 2008]. Исключать этого нельзя, но неандертальцы существовали по меньшей мере три сотни тысяч лет и наверняка поедали своих сородичей, но почему-то до прихода кроманьонцев не заболели этой болезнью или, по крайней мере, это не имело катастрофических последствий. Можно допустить, что неандертальцы стали заражаться, поедая как раз кроманьонцев, если полагать, что те были носителями заразных прионных белков. Некоторыми палеоантропологами выдвигается другая пищевая гипотеза, заключающаяся в том, что неандертальцы питались очень однообразно и чуть ли не одним мясом, что может приводить к интоксикации организма.⁹ Однако при исследовании зубного налета у неандертальцев было показано, что употребляли они и растительную пищу [Henry et al., 2014].

Другие авторы предположили, что кроманьонцы могли принести с собой из Африки какие-либо инфекции, которым автохтонное население, давно вышедшее оттуда, не было способно сопротивляться [Wolff, Greenwood, 2010]. В частности, в цитируемой статье указывается, что это мог быть вирус из семейства Herpesviridae¹⁰. Но плотность населения неандертальцев была довольно низкой, чтобы этот вирус или какая-либо другая подобная инфекция, в том числе передающаяся воздушно-капельным путем, могли повсеместно заражать проживающие весьма удаленно друг от друга разные группы архаичных гоминин. С другой стороны, малая численность и низкая плотность населения приводит к так называемому эффекту Алли, согласно которому для того, чтобы выжить, особи одного вида часто нуждаются в других

соплеменниках при охоте, защите от врагов, а также по репродуктивным причинам, ведущим к инбридингу и вырождению популяции [Vaesen et al., 2019]. Так, сообщается о скелетных аномалиях у 13 неандертальцев из одной пещеры в Испании, что может косвенно говорить об имевшем место инбридинге [Rios et al., 2019]. Однако если исходить из нуклеотидных последовательностей митохондриальной ДНК, то можно считать, что есть свидетельства патрилокальности неандертальцев, когда мужские особи оставались в своей общине, а женское население оказывалось «приходящим» извне [Lalueza-Fox et al., 2011]. Если допустить, что кроманьонцы скрещивались с неандертальцами, то для последних это означало бы «прилитие новой крови», поскольку поток генов не мог не идти в обоих направлениях и, следовательно, ни о каком инбридинге для таких групп древних людей говорить уже нельзя. Но вопросу скрещивания посвящена отдельная статья в этом номере журнала [Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2022].

Недавно был проведен опрос 216 палеоантропологов, и большинство из них сочли, что демографические проблемы стали основной причиной вымирания неандертальцев [Vaesen et al., 2021]. Однако получили поддержку и другие факторы (приведем их в порядке убывания поданных голосов). Так, если демографическая причина получила 109 голосов, то климатические факторы – 87, преимущества кроманьонцев (представленные следующими самостоятельными пунктами: социальные – 77, технологические – 63, экономические – 46, когнитивные – 39, морфологические – 25), инбридинг – 49, эффект Алли – 26, стохастичность – 34, эпидемии – 19. Наибольшее удивление вызывает большое число голосов, отданных климатическим факторам, поскольку известно, что неандертальцы за свою трехсоттысячелетнюю историю пережили несколько периодов длительных оледенений. Есть данные о том, что неандертальцы были хорошо приспособлены к холодам, в том числе на физиологическом уровне [Особоков et al., 2021]. Более того, в южных районах их проживания серьезных холодов не было, однако и там неандертальцы вымерли. Считается, что предпоследнее оледенение, произошедшее около 60 тысяч лет, неандертальцы пережили, но оно привело к сильному снижению их численности. Фактически, неандертальцы прошли через «бутылочное горлышко» [Roberts, Bricher, 2018], и за счет выживших групп происходило восстановление популяции, о чем также свидетельствуют данные по нуклеотидным последовательностям их митохондриальной ДНК, полиморфизм которой в более древних останках был больше, нежели в

собаками, организуемую кроманьонцами, которой просто быть не могло, никто не пишет.

⁹ для плотоядных хищников питаться таким образом совершенно нормально.

¹⁰ не самого, впрочем, смертоносного

находках последнего времени существования неандертальцев [Herrera et al., 2009]. Но в тот период на территории западной Европы никаких других гоминин еще не было и конкуренции неандертальцы не испытывали.

Выдвигалась также и геологическая причина вымирания неандертальцев, произошедшего в результате серии мощных извержений ряда вулканов, имевших место как раз около 40 тысяч лет назад и приведших к выбросам пепла и «вулканической зиме» в дополнение к оледенению [Fitzsimmons et al., 2013]. Но эту «зиму» по каким-то причинам смогли пережить кроманьонцы, хотя оледенение заметно сказало и на их численности. Нужно отметить и категоричные высказывания отдельных авторов, считающих, что климат совершенно не при чем, а вымирание неандертальцев вызвано исключительно конкуренцией (противостоянием) с кроманьонцами, из которых последние вышли победителями [Banks et al., 2008].

Причина исчезновения неандертальцев, кроющаяся в малых размерах их популяций и субпопуляций, не вызывает сомнений, но к ней могли привести практически все прочие упомянутые факторы. При этом эффект Алли и отчасти инбридинг - это уже результат снижения численности популяции, и по сути они вторичны, тогда как технологические, экономические, когнитивные, морфологические преимущества людей современного типа являются основными предпосылками снижения численности неандертальцев из-за возрастания конкуренции за пищевые ресурсы и за удобные места проживания и их неспособностью в целом противостоять натиску кроманьонцев. В свою очередь, технологические преимущества кроманьонцев являются следствием их когнитивных преимуществ.

Основные причины вымирания неандертальцев

В одной из работ высказана точка зрения, что все причины вымирания неандертальцев укладываются в две основные категории: изменение климата и конкуренция [Roberts, Bricher, 2018]. Нам представляется, что все эти причины правильнее сгруппировать чуть иначе – климатические, физиологические и интеллектуальные, подразделив конкуренцию на две важных составляющих: физиологических преимуществ кроманьонцев и их более высокого интеллекта. При этом изменения климата могли сыграть довольно незначительную роль, хотя отрицать их вклад все же не стоит.

Под физиологическими причинами мы понимаем здесь отличия неандертальцев и кроманьонцев в первую очередь в анатомическом плане, влекущем за собой и различия в их

метаболизме. Так, известно, что неандертальцы в силу анатомических особенностей были массивнее и медленнее передвигались, что требовало большего количества пищи. Сложение кроманьонцев, владевших к тому же более эффективными орудиями охоты, обеспечивало им большую подвижность и способность эффективнее добывать животную пищу. По-видимому, сильнее это стало сказываться в период очередного похолодания и происходившей вследствие этого миграции животных, на которых неандертальцы обычно охотились. В одной из работ приведены оценки калорий, которые были необходимы неандертальцам и кроманьонцам, из которых следует, что первым требовалось 3500 - 5000 килокалорий в день, тогда как вторым хватало всего 2000 – 2400 [Sciubba, 2019]. Скучный рацион неизбежно влек за собой более высокую смертность и в целом меньшую продолжительность жизни среди неандертальцев. В одной из работ авторы пришли к заключению, что небольшое (всего на 4%) снижение фертильности молодых неандерталок могло через некоторое время привести к серьезной депопуляции [Degioanni et al., 2019]. Было также подсчитано, что только 8,6% неандертальцев достигали возраста 35 лет и старше, тогда как у кроманьонцев это показатель превышал 50% [Davies, Underdown, 2006]. Это вело к заметному росту численности популяции последних, увеличению количества вместе проживающих в пределах общины, четкому разделению труда, включая уход за детьми, что также некоторые авторы считают причиной доминирования кроманьонцев [Hogan et al., 2005; Kuhn, Stiner, 2006]. Подсчитано, что разница в смертности в 2% между неандертальцами и кроманьонцами могла привести к полному вытеснению первых вторыми за приблизительно 30 поколений, или около одной тысячи лет [Zubrow, 1989 – цит. по Вишняцкий (Vishnyatsky), 2010].

На наш взгляд, основной причиной вымирания неандертальцев и замены их кроманьонцами служит «победа» последних в конкурентной борьбе этих видов древних людей, которая происходила по целому ряду направлений. Для подтверждения этого тезиса можно указать на других ближайших родственников человека – шимпанзе *Pan troglodytes* и бонобо *P.paniscus*, которые, разойдясь с древними гоминидами около 6 млн. лет назад, до сих пор здравствуют¹¹, поскольку у этих биологических видов в местах их проживания в занятых ими экологических нишах не было явного прямого конкурента, максимально схожего с ними, с одной стороны, а с другой (и это главное) –

¹¹ хотя и занесены в Красную книгу

отличавшегося заметно лучшей сообразительностью и прочими преимуществами.

По всей видимости, интеллектуальные способности кроманьонцев, выразившиеся в более развитом мышлении, влекущем за собой множество преимуществ как на охоте, так и в организации жизни (разделение труда, зонирование жилищ, забота о младших членах общины¹², изготовление одежды), лучшей коммуникабельности, способствующей передаче накопленных знаний, и привели в итоге к вытеснению неандертальцев из наиболее пригодных мест обитания. По сути, главенствующей и фактически единственной первопричиной исчезновения неандертальцев является разница в интеллекте этих двух видов/подвидов древнего человека.

На основе археологических данных установлено, что неандертальцы имели более крупный размер черепной коробки, оцениваемый в среднем в 1520 см³, тогда как у кроманьонцев она была около 1340 см³ [Davies, Underdown, 2006]¹³. Однако считается, что у кроманьонцев были более развитые лобные доли, отвечающие за когнитивные способности. Справедливости ради нужно заметить, что существует мнение, что, несмотря на покатый лоб у неандертальцев, лобные доли их мозга были также немаленькими. Проведенная относительно недавно очередная реконструкция мозга неандертальцев позволила прийти к выводу, что они имели мозжечок меньшего размера, при том, что этот отдел головного мозга считается также связанным с когнитивной функцией [Kochiyama et al., 2018]. Как бы то ни было, определенным уровнем интеллекта неандертальцы обладали. Хотя на их стоянках отсутствуют предметы символического характера, что ставит под сомнение их интеллектуальные способности, можно допустить, что подобные артефакты в силу разных причин до наших дней просто не дошли.

Возможно, больший интерес при анализе черепа и размеров мозга неандертальцев и кроманьонцев представляют теменные доли, которые были крупнее у последних. Имеется точка зрения, что эволюция мозга у гоминин, включая людей современного анатомического типа, заключалась именно в разрастании не лобных, а теменных долей [Bruner, 2008]. В последние годы появилось немало публикаций, свидетельствующих о роли теменных и височных долей в воспроизводстве и восприятии речи

¹² неандертальцы, безусловно, проявляли заботу о потомстве, но делали это инстинктивно, а кроманьонцы осознанно

¹³ в литературе можно встретить и несколько отличающиеся значения размеров черепов неандертальцев и кроманьонцев

[Heim et al., 2012; Poliva, 2015; Nakamichi et al., 2018; Valeriani, Simonyan, 2021], в том числе в связи с экспрессией гена *FOXP2* [Wilcke et al., 2012; Woo et al., 2016], которому ниже будет уделено отдельное внимание.

Но для начала порассуждаем о том, что необходимо для обладания членораздельной речью в ее нынешнем понимании. В упомянутой выше книге «Неандертальцы: история несостоявшегося человечества» Вишняцкий [2010] довольно подробно описал, как сначала неандертальцев «лишили» способности говорить, а затем, после новой реконструкции мягких тканей гортани и ротовой полости найдя также в прекрасно сохранившемся скелете одного неандертальца подъязычную кость на нужном (ожидаемом для людей) месте¹⁴, все же допустили, что эти гоминины могли разговаривать и посему на этих перипетиях не будем подробно останавливаться. Способность говорить многие авторы увязывают со строением гортани и прочих органов, отвечающих за производство звуков. Не оспаривая, что это важные условия для правильной артикуляции и дикции, лишь напомним, что вполне «человеческим» языком без особого акцента способны «изъясняться» и попугаи, обладающие абсолютно другим строением органов, связанных с произнесением звуков. Получается произносить простые слова и у отдельных собак¹⁵, пусть даже с «собачьим» акцентом. Недавнее исследование строения гортани у 43 видов приматов позволило прийти к выводу, что в ходе эволюции у австралопитека¹⁶ произошло некоторое упрощение строения гортани, давшее возможность эффективно контролировать звуки, что впоследствии привело к членораздельной речи. Приматы выпускают воздух через гортань, вибрируя связками и издавая звук, в том числе резонирующий и громкий, тогда как у человека это происходит несколько иначе [Nishimura et al., 2022]. Получив эти данные, авторы статьи предполагают далее уделить внимание выяснению как голос регулируется мозгом, и это на самом деле самое важное в производстве речи.

В качестве доказательства способности неандертальцами говорить приводят также реконструированное строение их органов слуха, способных улавливать на нужной частоте звуковые колебания, издаваемые современным человеком при разговоре [Conde-Valverde et al., 2021]. Однако возможность слышать совсем не обязательно влечет

¹⁴ в отличие от того же шимпанзе

¹⁵ да и некоторой другой живности удается «говорить»

¹⁶ но это можно только предполагать, поскольку мягкие ткани в ископаемых останках не сохраняются

за собой способность говорить. Те же собаки с иначе устроенными ушами прекрасно слышат команды, подаваемые им человеком. А попугай не имеет ушей как таковых, но нет сомнений в том, что он слышит человеческую речь, поскольку повторяет произнесенные слова и целые предложения. Что касается более близких нам приматов, то было отмечено, что у макак вокальный тракт вполне пригоден для речи, но при этом авторы статьи акцентируют внимание на том, что для этого у нее нет подходящего мозга, способного контролировать членораздельную речь [Fitch et al., 2016]. И с этим нужно согласиться. Безусловно, равнять макаку и неандертальцев по интеллекту нельзя, но на вопрос, когда и за счет чего мозг древних гоминин изменился настолько, что появилась возможность осознанно издавать членораздельные звуки, ставшие речью, ответить чрезвычайно сложно, хотя попытки такие на генетическом уровне делаются, ища конкретные мутации [Somel et al., 2013; Franchini, Pollard, 2015].

Рассуждая о том, говорили ли неандертальцы, нужно понимать, что мы не можем уверенно утверждать, а говорили ли кроманьонцы. К сожалению, невозможно определить, когда древние люди начали общаться между собой с помощью относительно членораздельной речи. Доподлинно известно, что в неолите, по крайней мере, около 6 тысяч лет назад, развитая речь уже точно была, поскольку сохранились письменные свидетельства того времени в виде глиняных табличек.¹⁷ Однако нас интересуют более давние времена и события, происходившие около 40 тысяч лет назад. Наскальные рисунки на стенах пещер какого-либо намека на уже имевшуюся письменность и осмысленную речь не несут, однако можно допустить, что в то время объем накопленной информации был относительно небольшим и без особых проблем передавался «из уст в уста». То, что важная информация, заслуживающая передачи, уже имела, сомнений не вызывает, поскольку кроманьонцам требовалось изготавливать более совершенные орудия охоты, становившиеся все сложнее, и уже имеющийся для этого опыт безусловно нужно было передавать молодым членам общины.

¹⁷ У хранения информации и передачи данных на различных носителях есть своя эволюция, дошедшая, как ни странно, до молекул ДНК, способных храниться в чистом виде (выделенных, например, из генно-модифицированных источников или синтезированных химическим путем) весьма длительное время, что рассмотрено нами ранее [Сахабутдинова и др. (Sakhabutdinova et al., 2019); Гарафутдинов и др. (Garafutdinov et al.), 2020; Garafutdinov et al., 2022].

Ген речи *FOXP2*

Еще в 1987 г. в Великобритании обратили внимание на одну семью, обозначаемую в научной литературе как “KE family”, в которой у 15 человек (около половины семьи) как мужского, так и женского пола на протяжении трех поколений наблюдались сильные нарушения речи в виде артикуляционной диспраксии (неспособности совершать последовательные движения языком, губами, ртом), а также трудностей в построении грамматических предложений. Тогда удалось прийти к заключению, что в этом «виноват» некий доминантно-наследуемый ген [Hurst et al., 1990]. Спустя полтора десятка лет этот ген был установлен и выяснилось, что он относится к семейству транскрипционных факторов forkhead helix (FOX) и получил название *FOXP2* [Lai et al., 2002]. У больных представителей KE family в 14 экзоне данного гена была найдена критичная мутация p.R553H (замена аргинина на гистидин). Нарушение речи у членов семьи проявлялось и в гетерозиготном¹⁸ состоянии, что свидетельствует о так называемой гаплонедостаточности и говорит о необходимости наличия двух полноценных копий этого гена, чтобы не происходило проявления данной патологии. Секвенирование гена *FOXP2* позволило установить его структуру [Enard et al., 2002], приведенную на рис. 3. Примерно в то же время были выявлены еще несколько человек с нарушениями речи из других семей, у которых также имелись различные нарушения гена *FOXP2*, отличающиеся от мутации p.R553H [Lai et al., 2000; MacDermot et al., 2005].

Было обнаружено, что белок FoxP2 очень консервативен и отличается у разных организмов преимущественно единичными заменами аминокислот. Так, белок *FOXP2* человека отличается от аналогичного у ближайшего ныне живущего нашего родственника – шимпанзе, всего двумя аминокислотами в 7 экзоне в положениях 303 и 325 – p.N303T и p.S325N, а также отсутствием одного остатка глутамина в Poly Q домене [Enard et al., 2002]. Прочие высшие приматы имеют те же замены аминокислот, что и у шимпанзе, при этом лишь у orangutanга обнаружена дополнительная замена p.A6V [Zhang et al., 2002].

¹⁸ Люди с нарушенными обоими аллелями гена *FOXP2* не выявлены; видимо, они нежизнеспособны. Известно, что мыши с двумя нокаутированными аллелями этого гена очень быстро погибают.

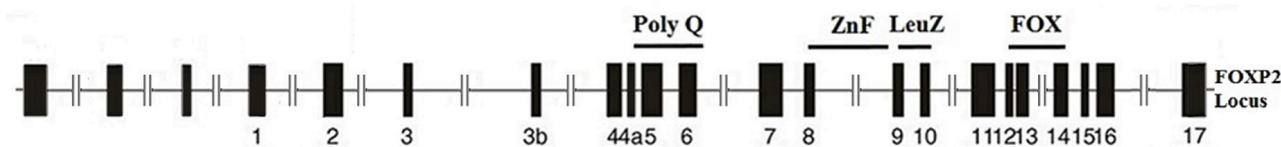


Рис. 3. Упрощенная схема фрагмента локуса *FOXP2*, охватывающего регион размером около 600 т.п.н. на хромосоме 7 человека. Poly Q – полиглутаминовый участок, ZnF – Zink Finger домен, LeuZ – Leucine Zipper домен, FOX – Forkhead домен.

Fig. 3. Simplified scheme of the *FOXP2* locus fragment covering a region of about 600 kb on the human chromosome 7. Poly Q – polyglutamine area, ZnF – Zink Finger domain, LeuZ – Leucine Zipper domain, FOX – Forkhead domain.

Безусловно, было крайне важно выяснить, каким этот белок был у неандертальцев, которые гораздо ближе к современным людям, нежели прочие высшие приматы. Секвенирование двух образцов ДНК неандертальцев показало, что *FOXP2* неандертальцев отличается от аналогичного белка у шимпанзе теми же двумя заменами аминокислот, что и современный человек [Krause et al., 2007]. Позже такие же замены были обнаружены и у «денисовца»¹⁹, представляющего другую ветвь древних людей [Reich et al., 2010]. Эта информация придала новый импульс предположениям об обладании неандертальцами членораздельной речью. Здесь нельзя не упомянуть о найденной у неандертальцев чуть позже [Maricic et al., 2013] мутации в некодирующей области гена *FOXP2* – интроне 8, влияние которой остается неизвестным. Однако она могла бы за счет сплайсинга влиять на уровень экспрессии гена *FOXP2*, тем более, что известно о «дозе гена», необходимой для нормальной речи у человека на примере KE family, для которой показана гаплонедостаточность.

Выше мы упоминали собак и попугаев, поэтому приведем информацию и об их белках *FOXP2* (рис. 4). Так, у собак *Canis familiaris* белок *FOXP2* в своей наиболее консервативной части, как ни странно, больше похож на человеческий, отличаясь от него лишь заменой одной аминокислоты в положении p.N303T, чем у шимпанзе, что позволило сделать предположение о возможном создании в будущем «говорящих» генно-инженерных собак [Гарафудинов и др. (Garafutdinov et al.), 2022]. Что касается попугаев, то ген *FOXP2* секвенирован лишь у волнистого попугайчика *Melopsittacus undulatus*²⁰, который все же значительно отличается по

нуклеотидной последовательности. Аминокислотная последовательность кодируемого им белка тоже заметно другая, но при этом она в целом имеет схожую структуру с *FOXP2* остальных позвоночных.

Касательно таинственного полиглутаминового блока в *FOXP2*²¹, нужно заметить, что в подсемействе белков *FOXP* у *FOXP3* такого нет вообще, а у *FOXP1* и *FOXP4* имеются лишь небольшие его фрагменты. Необходимо выяснить роль данной последовательности у *FOXP2*, что может дать новую важную информацию о ее роли в коммуникации и когнитивных способностях животных. Известно, что подобные гомополимерные аминокислотные участки при их экспансии могут приводить к нейродегенеративным заболеваниям [Faux, 2012]. Однако в гене *FOXP2* глутамины кодируются разными произвольным образом перемежающимися триплетами САА и САG, что предохраняет от проскальзывания цепей ДНК при репликации и тем самым служит некоторой защитой от их (само)размножения.

У человека в первой трети белка *FOXP2*, помимо двух протяженных участков из одних глутаминов (из 40 и 10 аминокислот соответственно), имеется еще немало одиночных глутаминов или их блоков (2 – 4 глутамина подряд) общим числом более 50 (итого свыше 100 глутаминов), что позволяет предполагать выполнение этим доменом какой-то важной функции. У шимпанзе в этой зоне на один глутаминовый остаток больше (41). О количестве глутаминов в этом части аминокислотной последовательности у неандертальцев не сообщается, но можно предполагать, что небольшие отличия вряд ли принципиальны [Estruch et al., 2016].

¹⁹ так как «денисовцы» обитали на Алтае и с кроманьонцами в Западной Европе не пересекались, более касаться здесь их не будем

²⁰ далеко не самого «говорящего» вида этих птиц

²¹ В одной из недавних публикаций [Thulo et al., 2021] довольно подробно рассмотрены роли различных доменов *FOXP2* белка, но внимания Poly Q участку практически не уделено.

Почему вымерли неандертальцы?

1	MMQESATETISNSSMNQNGMSTLSSQLDAGSRDGRSSGDTSSSEVSTVELLHLQQQALQAAARQLLLQQQT	70
2	70
3	70
4T.....	70
1	SGLKSPKSSDKQRPLQVPVSVAMMTPQVITPQQMQQILQQQVLSPQQQLQALLQQQQAVMLQQ-----	132
2	132
3	132
4G.....DILESALE	140
1	-----QQLQEFYKQEQQLHLQLLQQQ-H	192
2	-----.....Q.	193
3	-----.....P..PPPPP-----	187
4	NFRTALEKN.....--	208
1	PGKQAKEQQQQQQQQQLAAQQLVFQQQLLQMQQLQQQQLHLLSLQRQGLISIPPGQAALPVQSLPQAGLS	262
2	263
3	253
4VGAKTL.....N.....S.....	278
1	PAEIQQLWKEVTGVHSMEDNGIKHGGLDLTTNNSSTSSNTSKASPPITHHSIVNGQSSVLSARRDSSS	332
2T.....N.....	333
3T.....	323
4T.....S.....N.....	348
1	HEETGASHTLYGHGVCKWPGCESICEDFGQFLKHLNNEHALDDRSTAQCRVQMVVQQLEIQLSKERERL	402
2	403
3	393
4V.....	418
1	QAMMTHLHMRPSEPKPSKPLNLVSSVTMSKNMLETSPQSLPQTPTTPTAPVTPITQGPSVITPASVNV	472
2	473
3	463
4	488
1	GAIRRRHSDKYNIPMSSEIAPNYEFYKNADVPPFTYATLIRQAIMESSDRQLTLNEIYSWFTRTFAYFR	542
2	543
3	533
4	558
1	RNAATWKNVAVRHNLHLKCFVRVENVKGAVWTVDEVEYQKRRSQKITGSPTLVKNIPTSLGYGAALNASL	612
2	613
3	603
4	628
1	QAALAESSLPPLSNPGLINNASSGLLQAVHEDLNGSLDHIDSNGNSSPGCSPQPHIHSIHVKEEPVIAED	682
2	683
3	673
4	698
1	EDCPMSLVTTANHSPELEDDREIEEEPLSEDE	715
2	716
3	706
4	731

Рис. 4. Сравнение аминокислотных последовательностей белков FOXP2 разных видов позвоночных. 1 – человек, 2 – шимпанзе, 3 – собака, 4 – попугай. Точками и дефисами обозначены одинаковые аминокислоты и делеции соответственно.

Fig. 4. Comparison of amino acid sequences of FOXP2 proteins of different vertebrate species. 1 – human, 2 – chimpanzee, 3 – dog, 4 – parrot. Dots and dashes denote the same amino acids and deletions respectively.

Что касается далеко отстоящего от гоминид в эволюционном плане попугая, то у него глутаминов лишь немногим меньше. В остальных двух третях данного белка попугай отличается от человека всего шестью заменами аминокислот, две из которых

совпадают с таковыми у шимпанзе. Так что белок FOXP2 действительно высококонсервативен. Более того, у лесной пчелы *Apis mellifera*, относящейся вообще к беспозвоночным, аналогичный белок AmFoxP имеет близкий размер (735 аминокислот) и

сходное строение с белками *FOXP2* позвоночных. Так, у него есть те же домены ZnF, LeuZ, FOX, гомология которых с таковыми человека составляет 81, 80 и 84% соответственно [Kiya et al., 2008], что очень много для таких эволюционно далеких видов организмов. При этом нужно учесть, что пчелы - социальные насекомые и им необходимо общаться, а выявленная в цитируемой статье экспрессия данного гена в мозге пчел свидетельствует об определенном его участии в этом процессе. Что касается Poly Q домена, то его как такового у пчел нет, но количество глутаминов в аналогичной зоне этого белка тоже велико и составляет свыше 50 при одном полиглутаминовом тракте из шести аминокислотных остатков.

Ген *FOXP2* и другие гены интеллектуального развития у гоминин

Хотя ген *FOXP2*, возможно, и играет ключевую роль в обеспечении членораздельной речи у человека, похоже, требуется еще немало других, на которые белок *FOXP2* влияет [den Hoed et al., 2021]. Ведутся исследования и других генов (*FOXP1*, *FOXP4* и пр.), так или иначе задействованных в формировании речи у человека [Mozzi et al., 2016]. В одном из недавних обзоров отмечается, что у современного человека выявлено более 200 генов, регулирующих работу множества других белок-кодирующих генов, ответственных в том числе за креативность, социальное поведение и которых нет ни у шимпанзе, ни у неандертальцев [Zwir et al., 2022]. Некоторыми авторами [Murphy, Benitez-Buracco, 2018a] выделяется даже «осциллоген», в который они включили 48 генов, экспрессирующихся в мозге человека. В другой своей работе они в дополнение к «осциллогену» предложили новый термин «палео-осцилломика» и сообщили, что обнаружили разную степень метилирования некоторых генов, отличающуюся у неандертальцев и современных людей [Murphy, Benitez-Buracco, 2018]. Наконец, недавно обнаружено, что у членов одной бразильской семьи, страдающих тяжелыми расстройствами (передвижение на четырех конечностях, слабоумие и отсутствие речи), имеется довольно протяженная гомозиготная делеция размером около 36,2 т.п.н. в гене рецептора глутамата delta 2 (*GRID2*). Она вызывает отсутствие 5-7 экзонов этого гена [Grigorenko et al., 2022], что дополнительно свидетельствует о том, что помимо нарушений в гене *FOXP2* могут быть другие генетические отклонения, ведущие в том числе к нарушению способности говорить. Эта работа вызывает интерес еще и тем, что в ней исследован ген рецептора глутамата, и возникает вопрос: а нет ли здесь взаимосвязи с polyQ участком *FOXP2*.

Возвращаясь к вопросу о принципиальной возможности обладания неандертальцами

членораздельной речью, можно сказать, что обнаруженный у них ген *FOXP2* современного человеческого типа (пусть даже с мутацией в одном из интронов) еще не дает основания считать, что они могли говорить. По-видимому, требуется еще масса других генов, отвечающих за интеллектуальные способности, что и привело, по нашему мнению, к улучшению речевых способностей у кроманьонцев, во многом определивших дальнейшее развитие этих гоминин, а не неандертальцев, которые все же членораздельной речью, по всей видимости, не обладали. И дело даже не в наличии/отсутствии у них генов «речи». Здесь уместно вспомнить случаи детей-маугли, которые не владели человеческой речью и не способны были научиться разговаривать после их приобщения к человеческому обществу даже при том, что нужные гены у них, конечно же, имелись. Требуется обязательное обучение речи именно в младенческом возрасте, когда происходит формирование нейронных связей в мозге. У неандертальцев такого, видимо, не происходило, поскольку считается, что они (или их предки) вышли из Африки около 600 тысяч лет назад, и в то время зачатков должного уровня интеллекта у тогдашних гоминин еще не было.

Неандертальцы жили долгое время в условиях отсутствия какой-либо конкуренции, что не давало им нужных импульсов развиваться интеллектуально. Имеется точка зрения, что когнитивные способности и вместе с ними речевые способности появились у гоминин между 100 и 50 тысячами лет назад [Lieberman, McCarthy, 2007], что сопровождалось или совпало с их выходом из Африки. Можно предположить, что присутствие в то время в Африке большого количества архаичных людей порождало как конкуренцию, так и могло вести к скрещиванию разных групп, что в итоге вылилось в новую комбинацию генов и формирование более развитого интеллекта у некоторых потомков. Известно, что в более теплом климате возникает большее биологическое разнообразие, чем в холодном, где как раз жили неандертальцы.

Напоследок стоит упомянуть и эпидемиологическую гипотезу, получившую наименьшее число голосов при опросе [Vaesen et al., 2021]. Однако вымирание неандертальцев шло несколько тысяч лет и можно допустить, что они могли бы приобрести иммунитет к таким инфекциям за столь длительный период. По-видимому, причина вымирания неандертальцев заключалась все же в более низком уровне интеллектуального развития, поэтому эпидемии и прочие факторы лишь способствовали вымиранию, но не вносили решающего вклада.

Заключение

Подытоживая, можно сделать вывод, что неандертальцы исчезли, поскольку находились на более низкой ступени эволюционного развития по сравнению с кроманьонцами, которые вытеснили их из одной экологической ниши за счет анатомических преимуществ и лучшей организованности, связанной с более высоким интеллектом и обладанием членораздельной речью. Изменение климата (оледенение), если и сыграло какую-то роль, не оказало существенного вклада в вымирание неандертальцев; к тому же, похолодание происходило далеко не на всех территориях, где они проживали. Возможная неспособность защитить себя от холода, который смогли перенести люди другого вида, также свидетельствует о недостатке интеллекта у неандертальцев в условиях конкуренции.

Можно считать точно установленным, что люди современного анатомического типа (кроманьонцы) около 100 тысяч лет назад вышли из Африки и через Ближний и Средний Восток двинулись, в том числе в сторону Западной Европы, оказавшись там приблизительно 45 тысяч лет назад, где в то время проживали неандертальцы. Эти выходцы из Африки в виде уже второй волны²² довольно быстро (в доисторическом масштабе времени) стали доминирующим видом древних людей на просторах Европы, сильно потеснив коренное население. Приход кроманьонцев с точки зрения неандертальцев можно считать настоящим нашествием, которое для последних закончилось трагически.

История, как известно, развиваясь по спирали, имеет свойство повторяться. В третьем тысячелетии нашей эры в Европу хлынула третья волна мигрантов из Африки, Ближнего и Среднего Востока. В силу демографических причин – отрицательной динамики прироста коренного населения и его старения, «понаехавшие»²³ благодаря высокой рождаемости и многодетным семьям неизбежно и довольно быстро (уже в историческом масштабе времени) способны превзойти по численности автохтонное население этой территории и занять доминирующее положение в обществе. Для этого новым мигрантам, которых по некоей аналогии, но уже не по местам палеонаходок, а по местам их происхождения можно назвать «афразийцами», хватит, возможно, полтора десятка поколений, а не

нескольких тысяч лет, как ранее кроманьонцам, поскольку жизнь современных цивилизаций по сравнению с доисторическими временами резко ускорилась. Кроме того, происходящие в западном мире социо-культурные сдвиги (в частности, стирание гендерных различий) будут отрицательно влиять на динамику численности коренного населения. Принимая во внимание в целом более строгое соблюдение новыми для Европы людьми жизненных укладов их предков и сильные религиозные традиции, афразийцы за счет этого «гендерного вопроса» могут получить дополнительные преимущества. Можно с уверенностью сказать, что в отличие от событий сорокатысячелетней давности, когда неандертальцы просто вымерли и их ассимиляции не произошло, сейчас ассимиляция непременно будет иметь место, поскольку встречаются и совместно проживают на общей территории люди одного биологического вида. Культурные, языковые и барьеры так или иначе будут преодолены. Но ассимилироваться будут не афразийцы, а местное население, и вероятность такого сценария крайне велика.²⁴

Возвращаясь к вопросу эволюции человека, следует отметить, что необходимо продолжать секвенировать ДНК как древних гоминин, так и современных людей и искать гены, которые могут дать больше информации о развитии интеллектуальных способностей. Это также приблизит нас к пониманию событий, приведших к вымиранию неандертальцев. При этом методология секвенирования древней ДНК нуждается в кардинальном совершенствовании и повышении достоверности, о чем идет речь в другой нашей статье этого номера журнала [Чемерис и др. (Chemeris et al.), 2022]. И здесь имеется в виду секвенирование не только полных геномов, но и отдельных генов, нуклеотиды в которых должны «читаться» в том виде, в каком они представлены в свежесеквенированной древней ДНК (включая урацилы, прочие модификации азотистых оснований, места без оных), исключая какие-либо ферментативные превращения, способные внести искажения в имеющую нуклеотидную последовательность. Было бы замечательным «видеть» цепь ДНК под микроскопом, о чем мечтал еще Р.Фейнман [Feynman, 1960]. В его знаменитом докладе был поднят вопрос о последовательности нуклеотидов в ДНК, и в нем же прозвучал и ответ: «... вы будете видеть порядок оснований в цепи...». По мнению Фейнмана,

²² первой волной можно считать самих неандертальцев или их предшественников

²³ используя терминологию Вишняцкого [2010], которую он ранее применил по отношению к кроманьонцам, «понаехавшим» на исконные земли неандертальцев и их вскоре заполонивших.

²⁴ как и 40 тысяч лет назад, климатические катаклизмы могут ускорить идущие процессы, только сейчас вместо оледенения происходит существенное потепление климата, к которому афразийцы приспособлены лучше.

требовалось значительно повысить разрешение микроскопов, которые в то время оставались, по его словам, достаточно «грубы». Скорее всего, он имел в виду электронную микроскопию, с помощью которой позже делались попытки секвенировать молекулы ДНК [Bell et al., 2012], но неплохим потенциалом обладает и сканирующая туннельная микроскопия [Tanaka, Kawai, 2010], которая для этой цели применялась и отечественными авторами [Чаплыгин и др. (Charpygin et al.), 2015].

Работа выполнена в рамках государственных заданий №№ 122041400162-3, 122041400169-2.

Литература

1. Аугуста И., Буриан З. Жизнь древнего человека. Прага. Артия. 1960. 68 с. + 52 илл. с текстом.
2. Вишняцкий Л.Б. Неандертальцы: история несостоявшегося человечества. 2010. Санкт-Петербург. Нестор-История. 2010. 311 С.
3. Гарафутдинов Р.Р., Сахабутдинова А.Р., Чемерис А.В. Долговременное хранение молекул ДНК при комнатной температуре // Биомика. 2020. Т.12(4). С. 552-563. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-49
4. Гарафутдинов Р.Р., Чемерис Д.А., Хидиятова И.М., Сахабутдинова А.Р., Гиниятов Ю.Р., Чемерис А.В. Перспективы создания генно-инженерных «говорящих» собак // Biomics. 2022. Т.14(1). С.68-78. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2022-5
5. Гиниятов Ю.Р., Чемерис Д.А., Яхин О.И., Гарафутдинов Р.Р., Чемерис А.В. Прасобаки, собаки и их будущее // Биомика. 2021. Т.13(3). С. 288-297. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-20
6. Сахабутдинова А.Р., Михайленко К.И., Гарафутдинов Р.Р., Кирьянова О.Ю., Сагитова М.А., Сагитов А.М., Чемерис А.В. Небиологическое применение молекул ДНК // Биомика. 2019. Т.11(3). С. 344-377. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-28
7. Чаплыгин Е.Ю., Морозов Р.А., Невалин В.К. О возможности анализа фрагментов биополимеров с помощью туннельной микроскопии // Биофизика. 2015. Т. 60(1). С. 32-37.
8. Чемерис А.В., Гарафутдинов Р.Р., Сахабутдинова А.Р., Морозов Р.А., Матниязов Р.Т., Герашенков Г.А., Кулуев Б.Р., Баймиев Ан.Х., Баймиев Ал. Х., Чемерис Д.А. Скрещивались ли неандертальцы массово с кроманьонцами? (С палеодилетантской точки зрения, но с учетом данных полногеномного секвенирования образцов современной и древней ДНК) // Biomics. 2022. Т.14(2). С.156-179. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2022-12
9. Banks W.E., d'Errico F., Peterson A.T., Kageyama M., Sima A., Sanchez-Goni M.F. Neanderthal extinction by competitive exclusion // PLoS One. 2008. V. 3(12). e3972. doi: 10.1371/journal.pone.0003972
10. Bell D.C., Thomas W.K., Murtagh K.M., Dionne C.A., Graham A.C., Anderson J.E., Glover W.R. DNA base identification by electron microscopy // Microsc. Microanal. 2012. V. 18(5). PP. 1049-1053. doi: 10.1017/S1431927612012615
11. Bocquet-Appel J.-P., Degioanni A. Neanderthal Demographic Estimates // Curr. Anthropol. 2013. V. 54. P. S202-S213. doi: 10.1086/673725
12. Bokma F., van den Brink V., Stadler T. Unexpectedly many extinct hominins // Evolution. 2012, V. 66(9). P. 2969-2974. doi: 10.1111/j.1558-5646.2012.01660.x
13. Bruner E. Comparing endocranial form and shape differences in modern humans and Neandertals: a geometric approach // PaleoAnthropology. 2008. P. 93-106.
14. Carbonell E., Viola B., Kelso J., Prufer K., Paabo S. Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature*. 2016. V. 531(7595). PP. 504-507. doi: 10.1038/nature17405
15. Caspermeyer J. The Great Evolutionary Smoke out: An Advantage for Modern Humans? // Mol. Biol. Evol. 2016. V. 33(10). 2767. doi: 10.1093/molbev/msw181
16. Conde-Valverde M., Martinez I., Quam R.M., Rosa M., Velez A.D., Lorenzo C., Jarabo P., Bermudez de Castro J.M., Carbonell E., Arsuaga J.L. Neanderthals and *H. sapiens* had similar auditory and speech capacities // Nat. Ecol. Evol. 2021. V. 5(5). P. 609-615. doi: 10.1038/s41559-021-01391-6
17. Davies R., Underdown S. The Neanderthals: a Social Synthesis // Camb. Archaeol. J. 2006. V. 16. P. 145 - 164. doi.org/10.1017/S0959774306000096
18. Degioanni A., Bonenfant C., Cabut S., Condemi S. Living on the edge: Was demographic weakness the cause of Neanderthal demise? // PLoS One. 2019. V. 14(5). e0216742. doi: 10.1371/journal.pone.0216742
19. den Hoed J., Devaraju K., Fisher S.E. Molecular networks of the FOXP2 transcription factor in the brain // EMBO Rep. 2021. V.22(8). e52803. doi: 10.15252/embr.202152803
20. Deviese T., Abrams G., Hajdinjak M., Pirson S., De Groote I., Di Modica K., Toussaint M., Fischer V., Comeskey D., Spindler L., Meyer M., Semal P., Higham T. Reevaluating the timing of Neanderthal disappearance in Northwest Europe // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 2021. V. 118(12). e2022466118. doi: 10.1073/pnas.2022466118
21. Enard W., Przeworski M., Fisher S.E., Lai C.S., Wiebe V., Kitano T., Monaco A.P., Paabo S.

- Molecular evolution of FOXP2, a gene involved in speech and language // *Nature*. 2002. V.418(6900). P.869-872. doi: 10.1038/nature01025
22. Feynman R.P. There's Plenty of Room at the Bottom: An Invitation to Enter a New Field of Physics // *Engin. Sci.* 1960. V23. P.22-36.
 23. Fitch W.T., de Boer B., Mathur N., Ghazanfar A.A. Monkey vocal tracts are speech-ready // *Sci Adv.* 2016. V. 2(12). e1600723. doi: 10.1126/sciadv.1600723
 24. Fitzsimmons K.E., Hambach U., Veres D., Iovita R. The Campanian Ignimbrite eruption: new data on volcanic ash dispersal and its potential impact on human evolution // *PLoS One*. 2013. V. 8(6). e65839. doi: 10.1371/journal.pone.0065839
 25. Franchini L.F., Pollard K.S. Can a few non-coding mutations make a human brain? // *Bioessays*. 2015. V. 37(10). P. 1054-1061. doi: 10.1002/bies.201500049
 26. Ghirotto S., Tassi F., Benazzo A., Barbujani G. No evidence of Neandertal admixture in the mitochondrial genomes of early European modern humans and contemporary Europeans // *Am. J. Phys. Anthropol.* 2011. V. 146(2). PP. 242-252. doi: 10.1002/ajpa.21569
 27. Gibbons A. Genomes offer rare glimpse of Neanderthal family groups // *Science*. 2021. V. 372(6548). PP. 1251-1252. doi: 10.1126/science.372.6548.1251
 28. Grigorenko A.P., Protasova M.S., Lisenkova A.A., Reshetov D.A., Andreeva T.V., Garcias G.L., Martino Roth M.D.G., Papassotiropoulos A., Rogaev E.I. Neurodevelopmental Syndrome with Intellectual Disability, Speech Impairment, and Quadripedia Is Associated with Glutamate Receptor Delta 2 Gene Defect // *Cells*. 2022. V. 11(3). 400. doi: 10.3390/cells11030400
 29. Heim S., Amunts K., Hensel T., Grande M., Huber W., Binkofski F., Eickhoff S.B. The Role of Human Parietal Area 7A as a Link between Sequencing in Hand Actions and in Overt Speech Production // *Front. Psychol.* 2012. V. 3. P. 534. doi: 10.3389/fpsyg.2012.00534
 30. Henry A.G., Brooks A.S., Piperno D.R. Plant foods and the dietary ecology of Neanderthals and early modern humans // *J. Hum. Evol.* 2014. V. 69. PP. 44-54. doi: 10.1016/j.jhevol.2013.12.014
 31. Herrera K.J., Somarelli J.A., Lowery R.K., Herrera R.J. To what extent did Neanderthals and modern humans interact? // *Biol. Rev. Camb. Philos. Soc.* 2009. V. 84(2). P. 245-257. doi: 10.1111/j.1469-185x.2008.00071.x
 32. Horan R.D., Bulte E., Shogren J.F. How Trade Saved Humanity from Biological Exclusion: An Economic Theory of Neanderthal Extinction // *J. Econ. Behavior Organiz.* 2005. V. 54. P. 1-29. doi: 10.1016/j.jebo.2004.03.009
 33. Hubbard T.D., Murray I.A., Bisson W.H., Sullivan A.P., Sebastian A., Perry G.H., Jablonski N.G., Perdew G.H. Divergent Ah Receptor Ligand Selectivity during Hominin Evolution // *Mol Biol. Evol.* 2016. V. 33(10). PP. 2648-2658. doi: 10.1093/molbev/msw143
 34. Hublin J.J. The origin of Neandertals // *PNAS*. 2009. V.106. P. 16022-16027. doi: 10.1073/pnas.090411910
 35. Hurst J.A., Baraitser M., Auger E., Graham F., Norell S. An extended family with a dominantly inherited speech disorder // *Dev. Med. Child. Neurol.* 1990. V.32(4). P.352-355. doi: 10.1111/j.1469-8749.1990.tb16948.x
 36. Kiya T., Itoh Y., Kubo T. Expression analysis of the FoxP homologue in the brain of the honeybee, *Apis mellifera* // *Insect. Mol. Biol.* 2008. V. 17(1). PP. 53-60. doi: 10.1111/j.1365-2583.2008.00775.x
 37. Kochiyama T., Ogihara N., Tanabe H.C., Kondo O., Amano H., Hasegawa K., Suzuki H., Ponce de Leon M.S., Zollikofer C.P.E., Bastir M., Stringer C., Sadato N., Akazawa T. Reconstructing the Neanderthal brain using computational anatomy // *Sci. Rep.* 2018. V. 8(1). P. 6296. doi: 10.1038/s41598-018-24331-0
 38. Krause J., Lalueza-Fox C., Orlando L. et al. The derived FOXP2 variant of modern humans was shared with Neandertals // *Curr. Biol.* 2007. V.17(21). P.1908-1912. doi: 10.1016/j.cub.2007.10.008
 39. Lai C.S., Fisher S.E., Hurst J.A., Levy E.R., Hodgson S., Fox M., Jeremiah S., Povey S., Jamison D.C., Green E.D., Vargha-Khadem F., Monaco A.P. The SPCH1 region on human 7q31: genomic characterization of the critical interval and localization of translocations associated with speech and language disorder // *Am. J. Hum. Genet.* 2000. V.67(2). P.357-368. doi: 10.1086/303011
 40. Lai C.S., Fisher S.E., Hurst J.A., Vargha-Khadem F., Monaco A.P. A forkhead-domain gene is mutated in a severe speech and language disorder // *Nature*. 2001. V. 413(6855). P. 519-523. doi: 10.1038/35097076
 41. Lalueza-Fox C., Rosas A., Estalrich A., Gigli E., Campos P.F., Garcia-Tabernero A., Garcia-Vargas S., Sanchez-Quinto F., Ramirez O., Civit S., Bastir M., Huguet R., Santamaria D., Gilbert M.T., Willerslev E., de la Rasilla M. Genetic evidence for patrilocal mating behavior among Neandertal groups // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2011. V. 108(1). PP. 250-253. doi: 10.1073/pnas.1011553108

42. Lieberman P., McCarthy R.C. Tracking the evolution of language and speech // *Expedition*. 2007. V. 49(2). P. 15-20.
43. Linne C. *Systema naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species cum characteribus, differentiis, synonymis, locis*. 1767. Stockholm. doi: 10.5962/bhl.title.559
44. MacDermot K.D., Bonora E., Sykes N., Coupe A.M., Lai C.S., Vernes S.C., Vargha-Khadem F., McKenzie F., Smith R.L., Monaco A.P., Fisher S.E. Identification of FOXP2 truncation as a novel cause of developmental speech and language deficits // *Am. J. Hum. Genet.* 2005. V. 76(6). P. 1074-1080. doi: 10.1086/430841
45. Maricic T., Gunther V., Georgiev O., Gehre S., Curlin M., Schreiweis C., Naumann R., Burbano H.A., Meyer M., Lalueza-Fox C., de la Rasilla M., Rosas A., Gajovic S., Kelso J., Enard W., Schaffner W., Paabo S. A recent evolutionary change affects a regulatory element in the human FOXP2 gene // *Mol. Biol. Evol.* 2013. V. 30(4). P. 844-852. doi: 10.1093/molbev/mss271
46. Mozzi A., Forni D., Clerici M., Pozzoli U., Mascheretti S., Guerini F.R., Riva S., Bresolin N., Cagliani R., Sironi M. The evolutionary history of genes involved in spoken and written language: beyond FOXP2 // *Sci. Rep.* 2016. V. 6. 22157. doi: 10.1038/srep22157
47. Murphy E., Benitez-Burraco A. Paleo-oscillomics: inferring aspects of Neanderthal language abilities from gene regulation of neural oscillations // *J. Anthropol. Sci.* 2018. V. 96. PP. 111-124. doi: 10.4436/JASS.96010
48. Murphy E., Benitez-Burraco A. Toward the Language Oscillogenome // *Front. Psychol.* 2018. V. 9. 1999. doi: 10.3389/fpsyg.2018.01999
49. Nakamichi N., Takamoto K., Nishimaru H., Fujiwara K., Takamura Y., Matsumoto J., Noguchi M., Nishijo H. Cerebral Hemodynamics in Speech-Related Cortical Areas: Articulation Learning Involves the Inferior Frontal Gyrus, Ventral Sensory-Motor Cortex, and Parietal-Temporal Sylvian Area // *Front. Neurol.* 2018. V. 9. 939. doi: 10.3389/fneur.2018.00939
50. Nishimura T., Tokuda I.T., Miyachi S., Dunn J.C., Herbst C.T., Ishimura K., Kaneko A., Kinoshita Y., Koda H., Saers J.P.P., Imai H., Matsuda T., Larsen O.N., Jurgens U., Hirabayashi H., Kojima S., Fitch W.T. Evolutionary loss of complexity in human vocal anatomy as an adaptation for speech // *Science*. 2022. V. 377(6607). P. 760-763. doi: 10.1126/science.abm1574
51. Ocobock C., Lacy S., Niclou A. Between a rock and a cold place: Neanderthal biocultural cold adaptations // *Evol. Anthropol.* 2021. V. 30(4). PP. 262-279. doi: 10.1002/evan.21894
52. Poliva O. From where to what: a neuroanatomically based evolutionary model of the emergence of speech in humans // *F1000Res.* 2015. V. 4. 67. doi: 10.12688/f1000research.6175.3
53. Reich D., Green R.E., Kircher M., Krause J., Patterson N., Durand E.Y., Viola B., Briggs A.W., Stenzel U., Johnson P.L., Maricic T., Good J.M., Marques-Bonet T., Alkan C., Fu Q., Mallick S., Li H., Meyer M., Eichler E.E., Stoneking M., Richards M., Talamo S., Shunkov M.V., Derevianko A.P., Hublin J.J., Kelso J., Slatkin M., Paabo S. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature*. 2010. V. 468(7327). PP. 1053-1060. doi: 10.1038/nature09710
54. Rios L., Kivell T.L., Lalueza-Fox C., Estalrich A., Garcia-Taberner A., Huguet R., Quintino Y., de la Rasilla M., Rosas A. Skeletal Anomalies in The Neanderthal Family of El Sidron (Spain) Support A Role of Inbreeding in Neanderthal Extinction // *Sci. Rep.* 2019. V. 9(1). 1697. doi: 10.1038/s41598-019-38571-1
55. Roberts M.F., Bricher S.E. Modeling the disappearance of the Neanderthals using principles of population dynamics and ecology // *J. Archaeol. Sci.* 2018. V. 100. P. 16-31. doi.org/10.1016/j.jas.2018.09.012
56. Roksandic M., Radović P., Wu X.J., Bae C.J. Resolving the "muddle in the middle": The case for *Homo bodoensis* sp. nov. *Evol. Anthropol.* 2022. V. 31(1). P. 20-29. doi: 10.1002/evan.21929
57. Sciuabba E. The Exergy Footprint as a Sustainability Indicator: An Application to the Neanderthal–Sapiens Competition in the Late Pleistocene // *Sustainability*. 2019. V. 11 P. 4913. doi: 10.3390/su11184913
58. Serre D., Langaney A., Chech M., Teschler-Nicola M., Paunovic M., Mennecier P., Hofreiter M., Possnert G., Paabo S. No evidence of Neanderthal mtDNA contribution to early modern humans // *PLoS Biol.* 2004. V. 2(3). e57. doi: 10.1371/journal.pbio.0020057
59. Shipman P. Do the Eyes Have It? // *Am. Scientist*. 2012. V. 100(3). P. 198-201. doi: 10.1511/2012.96.198
60. Somel M., Liu X., Khaitovich P. Human brain evolution: transcripts, metabolites and their regulators // *Nat. Rev. Neurosci.* 2013. V. 14(2). P. 112-127. doi: 10.1038/nrn3372
61. Steven L. Kuhn, Mary C. Stiner. What's a Mother To Do? The Division of Labor among Neandertals and Modern Humans in Eurasia // *Curr. Anthropol.* 2006. V. 47. PP. 953-981. doi: 10.1086/507197
62. Tallavaara M., Luoto M., Korhonen N., Jarvinen H., Seppa H. Human population dynamics in Europe

- over the Last Glacial Maximum // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2015. V. 112(27). PP. 8232-8237. doi: 10.1073/pnas.1503784112
63. Tanaka H., Kawai T. Partial sequencing of a single DNA molecule with a scanning tunnelling microscope // *Nat. Nanotechnol.* 2009. V. 4(8). PP. 518-522. doi: 10.1038/nnano.2009.155
 64. Thulo M., Rabie M.A., Pahad N., Donald H.L., Blane A.A., Perumal C.M., Penedo J.C., Fanucchi S. The influence of various regions of the FOXP2 sequence on its structure and DNA-binding function // *Biosci. Rep.* 2021. V. 41(1). BSR20202128. doi: 10.1042/BSR20202128
 65. Timmermann A. Quantifying the potential causes of Neanderthal extinction: Abrupt climate change versus competition and interbreeding // *Quat. Sci. Rev.* 2020. V. 238. P. 106331. doi: 10.1016/j.quascirev.2020.106331
 66. Underdown S. A potential role for transmissible spongiform encephalopathies in Neanderthal extinction // *Med. Hypotheses*. 2008. V. 71(1). P. 4-7. doi: 10.1016/j.mehy.2007.12.014
 67. Vaesen K., Dusseldorp G.L., Brandt M.J. An emerging consensus in palaeoanthropology: demography was the main factor responsible for the disappearance of Neanderthals // *Sci. Rep.* 2021. V. 11(1). 4925. doi: 10.1038/s41598-021-84410-7
 68. Vaesen K., Scherjon F., Hemerik L., Verpoorte A. Inbreeding, Allee effects and stochasticity might be sufficient to account for Neanderthal extinction // *PLoS One*. 2019. V. 14(11). e0225117. doi: 10.1371/journal.pone.0225117
 69. Valeriani D., Simonyan K. The dynamic connectome of speech control // *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.* 2021. V. 376(1836). 20200256. doi: 10.1098/rstb.2020.0256
 70. Wilcke A., Ligges C., Burkhardt J., Alexander M., Wolf C., Quente E., Ahnert P., Hoffmann P., Becker A., Muller-Myhsok B., Cichon S., Boltze J., Kirsten H. Imaging genetics of FOXP2 in dyslexia // *Eur. J. Hum. Genet.* 2012. V. 20(2). 224-229. doi: 10.1038/ejhg.2011.160
 71. Wolff H., Greenwood A.D. Did viral disease of humans wipe out the Neandertals? // *Med. Hypotheses*. 2010. V. 75(1). P. 99-105. doi: 10.1016/j.mehy.2010.01.048
 72. Woo Y.J., Wang T., Guadalupe T., Nebel R.A., Vano A., Del Bene V.A., Molholm S., Ross L.A., Zwiars M.P., Fisher S.E., Foxe J.J., Abrahams B.S. A Common CYFIP1 Variant at the 15q11.2 Disease Locus Is Associated with Structural Variation at the Language-Related Left Supramarginal Gyrus // *PLoS One*. 2016. V. 11(6). e0158036. doi: 10.1371/journal.pone.0158036
 73. Zhang J., Webb D.M., Podlaha O. Accelerated protein evolution and origins of human-specific features: Foxp2 as an example // *Genetics*. 2002. V.162(4). P.1825-1835. doi: 10.1093/genetics/162.4.1825
 74. Zubrow E. The demographic modelling of Neanderthal extinction. In: Mellars P. and C. Stringer (eds.). *The Human Revolution. Behavioral and Biological Perspectives on the Origins of Modern Humans*. 1989. Princeton University Press. P. 213-231.
 75. Zwir I., Del-Val C., Hintsanen M., Cloninger K.M., Romero-Zaliz R., Mesa A., Arnedo J., Salas R., Poblete G.F., Raitoharju E., Raitakari O., Keltikangas-Jarvinen L., de Erausquin G.A., Tattersall I., Lehtimäki T., Cloninger C.R. Evolution of genetic networks for human creativity // *Mol. Psychiatry*. 2022. V. 27(1). P. 354-376. doi: 10.1038/s41380-021-01097-y

References

1. Augusta I., Burian Z. Zhizn drevnego cheloveka. Prague. Artia. 1960. 68 p.+52 fig. with text. [The life of an ancient man] (In Russian)
2. Banks W.E., d'Errico F., Peterson A.T., Kageyama M., Sima A., Sanchez-Goni M.F. Neanderthal extinction by competitive exclusion. *PLoS One*. 2008. V. 3(12). e3972. doi: 10.1371/journal.pone.0003972
3. Bell D.C., Thomas W.K., Murtagh K.M., Dionne C.A., Graham A.C., Anderson J.E., Glover W.R. DNA base identification by electron microscopy. *Microsc. Microanal.* 2012. V. 18(5). P. 1049-1053. doi: 10.1017/S1431927612012615
4. Bocquet-Appel J.-P., Degioanni A. Neanderthal Demographic Estimates. *Curr. Anthropol.* 2013. V. 54. P. S202-S213. doi: 10.1086/673725
5. Bokma F., van den Brink V., Stadler T. Unexpectedly many extinct hominins. *Evolution*. 2012, V. 66(9). PP. 2969-2974. doi: 10.1111/j.1558-5646.2012.01660.x
6. Bruner E. Comparing endocranial form and shape differences in modern humans and Neandertals: a geometric approach. *PaleoAnthropology*. 2008. PP. 93-106.
7. Carbonell E., Viola B., Kelso J., Prufer K., Paabo S. Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature*. 2016. V. 531(7595). PP. 504-507. doi: 10.1038/nature17405
8. Caspermeyer J. The Great Evolutionary Smoke out: An Advantage for Modern Humans? *Mol. Biol. Evol.* 2016. V. 33(10). 2767. doi: 10.1093/molbev/msw181
9. Chaplygin E.Y., Morozov R.A., Nevolin V.K. On the possibility of biopolymer fragment analysis by

- tunneling microscopy. *Biophysics*. 2015. V. 60(1). P. 25-29.
10. Chemeris A.V., Garafutdinov R.R., Sakhabutdinova A.R., Morozov R.A., Matniyazov R.T., Gerashchenkov G.A., Kuluev B.R., Baymiev An.Kh., Baymiev Al.Kh., Chemeris D.A. Did Neanderthals interbreed en masse with Cro-Magnons? (From a paleodilettantish point of view but taking into account the data of whole genome sequencing of modern and ancient DNA specimens). *Biomics*. 2022. V.14(1). P. 156-179. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2022-12 (In Russian).
 11. Conde-Valverde M., Martinez I., Quam R.M., Rosa M., Velez A.D., Lorenzo C., Jarabo P., Bermudez de Castro J.M., Carbonell E., Arsuaga J.L. Neanderthals and *H. sapiens* had similar auditory and speech capacities. *Nat. Ecol. Evol.* 2021. V. 5(5). P. 609-615. doi: 10.1038/s41559-021-01391-6
 12. Davies R., Underdown S. The Neanderthals: a Social Synthesis. *Camb. Archaeol. J.* 2006. V. 16. P. 145 - 164. doi.org/10.1017/S0959774306000096
 13. Degioanni A., Bonenfant C., Cabut S., Condemni S. Living on the edge: Was demographic weakness the cause of Neanderthal demise? *PLoS One*. 2019. V. 14(5). e0216742. doi: 10.1371/journal.pone.0216742
 14. den Hoed J., Devaraju K., Fisher S.E. Molecular networks of the FOXP2 transcription factor in the brain. *EMBO Rep.* 2021. V.22(8). e52803. doi: 10.15252/embr.202152803
 15. Deviese T., Abrams G., Hajdinjak M., Pirson S., De Groote I., Di Modica K., Toussaint M., Fischer V., Comeskey D., Spindler L., Meyer M., Semal P., Higham T. Reevaluating the timing of Neanderthal disappearance in Northwest Europe. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2021. V. 118(12). e2022466118. doi: 10.1073/pnas.2022466118
 16. Enard W., Przeworski M., Fisher S.E., Lai C.S., Wiebe V., Kitano T., Monaco A.P., Paabo S. Molecular evolution of FOXP2, a gene involved in speech and language. *Nature*. 2002. V.418(6900). P.869-872. doi: 10.1038/nature01025
 17. Feynman R.P. There's Plenty of Room at the Bottom: An Invitation to Enter a New Field of Physics. *Engin. Sci.* 1960. V23. P.22-36.
 18. Fitch W.T., de Boer B., Mathur N., Ghazanfar A.A. Monkey vocal tracts are speech-ready. *Sci. Adv.* 2016. V. 2(12). e1600723. doi: 10.1126/sciadv.1600723
 19. Fitzsimmons K.E., Hambach U., Veres D., Iovita R. The Campanian Ignimbrite eruption: new data on volcanic ash dispersal and its potential impact on human evolution. *PLoS One*. 2013. V. 8(6). e65839. doi: 10.1371/journal.pone.0065839
 20. Franchini L.F., Pollard K.S. Can a few non-coding mutations make a human brain? *Bioessays*. 2015. V. 37(10). PP. 1054-1061. doi: 10.1002/bies.201500049
 21. Garafutdinov R.R., Chemeris D.A., Khidiyatova I.M., Sakhabutdinova A.R., Giniyatov Yu.R., Chemeris A.V. Prospects for the creation of genetically engineered "speaking" dogs. *Biomics*. 2022. V.14(1). P.68-78. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2022-5 (In Russian).
 22. Garafutdinov R.R., Sakhabutdinova A.R., Chemeris A.V. Long-term room temperature storage of DNA molecules. *Biomics*. 2020. V. 12(4). P. 552-563. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-49 (In Russian).
 23. Ghirotto S., Tassi F., Benazzo A., Barbujani G. No evidence of Neanderthal admixture in the mitochondrial genomes of early European modern humans and contemporary Europeans. *Am. J. Phys. Anthropol.* 2011. V. 146(2). PP. 242-252. doi: 10.1002/ajpa.21569
 24. Gibbons A. Genomes offer rare glimpse of Neanderthal family groups. *Science*. 2021. V. 372(6548). P. 1251-1252. doi: 10.1126/science.372.6548.1251
 25. Giniyatov Yu.R., Chemeris D.A., Yakhin O.I., Garafutdinov R.R., Chemeris A.V. Proto-dogs, dogs and their future. *Biomics*. 2021. V.13(3). p. 288-297. doi: 10.31301/2221-6197.bmcs.2021-20
 26. Grigorenko A.P., Protasova M.S., Lisenkova A.A., Reshetov D.A., Andreeva T.V., Garcias G.L., Martino Roth M.D.G., Papassotiropoulos A., Rogaev E.I. Neurodevelopmental Syndrome with Intellectual Disability, Speech Impairment, and Quadrapedia Is Associated with Glutamate Receptor Delta 2 Gene Defect. *Cells*. 2022. V. 11(3). 400. doi: 10.3390/cells11030400
 27. Heim S., Amunts K., Hensel T., Grande M., Huber W., Binkofski F., Eickhoff S.B. The Role of Human Parietal Area 7A as a Link between Sequencing in Hand Actions and in Overt Speech Production. *Front. Psychol.* 2012. V. 3. P. 534. doi: 10.3389/fpsyg.2012.00534
 28. Henry A.G., Brooks A.S., Piperno D.R. Plant foods and the dietary ecology of Neanderthals and early modern humans. *J. Hum. Evol.* 2014. V. 69. PP. 44-54. doi: 10.1016/j.jhevol.2013.12.014.
 29. Herrera K.J., Somarelli J.A., Lowery R.K., Herrera R.J. To what extent did Neanderthals and modern humans interact? *Biol. Rev. Camb. Philos. Soc.* 2009. V. 84(2). PP. 245-257. doi: 10.1111/j.1469-185x.2008.00071.x
 30. Horan R.D., Bulte E., Shogren J.F. How Trade Saved Humanity from Biological Exclusion: An Economic Theory of Neanderthal Extinction. *J. Econ. Behavior Organiz.* 2005. V. 54. P. 1-29. doi: 10.1016/j.jebo.2004.03.009

31. Hubbard T.D., Murray I.A., Bisson W.H., Sullivan A.P., Sebastian A., Perry G.H., Jablonski N.G., Perdew G.H. Divergent Ah Receptor Ligand Selectivity during Hominin Evolution. *Mol Biol. Evol.* 2016. V. 33(10). P. 2648-2658. doi: 10.1093/molbev/msw143
32. Hublin J.J. The origin of Neandertals. *PNAS.* 2009. V.106. P. 16022-16027. doi: 10.1073/pnas.090411910
33. Hurst J.A., Baraitser M., Auger E., Graham F., Norell S. An extended family with a dominantly inherited speech disorder. *Dev. Med. Child. Neurol.* 1990. V.32(4). P.352-355. doi: 10.1111/j.1469-8749.1990.tb16948.x
34. Kiya T., Itoh Y., Kubo T. Expression analysis of the FoxP homologue in the brain of the honeybee, *Apis mellifera*. *Insect. Mol. Biol.* 2008. V. 17(1). P. 53-60. doi: 10.1111/j.1365-2583.2008.00775.x
35. Kochiyama T., Ogihara N., Tanabe H.C., Kondo O., Amano H., Hasegawa K., Suzuki H., Ponce de Leon M.S., Zollikofer C.P.E., Bastir M., Stringer C., Sadato N., Akazawa T. Reconstructing the Neanderthal brain using computational anatomy. *Sci. Rep.* 2018. V. 8(1). P. 6296. doi: 10.1038/s41598-018-24331-0
36. Krause J., Lalueza-Fox C., Orlando L. et al. The derived FOXP2 variant of modern humans was shared with Neandertals. *Curr. Biol.* 2007. V.17(21). P.1908-1912. doi: 10.1016/j.cub.2007.10.008
37. Lai C.S., Fisher S.E., Hurst J.A., Levy E.R., Hodgson S., Fox M., Jeremiah S., Povey S., Jamison D.C., Green E.D., Vargha-Khadem F., Monaco A.P. The SPCH1 region on human 7q31: genomic characterization of the critical interval and localization of translocations associated with speech and language disorder. *Am. J. Hum. Genet.* 2000. V.67(2). P.357-368. doi: 10.1086/303011
38. Lai C.S., Fisher S.E., Hurst J.A., Vargha-Khadem F., Monaco A.P. A forkhead-domain gene is mutated in a severe speech and language disorder. *Nature.* 2001. V. 413(6855). P. 519-523. doi: 10.1038/35097076
39. Lalueza-Fox C., Rosas A., Estalrich A., Gigli E., Campos P.F., Garcia-Taberner A., Garcia-Vargas S., Sanchez-Quinto F., Ramirez O., Civit S., Bastir M., Huguier R., Santamaria D., Gilbert M.T., Willerslev E., de la Rasilla M. Genetic evidence for patrilocal mating behavior among Neandertal groups. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2011. V. 108(1). P. 250-253. doi: 10.1073/pnas.1011553108
40. Lieberman P., McCarthy R.C. Tracking the evolution of language and speech. *Expedition.* 2007. V. 49(2). P. 15-20.
41. Linne C. Systema naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. 1767. Stockholm. doi: 10.5962/bhl.title.559
42. MacDermot K.D., Bonora E., Sykes N., Coupe A.M., Lai C.S., Vernes S.C., Vargha-Khadem F., McKenzie F., Smith R.L., Monaco A.P., Fisher S.E. Identification of FOXP2 truncation as a novel cause of developmental speech and language deficits. *Am. J. Hum. Genet.* 2005. V. 76(6). P. 1074-1080. doi: 10.1086/430841
43. Maricic T., Gunther V., Georgiev O., Gehre S., Curnin M., Schreiweis C., Naumann R., Burbano H.A., Meyer M., Lalueza-Fox C., de la Rasilla M., Rosas A., Gajovic S., Kelso J., Enard W., Schaffner W., Paabo S. A recent evolutionary change affects a regulatory element in the human FOXP2 gene. *Mol. Biol. Evol.* 2013. V. 30(4). P. 844-852. doi: 10.1093/molbev/mss271
44. Mozzi A., Forni D., Clerici M., Pozzoli U., Mascheretti S., Guerini F.R., Riva S., Bresolin N., Cagliani R., Sironi M. The evolutionary history of genes involved in spoken and written language: beyond FOXP2. *Sci. Rep.* 2016. V. 6. 22157. doi: 10.1038/srep22157
45. Murphy E., Benitez-Burraco A. Paleo-oscillomics: inferring aspects of Neandertal language abilities from gene regulation of neural oscillations. *J. Anthropol. Sci.* 2018. V. 96. PP. 111-124. doi: 10.4436/JASS.96010
46. Murphy E., Benitez-Burraco A. Toward the Language Oscillogenome. *Front. Psychol.* 2018. V. 9. 1999. doi: 10.3389/fpsyg.2018.01999
47. Nakamichi N., Takamoto K., Nishimaru H., Fujiwara K., Takamura Y., Matsumoto J., Noguchi M., Nishijo H. Cerebral Hemodynamics in Speech-Related Cortical Areas: Articulation Learning Involves the Inferior Frontal Gyrus, Ventral Sensory-Motor Cortex, and Parietal-Temporal Sylvian Area. *Front. Neurol.* 2018. V. 9. 939. doi: 10.3389/fneur.2018.00939
48. Nishimura T., Tokuda I.T., Miyachi S., Dunn J.C., Herbst C.T., Ishimura K., Kaneko A., Kinoshita Y., Koda H., Saers J.P.P., Imai H., Matsuda T., Larsen O.N., Jurgens U., Hirabayashi H., Kojima S., Fitch W.T. Evolutionary loss of complexity in human vocal anatomy as an adaptation for speech. *Science.* 2022. V. 377(6607). P. 760-763. doi: 10.1126/science.abm1574
49. Ocobock C., Lacy S., Niclou A. Between a rock and a cold place: Neandertal biocultural cold adaptations. *Evol. Anthropol.* 2021. V. 30(4). P. 262-279. doi: 10.1002/evan.21894
50. Poliva O. From where to what: a neuroanatomically based evolutionary model of the emergence of speech in humans. *F1000Res.* 2015. V. 4. 67. doi: 10.12688/f1000research.6175.3

51. Reich D., Green R.E., Kircher M., Krause J., Patterson N., Durand E.Y., Viola B., Briggs A.W., Stenzel U., Johnson P.L., Maricic T., Good J.M., Marques-Bonet T., Alkan C., Fu Q., Mallick S., Li H., Meyer M., Eichler E.E., Stoneking M., Richards M., Talamo S., Shunkov M.V., Derevianko A.P., Hublin J.J., Kelso J., Slatkin M., Paabo S. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature*. 2010. V. 468(7327). PP. 1053-1060. doi: 10.1038/nature09710
52. Rios L., Kivell T.L., Lalueza-Fox C., Estalrich A., Garcia-Tabernero A., Huguet R., Quintino Y., de la Rasilla M., Rosas A. Skeletal Anomalies in The Neandertal Family of El Sidron (Spain) Support A Role of Inbreeding in Neandertal Extinction. *Sci. Rep.* 2019. V. 9(1). 1697. doi: 10.1038/s41598-019-38571-1
53. Roberts M.F., Bricher S.E. Modeling the disappearance of the Neanderthals using principles of population dynamics and ecology. *J. Archaeol. Sci.* 2018. V. 100. P. 16-31. doi.org/10.1016/j.jas.2018.09.012
54. Roksandic M., Radović P., Wu X.J., Bae C.J. Resolving the "muddle in the middle": The case for *Homo bodoensis* sp. nov. *Evol. Anthropol.* 2022. V. 31(1). PP. 20-29. doi: 10.1002/evan.21929
55. Sakhabutdinova A.R., Mikhailenko K.I., Garafutdinov R.R., Kiryanova O.Yu., Sagitova M.A., Sagitov A.M., Chemeris A.V. Non-biological application of DNA molecules. *Biomics*. 2019. V.11(3). P. 344-377. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2019-28 (In Russian).
56. Sciubba E. The Exergy Footprint as a Sustainability Indicator: An Application to the Neandertal–Sapiens Competition in the Late Pleistocene. *Sustainability*. 2019. V. 11 P. 4913. doi: 10.3390/su11184913
57. Serre D., Langaney A., Chech M., Teschler-Nicola M., Paunovic M., Mennecier P., Hofreiter M., Possnert G., Paabo S. No evidence of Neandertal mtDNA contribution to early modern humans. *PLoS Biol.* 2004. V. 2(3). e57. doi: 10.1371/journal.pbio.0020057
58. Shipman P. Do the Eyes Have It? *Am. Scientist*. 2012. V. 100(3). P. 198-201. doi: 10.1511/2012.96.198
59. Somel M., Liu X., Khaitovich P. Human brain evolution: transcripts, metabolites and their regulators. *Nat. Rev. Neurosci.* 2013. V. 14(2). P. 112-127. doi: 10.1038/nrn3372
60. Steven L. Kuhn, Mary C. Stiner. What's a Mother To Do? The Division of Labor among Neandertals and Modern Humans in Eurasia. *Curr. Anthropol.* 2006. V. 47. PP. 953-981. doi: 10.1086/507197
61. Tallavaara M., Luoto M., Korhonen N., Jarvinen H., Seppa H. Human population dynamics in Europe over the Last Glacial Maximum. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2015. V. 112(27). P. 8232-8237. doi: 10.1073/pnas.1503784112
62. Tanaka H., Kawai T. Partial sequencing of a single DNA molecule with a scanning tunnelling microscope. *Nat. Nanotechnol.* 2009. V. 4(8). P. 518-522. doi: 10.1038/nnano.2009.155
63. Thulo M., Rabie M.A., Pahad N., Donald H.L., Blane A.A., Perumal C.M., Penedo J.C., Fanucchi S. The influence of various regions of the FOXP2 sequence on its structure and DNA-binding function. *Biosci. Rep.* 2021. V. 41(1). BSR20202128. doi: 10.1042/BSR20202128
64. Timmermann A. Quantifying the potential causes of Neandertal extinction: Abrupt climate change versus competition and interbreeding. *Quat. Sci. Rev.* 2020. V. 238. P. 106331. doi: 10.1016/j.quascirev.2020.106331
65. Underdown S. A potential role for transmissible spongiform encephalopathies in Neandertal extinction. *Med. Hypotheses*. 2008. V. 71(1). P. 4-7. doi: 10.1016/j.mehy.2007.12.014
66. Vaesen K., Dusseldorp G.L., Brandt M.J. An emerging consensus in palaeoanthropology: demography was the main factor responsible for the disappearance of Neandertals. *Sci. Rep.* 2021. V. 11(1). 4925. doi: 10.1038/s41598-021-84410-7
67. Vaesen K., Scherjon F., Hemerik L., Verpoorte A. Inbreeding, Allee effects and stochasticity might be sufficient to account for Neandertal extinction. *PLoS One*. 2019. V. 14(11). e0225117. doi: 10.1371/journal.pone.0225117
68. Valeriani D., Simonyan K. The dynamic connectome of speech control. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci.* 2021. V. 376(1836). 20200256. doi: 10.1098/rstb.2020.0256
69. Vishnyatsky L.B. Neandertals: the History of failed humanity. Publishing house Nestor-History (St. Petersburg). 2010. 311 p.
70. Wilcke A., Ligges C., Burkhardt J., Alexander M., Wolf C., Quente E., Ahnert P., Hoffmann P., Becker A., Muller-Myhsok B., Cichon S., Boltze J., Kirsten H. Imaging genetics of FOXP2 in dyslexia. *Eur. J. Hum. Genet.* 2012. V. 20(2). 224-229. doi: 10.1038/ejhg.2011.160
71. Wolff H., Greenwood A.D. Did viral disease of humans wipe out the Neandertals? *Med. Hypotheses*. 2010. V. 75(1). P. 99-105. doi: 10.1016/j.mehy.2010.01.048
72. Woo Y.J., Wang T., Guadalupe T., Nebel R.A., Vino A., Del Bene V.A., Molholm S., Ross L.A., Zwiers M.P., Fisher S.E., Foxe J.J., Abrahams B.S. A Common CYFIP1 Variant at the 15q11.2 Disease Locus Is Associated with Structural Variation at the Language-Related Left Supramarginal Gyrus. *PLoS*

- One.* 2016. V. 11(6). e0158036. doi: 10.1371/journal.pone.0158036
73. Zhang J., Webb D.M., Podlaha O. Accelerated protein evolution and origins of human-specific features: *Foxp2* as an example. *Genetics*. 2002. V.162(4). P.1825-1835. doi: 10.1093/genetics/162.4.1825
74. Zubrow E. The demographic modelling of Neanderthal extinction. In: Mellars P. and C. Stringer (eds.). *The Human Revolution. Behavioral and Biological Perspectives on the Origins of Modern Humans*. 1989. Princeton University Press. P. 213–231.
75. Zwir I., Del-Val C., Hintsanen M., Cloninger K.M., Romero-Zaliz R., Mesa A., Arnedo J., Salas R., Poblete G.F., Raitoharju E., Raitakari O., Keltikangas-Jarvinen L., de Erausquin G.A., Tattersall I., Lehtimäki T., Cloninger C.R. Evolution of genetic networks for human creativity. *Mol. Psychiatry*. 2022. V. 27(1). P. 354-376. doi: 10.1038/s41380-021-01097-y