**Применение Нейронных Сетей в изучении эволюции человека**

**на примере американских аборигенов**

**Ольга Долгова**

*Population GenomicsGroup, Centre Nacional d’AnàlisiGenòmica (CRG-CNAG), Barcelona, Spain*

*\*e-mail: olga.dolgova@crg.es*

История заселения американских континентов в последние десятилетия была предметом горячих дискуссий. Консенсусная точка зрения о населении Северной и Южной Америки заключается в том, что предки современных индейцев вошли в Америку из Сибири по суше через Берингов пролив, и это произошло не менее 14,6 тысяч лет назад. Однако количество, объём и сроки миграций в Америку остаются спорными, причем противоречивые интерпретации основаны как на археологических находках, так и на анатомических и генетических наблюдениях. Наша цель - выявить демографические процессы в эволюционной истории американских коренных популяций, включая множественные события скрещиваний с древними и даже неизвестными архаичными популяциями, обнаружив следы интрогрессии ДНК древних видов *Homo* в геноме современных аборигенов. В том числе мы решили пролить свет на самый интригующий вопрос: были ли действительно представители *H. sapiens* первопроходцами в освоении американских континентов.

Для ответов на поставленные вопросы нами был разработан новый статистический метод, основанный на сочетании глубокого обучения нейронных cетей (DeepLearning, DL) с приближенным байесовским вычислением (Approximate Bayesian Computation, ABC). Этот метод эффективно решает распространённые проблемы байесовского вычисления, связанные с избыточностью сводной статистики (Summary Statistics, SS). В качестве SS мы использовали многомерный частотный спектр (Site Frequency Spectrum, SFS) на основе~30 000 межгенных участков, ~ 49 Kб в длину в среднем и свободных от островов CpG, чтобы избежать влияние естественного отбора. Нами были разработаны шесть моделей, симулирующих скрещивания с архаичными популяциями, включая события интрогрессии из неизвестных популяций, для последующего тестирования (200 000 симуляций на модель). Мы подготовили 100 искусственных нейронных сетей, которые формируют четырёхуровневую систему DL, с тем чтобы вывести наиболее информативные SS и уменьшить количество необходимых симуляций.

Оценка апостериорных вероятностей для шести моделей выявила следы интрогрессии из популяции неизвестного архаичного вида с датировкой, совпадающей с археологическими оценками перехода Берингового пролива, по крайней мере, у трёх популяций коренных американцев. Следовательно, гипотеза межвидовых скрещиваний между *H. sapiens* и неизвестным архаичным видом после переселения предков коренных аборигенов на американские континенты не может быть отклонена. Также были получены распределения и средние значения для каждого из 51 популяционных параметров, многие из которых подтверждены в предыдущих исследованиях, что доказывает устойчивость результатов вычисления с помощью нейронных сетей.