

# Uusin tieto neandertalinihmisen ja nykyihmisen suhteesta

■ Petter Portin

Mikä ihminen on ja mistä hän tulee? Biologinen vastaus tähän kysymykseen voidaan osittain saada vertaamalla oman ja lähilajiemme genomien yksityiskohtaista kemiallista rakennetta toisiinsa. Lähimmän sukulaistemme, sukupuuttoon kuolleen neandertalinihmisen, genomi julkaistiin Science-lehdessä toukokuun 7. päivänä 2010 ruotsineestiläisen, nykyisin Leipzigin työskentelevän Svante Pääbon johtaman tutkimusryhmän toimesta (Green ym., 2010). Kuten tiedotusvälineissä ja tämänkin lehden tiedeuutisissa (4–5/2010) on kerrottu, tutkimuksen tulos osoitti, että neandertalinihmisen ja nykyihmisen välillä on tapahtunut risteytymistä noin 70 000 vuotta sitten. Yhtä tärkeää on kuitenkin se, että tutkimus vastaa alustavasti kysymykseen, miten poikkeamme geneettisesti neandertalinihmisestä.

Neandertalinihmiset ovat kaikkien nykyihmisten sisarusryhmä, ja näillä oli yhteinen kantamuoto Afrikassa vielä noin 500 000 vuotta sitten. Sekä fossiililöydöt että geenitutkimukset osoittavat, että neandertalinihmisen ja nykyihmisen kehityslinjat erosivat toisistaan  $660\,000 \pm 140\,000$  vuotta sitten, ja tähän tapahtumaan liittyy neandertalinihmisen siirtyminen Afrikasta läntiseen Euroasiaan. Ryhmän syntyyn näyttää vaikuttaneen jääkausien ja niiden välisten jaksojen vuorottelu (Hublin, 2009). Tästä ajasta alkaen neandertalinihmisen eli Euroopassa ja Länsi-Aasiassa aina Siperian eteläosia myöten, mutta kuoli sukupuuttoon noin 28 000 vuotta sitten viimeisten populaatioiden asustaessa Euroopan eteläisimmässä kolkassa Iberian niemimaalla (Finlayson ym., 2006).

Sekä paleontologiset että populaatiogeneettiset tutkimukset osoittavat yhtäpitävästi, että anatomisesti moderni nykyihminen puolestaan kehittyi Afrikassa 200 000–150 000 vuotta sitten (Tattersall, 2009) ja levittäytyi verraten nopeasti kaikkialle maailmaan. Eurooppaan nykyihminen saapui Aasian kautta noin 42 000 vuot-

ta sitten (Hoffecker, 2009). Neandertalinihmiset ja nykyihmiset elivät rinnatusten Lähi-idässä ainakin jo 80 000 vuotta sitten ja myöhemmin Aasiassa ja Euroopassa (Grün ym., 2005). Afrikassa sen sijaan neandertalinihmistä ei nykyihmisen synnyttyä enää ollut.

Aikaisemmin on julkaistu kaksi tutkimusta, joissa on analysoitu pieniä osia neandertalinihmisen perimästä (Green ym., 2006, Noonan ym., 2006). Ne perustuvat osittain samaan materiaaliin kuin nyt tarkasteltava tutkimus (Green ym., 2010). Aiemmista tutkimuksista laajempi (Green ym., 2006) näytti viittaavan siihen että nykyihmisestä olisi tapahtunut yksisuuntaisesti geenivirtaa neandertalinihmiseen. Tämä johtopäätös johtui kuitenkin koevirheestä; neandertalinihmisen DNA-näyte oli saastunut tutkijoiden omalla DNA:lla (Green ym., 2009). Greenin ym. (2010) uusi tutkimus, joka käsittää neandertalinihmisen koko perimän, osoittaa nyt kuitenkin sitovasti, että risteytymistä neandertalinihmisen ja nykyihmisen välillä on tapahtunut sen jälkeen, kun oma lajimme lähti Afrikasta levittämään kaikkialle maailmaan.

## Miten neandertalinihmisen DNA:ta tutkittiin

Fossiileissa DNA voi suotuisissa olosuhteissa säilyä jopa kymmeniä miljoonia vuosia. Näin on tapahtunut esimerkiksi meripihkaan hautautuneiden hyönteisten osalta. Yleensäkin DNA saattaa säilyä tutkimuskelpoisena vähähappisissa oloissa. Niinpä nyt on saatu tutkittua neandertalinihmisen yli 30 000 vuotta vanhaa DNA:ta.

Luufossiileista peräisin olevan DNA:n tutkimus on kuitenkin hyvin hankalaa ainakin kahdesta erityisestä syystä. Ensinnäkin tutkittavan

lajin DNA:ta on vaikea eristää puhtaana, koska luunäyte on aina siinä elävien mikrobien saastuttama. Toiseksi DNA saadaan eristettyä vain lyhyinä fragmentteina. Mikrobikontaminaation vaikutus tuloksiin eliminoitiin käsittelemällä näyte spesifisesti mikrobi-DNA:ta pilkkovilla entsyymeillä. Fragmentoituneen DNA:n sekvensoinnissa käytettiin uuden sukupolven menetelmää (454 Life Sciences GS FLX-menetelmää), joka käyttää hyväkseen nimenomaan lyhyitä DNA-fragmenteja ja soveltuu muinaisen DNA:n tutkimukseen.

Svante Pääbon johtama ryhmä analysoi luujauhetta kaikkiaan 21:stä neandertalinihmisen luusta, jotka olivat peräisin Vindijan luolasta Kroatiaista. Neandertalinihmisen mitokondrion DNA:n koostumus on jo aikaisemmin selvitetty kokonaan kahdestatoista eri puolilta Eurooppaa olevasta fossiililöydöstä (katso Portin, 2008). Nyt tarkastelun kohteena olevien luunäytteiden varmistettiin kuuluvan neandertalinihmiselle niiden mitokondrion DNA:n perusteella, sillä neandertalinihmisen mitokondrion DNA:n tiedetään poikkeavan kokonaan nykyihmisen vastaavasta. Kolme näytettä, jotka olivat eri naispuolisista yksilöistä, valittiin jatkotutkimuksiin. Yksi luu on  $38\,310 \pm 2\,130$  vuotta vanha. Toinen on peräisin ensimmäistä vanhemmasta kerrostumasta, mutta sen tarkkaa ikää ei voitu määrittää. Kolmas luu on vielä vanhempi,  $44\,450 \pm 550$  vuoden ikäinen. Osoittautui myös, että ensimmäinen ja kolmas nainen saattavat polveutua äitiensä kautta sukua olevista yksilöistä.

Näistä kolmesta luusta preparoitiin kaikkiaan yhdeksän DNA-näytettä välttäen laboratoriokontaminaatiota ja näytteistä valmistettiin sekvenssikirjastot. Kirjastoja verrattiin nykyihmisen, simpanssin, reesusapinan, hiiren ja kaikkien muiden geenipankeista löytyvien lajien genomeihin. Niiden sekvenssien, jotka sopivat paremmin yhteen kädellisten kuin muiden lajien genomien kanssa, tutkimusta jatkettiin.

Kaikki DNA-fragmentit sekvensoitiin keskimäärin 1,3 kertaa, mistä syystä saatua tulosta kutsutaan luonnokseksi. Lopullisen varmuuden saamiseksi katsotaan yleensä tarvittavan vähintään kahdeksan läpiluentaa. Jo nyt saatua tulosta

on silti pidettävä luotettavana, koska se perustuu uudempaan teknologiaan kuin tavanomainen sekvensointi. Kuitenkin varmuuden vuoksi työtä jatketaan, kunnes genomi on sekvensoitu keskimäärin 10–20 kertaa.

Koska tarkoituksena oli saada kokonaiskuva neandertalinihmisten geneettisestä muuntelusta, valmistettiin osittaiset sekvenssiedot kolmesta muusta yksilöstä, jotka edustavat suurta osaa ryhmän koko levinneisyysalueesta. Nämä olivat noin 49 000 vuotta vanha yksilö Espanjasta, noin 42 000 vuotta vanha yksilö Saksasta ja 60 000–70 000 vuotta vanha yksilö Venäjän Kaukasukselta.

### Miten neandertalinihmisen ja nykyihmisen genomeja verrattiin?

Neandertalinihmisen genomia verrattiin paitsi HUGO-projektin tuottamaan nykyihmisen standardisekvenssiin, myös viiden eri puolilta maailmaa peräisin olevan ihmisyksilön genomiin. Näistä yksilöistä kaksi oli afrikkalaisia, toinen Yoruba-heimoon, toinen San-heimoon kuuluva, yksi Uudesta Guineasta, yksi kiinalainen ja viides ranskalainen. Mainittakoon, että näiden viiden genomien sekvensointi kesti vain kaksi kuukautta, mikä verrattuna ihmisen standardigenomin analyysiin kuluneeseen 13 vuoteen vuosina 1990–2003 kuvastaa alan teknologian huimaa kehitystä.

Lisäksi tehtiin täydentävä tutkimus, jossa analysoitiin osia 50 nykyihmisen perimästä (Burbano ym., 2010). Tämä tutkimus kohdennettiin niihin geenialueisiin, joiden Greenin ym. (2010) tutkimuksen perusteella pääteltiin muuttuneen nykyihmisellä sen jälkeen, kun linjamme erosi neandertalinihmisen kehityslinjasta.

Kun verrataan kahden lajin genomien monimuotoisuutta, puhutaan kanta-alleleista (*ancestral allele*) ja johdannaisalleleista (*derived allele*). Kanta-alleeli on alleleista alkuperäisempi. Esimerkiksi kun verrataan simpanssin, nykyihmisen ja neandertalinihmisen genomeja, on aina se alleeli, joka esiintyy kaikilla kolmella, alkuperäinen eli siis kanta-alleeli. Johdannaisalleeli on alleleista se, joka on syntynyt mutaation kautta kanta-alleleista. Esimerkiksi kun jälleen

verrataan simpanssia, nykyihmistä ja neandertalinihmistä, on se alleeli, joka esiintyy vain nykyihmisellä, nykyihmisen johdannaisalleeli. Vastaavasti se, joka esiintyy vain neandertalinihmisellä, on neandertalinihmisen johdannaisalleeli.

Tutkimalla vain nykyihmisen genomia on mahdotonta päätellä, milloin lajiimme fiksoituneet geenimuodot, eli siis alleelit, ovat syntyneet tai milloin niiden fiksaatio on tapahtunut. Kuitenkin vertaamalla nykyihmisen genomia lähilajeihin, voidaan nämä ajankohdat määrittää. Jos sekä nykyihmisillä että neandertalinihmisillä esiintyy tietyistä geenistä sama simpanssista poikkeava johdannaisalleeli, on se syntynyt sen jälkeen, kun yhteinen linjamme erosi simpanssin kehityslinjasta mutta ennen kuin oma linjamme erosi neandertalinihmisen linjasta. Jos taas neandertalinihmisillä on jostain geenistä simpanssin kanssa yhteinen kanta-alleeli, mutta nykyihmisillä oma johdannaisalleeli, on jälkimmäinen fiksoitunut lajiimme genomiin sen jälkeen, kun linjamme erosi neandertalinihmisen linjasta.

### **Neandertalinihminen ja nykyihminen ovat joskus risteytyneet**

Green ym. (2010) testasivat, ovatko jotkut nykyihmisen populaatiot geneettisesti lähempänä neandertalinihmistä kuin jotkut toiset. Verrattiin aina satunnaisesti valitun genomiosan sekvenssiä kahden nykyihmispopulaation kesken ja tutkittiin, onko se yhtä monessa kohdassa samanlainen neandertalinihmisen vastaavan sekvenssin kanssa. Jos geenivirta nykyihmisen neandertalinihmisen linjojen välillä lakkasi ennen kuin nykyihmisen eri populaatioiden erilaistuminen alkoi, eron kahden nykyihmispopulaation ja neandertalinihmisen välillä tulisi olla sama. Jos taas erot olisivat erisuuruisia, viittaisi se joidenkin ihmisryhmien risteytymiseen neandertalinihmisen kanssa.

Osoittautui, että neandertalinihmiset ovat geneettisesti yhtä lähellä sekä itä-aasialaisia että eurooppalaisia nykyihmisiä, ja he ovat toisaalta lähempänä näitä kuin afrikkalaisia nykyihmisiä. Toisin sanoen neandertalinihmisillä on useam-

pia yhteisiä johdannaisalleleja ei-afrikkalaisten kuin afrikkalaisten nykyihmisten kanssa. Toisaalta neandertalinihmisellä on sama määrä simpanssista poikkeavia johdannaisalleleja yhtäältä jokaisen kolmen ei-afrikkalaisten ja toisaalta molempien afrikkalaisten populaatioiden kanssa.

Tämän havainnon uskottavin selitys on, että neandertalinihmiset ovat risteytyneet kaikkien ei-afrikkalaisten nykyihmisten yhteisten esivanhempien kanssa silloin, kun nämä elivät Lähi-idässä noin 50 000–80 000 vuotta sitten. Neandertalinihmiset ja nykyihmiset ovat siis saaneet yhteisiä jälkeläisiä, ja nämä jälkeläiset ovat vielä olleet lisääntymiskykyisiä, koska tämän päivän muissa kuin afrikkalaisissa nykyihmisissä on geneettistä materiaalia, joka on peräisin neandertalinihmisestä. Neandertalinihmisten perimään sen sijaan ei ole jäänyt merkkejä tästä risteytymisestä. Toisin sanoen populaatiotasolla geenivirta näyttää olleen yksisuuntainen.

Kahden yksilön risteytyessä saa jälkeläinen luonnollisesti puolet geneeistään kummaltakin vanhemmaltaan. Jos jälkeläinen on lisääntymiskykyinen, ja vanhemmat kuuluvat eri populaatioihin, risteytyy jälkeläinen todennäköisimmin takaisin jompaankumpaan kantapopulaatioon kuuluvan yksilön kanssa, koska näitä on enemmän kuin risteytymäyksilöitä. Kun näin jatkuu edelleen, voi geenivirrasta populaatiotasolla muodostua yksisuuntainen. Näin siis näyttääkin käyneen neandertalinihmisen ja nykyihmisen risteytyessä.

Risteytymisen aiheuttaman populaatiotason geenivirran suunnan selville saamiseksi verrattiin nykyihmisen johdannaisallelien sekä kanta-alleelien määrää neandertalinihmisessä ja kahdessa tutkitussa afrikkalaisessa nykyihmispopulaatiossa. Hyväksi käytettiin sitä tosiasiaa, että Yoruba-heimolaiset ovat lähempänä ei-afrikkalaisia nykyihmisiä kuin San-heimolaiset. Jos geenivirta olisi ollut nykyihmisistä neandertalinihmisiin, tulisi eron San-heimolaisten, neandertalinihmisen ja simpanssin välillä, eli näiden yhteisdivergenssin, olla suurempi kuin Yoruba-heimolaisten, neandertalinihmisen ja simpanssin yhteisdivergenssin. Kuiten-

kin vertailusta saatiin päinvastainen tulos, jonka mukaan Yoruba-heimolaisten, neandertalinihmisten ja simpanssin yhteisdivergenssi oli suurempi. Nämä osoittaa, että geenivirta on tapahtunut yksisuuntaisesti neandertalinihmistä nykyihmisiin.

Kun arvioitiin neandertalinihmisen perimän osuutta ei-afrikkalaisten nykyihmisten perimässä, tutkittiin ensiksi, miten paljon ei-afrikkalaisten nykyihmisten genomeissa on neandertalinihmiselle tyypillisiä johdannaisalleleja. Toiseksi tehtiin vertailun vuoksi kontrollitutkimus, jossa verrattiin erojen määrää kahden neandertalinihmisyksilön välillä. Tulokseksi saatiin, että ei-afrikkalaisten nykyihmisten geenimuodoista 1–4 prosenttia on peräisin neandertalinihmisistä. Toisin sanoen tämä määrä ei-afrikkalaisten nykyihmisten geenien alleeleista on alun perin neandertalinihmiseltä saatuja.

Syy siihen, että geenivirta on tapahtunut yksisuuntaisesti neandertalinihmisestä nykyihmiseen, on Greenin ym. (2010) mukaan seuraava Curratin ym. (2008) havaitsema seikka. Geenivirta on melkein aina paikallisesta, vakinaisesta populaatiosta (tässä tapauksessa neandertalinihmistä) alueelle tunkeutuvaan populaatioon (tässä tapauksessa nykyihmiseen) päin. Tämä taas johtuu siitä, että risteytyemisessä ryhmästä toiseen siirtyneiden geenien joukko on vain pieni pisara suuressa paikallisessa, vakinaisessa neandertalinihmisen populaatiossa, mutta suuri pisara pienessä, alueelle tunkeutuvassa nykyihmisen populaatiossa.

Lopulta vähäininkin risteytyminen voi joutaa sattuman vaikutuksesta melko korkeisiin geenifrekvensseihin aluksi pienessä tunkeutujapopulaatiossa, kun se myöhemmin kasvaa. Kuitenkin risteytyminen neandertalinihmisten ja nykyihmisten kesken on ollut hyvin rajoittunutta, koska se vaikutti niin vähän kuin 1–4 % ei-afrikkalaisten nykyihmisten perimään.

### **Miten neandertalinihmisen ja nykyihmisen poikkeavat toisistaan geneettisesti?**

Kun haluttiin arvioida, miten paljon nykyihmisen ja neandertalinihmisen genomit poikkeavat toisistaan,

niitä verrattiin paitsi keskenään, myös simpanssin genomiin sekä pääteltyyn ihmisen ja simpanssin yhteisen kantamuodon genomiin. Lisäksi simpanssin genomia verrattiin nykyihmisen ja neandertalinihmisen pääteltyyn kantamuotoon.

Yhtäältä verrattiin nykyihmisen sekä tämän ja neandertalinihmisen yhteisen kantamuodon ja toisaalta nykyihmisen ja simpanssin geneettisten erojen määrää eri kromosomeissa. Tällä perusteella päädyttiin arvioon, että nykyihmisen ja neandertalinihmisen autosomien DNA:t erkanivat toisistaan 825 000 vuotta sitten olettaen, että ihmisen ja simpanssin linjat erosivat 6,5 miljoonaa vuotta sitten. Tämä arvio on kuitenkin epävarma, koska arvio ihmisen ja simpanssin kehityslinjojen erkanemisen ajankohdasta ei ole tarkka.

Svante Pääbon johtama tutkimusryhmä (Green ym., 2010) käytti myös neandertalinihmisen genomien sekvenssiä ikään kuin koettimena löytääkseen ne geenimuodot, eli alleelit, jotka tekevät meistä nykyihmisiä. Vaikka nykyihmisen ja neandertalinihmisen genomit ovat 99,84-prosenttisesti identtiset (Gibbons, 2010), voitiin silti löytää useita geenialueita, jotka ovat muuttuneet tai kehittyneet omassa lajissamme sen jälkeen, kun esimuotomme erkanivat neandertalinihmisen linjasta. Nämä olivat geenialueita, joihin kuuluvista geeneistä meillä esiintyy vain oman lajimme johdannaisalleeli, eli siis sellainen alleeli, joka on syntynyt vasta kehityslinjojen erottua, kun taas neandertalinihmisellä esiintyy näillä alueilla simpanssin kanssa yhteinen kanta-alleeli.

Tällaisia eroja nykyihmisen ja neandertalinihmisen välillä esiintyy verraten vähän. Greenin ym. (2010) tutkimuksessa löytyi vain 78 sellaista nukleotidivaihdosta, joka johtaa aminohappovaihdokseen proteiinissa, ja Burbanon ym. (2010) täydentävässä tutkimuksessakin vain 88. Sellaisia geenejä, joissa oli useampi kuin yksi koodattavan proteiinin rakenteeseen vaikuttava nukleotidivaihdos nykyihmistä ja neandertalinihmistä erottamassa, löytyi vain viisi.

Yksi näistä viidestä geenistä vaikuttaa siittiöiden liikkumiseen, toinen näyttää olevan tekemisissä haavojen paranemisen kanssa, kol-

mas vaikuttaa ribosomin proteiineja koodaavien geenien geneettiseen transkriptioon, neljännen tehtävää ei tunneta ja viides on sellainen, joka ilmenee ihon hikirauhasissa, ihokarvojen tupissa ja tietyissä kielen nystyissä.

Lisäksi tutkittiin nukleotidivaihdoksia, jotka aiheuttavat joko proteiinisynteesin uuden lopetuskodonin synnyn tai aloituskodonin häviämisen. (Lopetuskodoni ja aloituskodoni ovat DNA:n koodisanoja, jotka tarkoittavat proteiinisynteesin lopetusta ja aloitusta vastaavasti. Lopetuskodoni esiintyy siis geenin sisältämän viestin lopussa ja aloituskodoni sen alussa). Löytyi uusi lopetuskodoni yhdestä edellä mainituista viidestä geenistä, ja aloituskodonin häviämä kuudennessa geenissä joillakin nykyihmisillä. Kolme näistä kuudesta, erityisen merkityksellisiä muutoksia sisältäneestä geenistä oli sellaisia, jotka ilmenevät ihosoluissa. Tämä viittaa siihen, että ihon morfologiaan ja fysiologiaan kohdistuva valinta on ollut tärkeää eri ihmislajien evoluutiossa.

Kuten edellä on käynyt ilmi, on neandertalinihmisellä ja nykyihmisellä useimmista geeneistä sama johdannaisalleeli, siis alleeli, joka poikkeaa simpanssin vastaavasta. Kuitenkin nykyihmisellä on oma johdannaisalleeli eräistä geeneistä. Tällaisiin geenimuotoihin on mitä ilmeisimmin kohdistunut positiivista valintaa nykyihmisen kehityslinjassa.

Tähän mennessä tällaisia geenimuotoja on löytynyt geeneistä, jotka säätelevät energia-aineenvaihduntaa, ihon ja luuston kehitystä sekä kognitiivisia kykyjä. Viimeksi mainittuihin kuuluu geenejä, joiden tietyt muodot altistavat älylliseen heikkouteen Downin syndroomassa, skitsofrenian kehittymiseen tai autismin syntyyn.

Eräs geeni nimeltä *RUNX2* näyttää erityisen mielenkiintoiselta. Se säätelee nykyihmisellä kallon luiden saumojen myöhäistä sulkeutumista ja muita kallon ja ylävartalon luuston sekä hampaiston kehityksen piirteitä, jotka morfologisesti erottavat meitä neandertalinihmisistä ja muista aikaisemmista ihmislajeista. Näyttää järkevältä olettaa, että juuri tämän geenin evolutiivinen muutos oli tärkeä oman lajimme kehityksessä.

On silti korostettava, että samalla tavalla kuin tärkein geneettinen ero ihmisen ja simpanssin välillä ei niinkään ole itse geeneissä vaan geenien toiminnan säätelyssä, on melko varmaa, että tämä on olennaista myös nykyihmisen ja neandertalinihmisen samanlaisuudessa ja erilaisuudessa. Nämä geenitoiminnan säätelyn erot ovat kuitenkin vielä paljastamatta.

## Ovatko neandertalinihminen ja nykyihminen eri lajeja vai saman lajin alalajeja?

Käsitykset siitä, ovatko neandertalinihminen ja nykyihminen eri lajeja, *Homo neanderthalensis* ja *H. sapiens*, vai saman lajin alalajeja, *H. sapiens neanderthalensis* ja *H. sapiens sapiens* vastaavasti, ovat vaihdelleet vuosikymmenten saatossa. Nyt saatu tulos, jonka mukaan nämä ryhmät ovat risteytyneet, aiheuttaa varmasti jälleen pohdintaa tässä suhteessa. Tutkimuksen tehnyt ryhmä ei ota kantaa tähän kysymykseen, mutta hedelmällisiin jälkeläisiin johtanut risteytyminen painaisi vaakaa kahden alalajin puolelle. Toisaalta se, että risteytyminen oli lyhytaikaista eikä kestänyt ryhmien rinnakkaiselon koko aikaa, panee ajattelemaan muuta.

Itse en ole pätevä ottamaan kysymykseen kantaa, mutta odotan mielenkiinnolla, millainen keskustelu asiasta viriää ja päädytäänkö konsensukseen.

## Kykenivätkö neandertalinihmiset symboliseen ajatteluun?

Kykyä keksiä ja käyttää symboleja on pitkään pidetty vain nykyihmiselle kuuluvana piirteenä (Tattersall, 2009). Toisaalta jo kauan on tiedetty myös neandertalinihmisten käyttäneen koruja, mitä pidetään osoituksena symbolien tajusta. On kuitenkin uskottu, että he ovat menetellessään näin matkineet nykyihmistä. Kuitenkin aivan äskettäin on raportoitu arkeologisista löydöistä Iberian niemimaalta ajalta ennen kuin nykyihminen oli saapunut Eurooppaan, jotka viittaavat siihen, että neandertalinihmiset ovat itse kyenneet keksimään ja käyttämään symboleja (Zilhão ym., 2010). Kahdesta eri kohteesta nimittäin löydettiin noin 50 000 vuotta vanhoja rei'itettyjä

ja pigmenteillä värjäytyneitä merisimpukoiden kuoria, joiden tulkittiin olleen riipuksia ja kasvomaaliastioita.

Neandertalinihmisillä on *FOXP2*-nimisestä geenistä sama muoto kuin nykyihmisellä. Tämän geenimuodon ja sen tuottaman proteiinin tiedetään liittyvän puhekykyyn (katso Portin, 2008). Toisaalta neandertalinihmisen ääntöelimistö sopii puheen tuottamiseen vain huonosti (katso esim. Aaltonen & Portin, 2010), ja *FOXP2* on vain yksi niistä oletetkin monista toistaiseksi tuntemattomista geneistä, jotka säätelevät puhekykyä.

Kuten edellä on mainittu, neandertalinihmisen perimä poikkeaa jonkin verran nykyihmisen perimästä niiden geenien osalta, jotka säätelevät kognitiivisia kykyjä. Silti geneejiä koskeva tieto ei anna vastausta siihen, kykenikö neandertalinihmisen symboliseen ajatteluun. Kuitenkin he melko varmasti käyttäytyivät tavalla, joka viittaa tähän, koska he mitä ilmeisimmin keksivät itse käyttäjä koruja ja maalata kasvojaan.

## Lopuksi

On suorastaan fantastista, että neandertalinihmisen genomi on pystytty kokonaan selvittämään yli 30 000 vuotta vanhojen fossiilien perusteella vain kymmenen vuotta sen jälkeen, kun nykyihmisen genomien luonnos valmistui. Nyt saatuun tulokseen pohjautuva vertaileva geenitutkimus on jo paljastanut osan oman lajimme geneettisistä erikoispiirteistä ja jatkotutkimukset tulevat antamaan lisävalaistusta tähän kysymykseen. Erittäin mielenkiintoinen on luonnollisesti myös se tutkimustulos, jonka mukaan neandertalinihmiset ja nykyihmiset ovat kauan sitten saaneet yhteisiä jälkeläisiä, jotka olivat vieläpä lisääntymiskykyisiä. Tämä havainto ei voi olla vaikuttamatta pohdintoihin neandertalinihmisen ja nykyihmisen taksonomisesta suhteesta.

Seuraavaksi ihmisen sukupuussa voitaneen odottaa neandertalinihmisen ja nykyihmisen oletetun yhteisen kantamuodon, heidelbergin ihmisen (*Homo heidelbergensis*), geenikartan valmistumista, jolloin myös varmistuu sen

asema siinä kehityslinjassa, joka on johtanut nykyihmiseen.

## Kirjallisuus

- Aaltonen, O., Portin, P. (2010). Puheen evoluutio ja kehitys kommunikaatiomuodoksi. Teoksessa Korpilahti, P., Aaltonen, O. & Laine, M. (toim.), *Kieli ja aivot*. Kognitiivisen neurotieteen tutkimuskeskus. Turun yliopisto, 11–21.
- Burbano, H.A., Hodges, E., Green, R.E. ym. (2010). Targeted investigation of the Neanderthal genome by array-based sequence capture, *Science* 328: 723–725.
- Currat, M., Ruedi, M., Petit, R.J., Excoffier, L. (2008). The hidden side of invasion: Massive introgression by local genes. *Evolution* 62: 1908–1920.
- Finlayson, C., Pacheco, F.G., Rodriguez-Vidal, J. ym. (2006). Late survival of Neanderthals at the southernmost extreme of Europe. *Nature* 443: 850–853.
- Gibbons, A. (2010). Close encounters of the prehistoric kind. *Science* 328: 680–684.
- Green, R.E., Briggs, A.W., Krause, J. ym. (2009). The Neanderthal genome and ancient DNA authenticity. *EMBO Journal* 28: 2494–2502.
- Green, R.E., Krause, J., Briggs, A.W. ym. (2010). A draft sequence of the Neanderthal genome, *Science* 328: 710–722.
- Green, R.E., Krause, J., Ptak, S.E. ym. (2006). Analysis of one million base pairs of Neanderthal DNA. *Nature* 444: 330–336.
- Grün, R., Stringer, C., McDermott, F. ym. (2005). U-series and ESR analyses of bones and teeth relating to the human burials from Skhul. *J. Hum. Evol.* 49: 316–334.
- Hoffecker, J.F. (2009). The spread of modern humans in Europe. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106: 16040–16045.
- Hublin, J.J. (2009). The origin of Neanderthals. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106: 16022–16027.
- Noonan, J.P., Coop, G., Kudaravelli, S. ym. (2006). Sequencing and analysis of Neanderthal genomic DNA. *Science* 314: 1113–1118.
- Portin, P. (2008). Neandertalinihmisen ja nykyihmisen suhde molekyyliogenetiikan valossa. *Tieteessä tapahtuu* 26, 1: 15–20.
- Tattersall, I. (2009). Human origins: Out of Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 106: 16018–16021.
- Wall, J.D. & Kim, S.K. (2007). Inconsistencies in Neanderthal genomic DNA sequences. *PLoS Genetics* 3: e175.
- Zilhão, J., Angelucci, D.E., Badal-Garcia, E. ym. (2010). Symbolic use of marine shells and mineral pigments by Iberian Neanderthals. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 107: 1023–1028.

Kiitän ystävääni professori emerita Marja-Liisa Savontausta käsikirjoituksen kriittisestä lukemisesta ja monista parannusehdotuksista.

**Kirjoittaja on Turun yliopiston perinnöllisyystieteen professori (emeritus).**