Генетический фундамент расы

Елена Балановская

Мнение эксперта к материалу "Сбросить расы с парохода генетики?"

ссылка «Сбросить расы с парохода генетики?»

Публикуем статью генетика д.б.н. Е.В. Балановской (вернее, раздел в сборнике «Проблема расы в российской физической антропологии» [М., Институт этнологии и антропологии РАН, 2002]). Сегодня эта статья, к сожалению, не менее актуальна, чем пятнадцать лет назад: недавно Science опубликовал статью с предложением отказаться от понятия «раса» в генетических исследованиях. И это при том, что именно генетические исследования доказывают реальность существования рас.

Две точки зрения на расы

Может быть два способа генетического видения расы. При первой – пессимистической — точке зрения предполагается, что расовая классификация населения опирается только на ту горстку генов, что лежат в основе расовых признаков. Поскольку эти гены охватывают ничтожную часть всего генома, то и расы описывают ничтожную часть всего генофонда популяций человека. Из этого следует, что расы представляют слишком частный интерес при изучении истории генофонда, чтобы расовым классификациям придавать сколько-нибудь важное генетическое значение. Иными словами, генетический фундамент мал, ненадежен, и потому расы просто неинтересны с точки зрения генетики.

Вторая – оптимистическая – точка зрения предполагает, что совокупность расовых признаков отражает репрезентативную выборку генов из генома и, вследствие этого в значительной степени может характеризовать географическую изменчивость генофонда человека в целом. Иными словами генетический фундамент столь глубок и обширен, что расовая классификация популяций дает ценную информацию об истории популяций человечества и их генофонде. Если эта точки зрения верна, то генетика и антропология изучают одно и то же строение, но разными способами. Генетика пытается от изучения фундамента, от генетических основ и конструкций перейти к пониманию архитектоники генофонда во всей его сложности. А антропология исходит из антропологического покрова, т.е. от познания облика и стиля здания переходит к познанию его замысла, происхождения и истории, к пониманию структуры народонаселения. Однако необходимо найти язык перевода научных знаний, на котором обе науки могут объективно сравнить свои результаты и обсудить свои итоги.

Существуют разные способы проверить, какая же из точек зрения — пессимистическая или оптимистическая — более верна.

Одним из испытанных способов является сравнительный анализ двух величин генетических различий: между расами и между популяциями в пределах рас. Идеология этого способа проста, и мы попробуем ее изложить в несложных обозначениях и цифрах, чтобы читатель в столь спорном вопросе сам мог выбрать верную точку зрения.

Возьмем очень большую совокупность генетически изученных популяций мира и рассчитаем общую величину их генетических различий, которая будет численно равняться средним различиям между двумя случайно выбранными популяциями (и обозначим эту величину F_{ST}=F0). Затем разделим – чисто случайным образом – всю совокупность популяций на три случайные группы. Рассчитаем величину генетических различий популяций в пределах каждой группы (и обозначим их F_{ST}=F1); теперь рассмотрим каждую группу как нечто целое со своими генетическими характеристиками и рассчитаем различия между группами (обозначим эти различия между группами F_{ST}=F2). При этом, как доказывается в теории популяционной генетики, всегда F1 + F2 = F0, т.е. общая величина генетических различий F0 в сумме всегда остается прежней: она лишь подразделяется на две части F1 и F2. Если популяций было достаточно много, и они были разделены на группы случайным образом, то каждая группа представляет собой случайную выборку из тотальной (генеральной) совокупности. И тогда (следуя всем канонам статистики) изменчивость популяций в каждой подгруппе останется той же, какой она была в тотальной совокупности (F1=F0). С другой стороны, это означает, что генетические различия между самими случайно выделенными подгруппами (F2) равны нулю (F2=0).

Однако если популяции будут попадать в ту или иную группу неслучайно, если все генетически сходные популяции будут отбираться и помещаться каждая в свою группу, иными словами, если мы выделим группы не случайным образом, а в соответствии с нашими предположениями об истории формировании генофонда, то F2 уже может стать величиной, отличной от нуля. И чем больше генетический фундамент выделенных групп, тем больше F2 будет отличаться от нуля и приближаться по своей величине к F1, так что в идеальном случае общая величина генетических различий F0 будет подразделена примерно на две равные части: F1 = F2 (если наши группы по своему «рангу» иерархии намного выше ранга популяций).

Таким образом, мы получаем в руки инструмент для проверки гипотез: применяя ту или иную классификацию популяций, мы

по соотношению F1 и F2 можем определить генетический фундамент классификации. Возьмем, к примеру, такой анализ расовой классификации из классической работы (Levontin, 1972), на которую столь часто ссылаются при анализе генетических основ расы. К сожалению, им были включены в анализ по разным генам чрезвычайно разное число народов (от 10 до 101) и, соответственно, разное число больших рас (от трех до семи рас), что может вызвать значительные случайные колебания в оценках изменчивости по разным генам. Но даже когда изучено одно и то же число народов мира и рас, оценки по разным генам варьируют чрезвычайно. Так, например, для групп крови AB0 (70 народов шести рас) изменчивость этносов в пределах расы оказалась намного выше, чем различия между расами (то есть F1>>F2, а именно: F1=6.3, F2=3.0, F0=9.3); а для групп крови Резус (61 народ шести рас), соотношение оказалось прямо противоположным: различия этносов в пределах расы в три раза меньше, чем различия между расами (то есть F1<<F2, а именно F1=7.3, F2=25.3, F0=32.6). Однако в среднем (по 14 генным системам) оценка генетических различий между народами мира составила`F0=14.6; между народами в пределах рас`F1=8.3; генетические различия между расами`F2=6.3. Учитывая столь огромные колебания оценок по разным генам (например, различия по F0 по разным генам превышают стократные: от F0=0.3 до F0=36.4, по F1 – десятикратные, по F2 – вновь стократные различия), можно считать, что в среднем получено соотношение примерно соответствующее равенству F1 и F2. Такое соотношение (F1 = F2), как мы видели выше, означает, что расовая классификация хорошо отражает историю генофонда человечества и формирование его подразделенности на генетически своеобразные группы, или иными словами, что большие расы имеют глубокий генетический фундамент. Напомним, что если бы расы были «безразличны» к генофонду (если бы расы и генофонд отражали совершенно разные, независимые явления), то различия между расами должны были бы быть равны нулю (F2=0), а не вбирать в себя половину всех накопленных за время эволюции Homo Sapiens различий между популяциями мира (как это оказалось на самом деле: F1 = F2)[1].

Это исследование (как и ряд аналогичных) основаны на анализе классических генных маркеров. Позднее молекулярно-генетические (ДНК) маркеры лишь подтвердили выявленную ранее картину. Например, при обобщающем анализе 16 популяций мира по 109 ДНК маркерам (Barbujani et al., 1997) получены следующие оценки: F0=15.6; F1=4.7; F2=10.8. Это означает, что при той же, что и по классическим маркерам, оценке общих различий между популяциями (F0=16), различия между расами (точнее, континентами) не только отличны от нуля (F2>0), но и в два раза превышают различия популяций внутри рас (F2>>F1). Иными словами по данным молекулярной генетики генетический фундамент рас оказался даже в два раза более обширным и глубоким, чем предполагалось по данным классической генетики. Таким образом, можно констатировать, что изучение и классических, и ДНК маркеров в населении мира подтвердило генетический фундамент рас.

Однако такие «валовые» оценки – народы мира, большие расы, человечество – слишком общие, а инструмент анализа оказывается слишком грубым и идеологически направленным. Намного важнее рассматривать конкретные регионы и решать уже научные вопросы. Например, отражает ли данная антропологическая классификация в данном регионе историю формирования регионального генофонда? И здесь мы уже имеем возможность сравнивать разные классификации – антропологические, лингвистические, этнографические, конфессиональные – по степени их соответствия подразделенности генофонда. При этом мы предполагаем, что генофонд хранит генетическую память, и его подразделенность в какой-то степени (хотя всегда неизвестно – в какой) отражает узловые моменты древней истории населения, а классификации — каждая в своей мере — реконструирует тот же путь. И мы можем использовать генетику как универсальную количественную меру сравнения классификаций.

Что же оказывается? Что в одних регионах – например, в коренном населении Сибири – расовая классификация намного менее генетически эффективна, чем лингвистическая и даже конфессиональная (классификация по шаманским бубнам). В других регионах – Кавказ, Урал (по классическим генным маркерам), Южная Сибирь и Средняя Азия (по молекулярно-генетическим маркерам) – напротив, антропологические классификации более эффективны, чем лингвистические, и соответствуют требованиям к «идеальной» реконструкции истории генофонда, узловых моментов его формирования. Такие сравнения, основанные на строгих научных подходах, убедительно показывают, что расовые признаки опираются на репрезентативную выборку генов из генома и поэтому могут характеризовать географическую изменчивость генофонда, его подразделенность.

Это означает, что оптимистическая точка зрения на генетическую основу расы получила разнообразные подтверждения, как для генофонда человечества в целом (большие расы), так и для отдельных регионов (малые расы). В тех редких случаях, когда расовые классификации оказываются генетически мало эффективными, то встает вопрос о возможном уточнении данной антропологической классификации, а не о том, что расы вообще лишены генетического фундамента[2]. Иными словами, сотрудничество между генетикой, антропологией и другими науками о человеке позволяет успешно изучать историю генофондов различных групп народонаселения, расовый состав населения уже не требует все новых доказательств своего генетического фундамента, а расовые классификации (антропологические типы) служат одним из эффективных инструментов при анализе генофонда.

Расы проявляются на картах

Однако попробуем сделать еще один шаг, и сравнить генофонд и расы не только единым числом, но и увидеть их зрительные

образы. Статистические показатели, численно выражая многообразие популяций, конечно, просты и удобны, однако пространственная изменчивость народонаселения требует своего воплощения и на карте. Когда мы переходим от статистических характеристик рас и генофондов к картам их географической изменчивости, то мы можем проверить выше изложенные выводы намного более чувствительным инструментом. Карта дает уже не некую среднюю величину, единое число, а показывает, как реально меняется и генофонд, и антропологический покров и во всем ареале, и в каждой из множества конкретных точек пространства. И здесь мы уже своими глазами можем увидеть закономерности географической изменчивости.

Что же нам показывают карты? Удивительное сходство в пространственной изменчивости и антропологического покрова, и генофонда. Причем это сходство выявляется для регионов самых разных иерархических уровней.

Например, для генофонда Северной Евразии (или проще – бывшего СССР) такое сходство можно было ожидать: на этой территории «встречаются» запад и восток, Европа и Азия, две большие расы – монголоидная и европеоидная. Однако если перейдем к рассмотрению лишь одной части этой огромной территории – к Восточной Европе, мы вновь обнаруживаем, что карты первых главных компонент (то есть главные тренды изменчивости) и антропологических, и генетических признаков демонстрируют одну и ту же картину пространственной изменчивости. А такое совпадение уже является неожиданным – территория Восточной Европы не столь велика и не имеет каких-либо серьезных географических преград в распространении генов. Напротив, Восточная Европа впитала столько разновременных и разнонаправленных потоков миграций, и при этом практически все ее население относится к разным вариантам одной европеиодной расы, так что трудно было ожидать соответствия в изменчивости вариантов антропологического типа и генофонда. И тем не менее компьютерное картографирование выявило полный параллелизм в изменчивости антропологических и генетических признаков.

Более того, если мы перейдем на самый дробный уровень иерархии и рассмотрим изменчивость в пределах лишь одного – русского – народа Восточной Европы, который антропологически является достаточно гомогенным, то мы вновь обнаружим все то же удивительно сходство в пространственной изменчивости генофонда и «антропофонда». При этом основной вектор изменчивости русского народа («север-юг») оказался совершенно иным, чем народов Восточной Европы в целом («запад-восток»). И, тем не менее, этот вектор совершенно одинаков и на картах русского генофонда, и на картах, построенных по данным антропологии русского народа – как по данным соматологии, так и на картах по данным дерматоглифики (хотя кожные узоры, вероятно, опираются на значительно меньшую часть генома).

Таким образом, геногеографические карты позволили обнаружить параллелизм в пространственной изменчивости антропологических и генетических признаков в регионах самых разных иерархических уровней. Мощные современные геногеографические технологии выявили соответствие в изменчивости генофонда и больших рас, генофонда и малых рас, генофонда и даже самых детальных антропологических вариантов. Эти результаты намного более убедительно, чем статистические выкладки, свидетельствуют о справедливости «оптимистической» точки зрения на генетическую основу рас, на их значительный генетический фундамент.

Разнообразие антропологическое и генетическое

Более того, переходя к комплексному геногеографическому анализу данных генетики и антропологии, мы можем анализировать генетический фундамент конкретных антропологических типов (малых рас). Например, для генофонда Кавказа статистическими методами была показана, как мы говорили выше, высокая информативность расовой классификации. Однако геногеография позволяет проследить, каков генетический фундамент не расы вообще, а каждой из малых рас Кавказа. Оказалось, что все расы, кроме одной, согласуются с данным генетики: популяции, включаемые в одну расу, оказываются близкими и по своим генофондам. Но при этом выяснилось, что одна раса (кавкасионская, объединившая популяции чеченцев, ингушей, осетин, балкарцев, карачаевцев и грузин) не обладает генетическим своеобразием, у нее отсутствует собственный генетический фундамент, свой собственный «генетический портрет». Это факт, обнаруженный при совместной работе антропологов и генетиков, является уже отправной точкой для дальнейшей общей работы по изучению истории сложения населения Кавказа. А сам комплексный анализ свидетельствует о реальной научной плодотворности сотрудничества генетики и антропологии.

Однако возникает вопрос, если все так хорошо, если генетическое и антропологическое отражения структуры населения оказываются столь сходными при столь разных вариантах анализа и в столь разных генофондах, то из чего же родился миф о коренном противоречии данных генетики и антропологии? К сожалению, ответ на этот вопрос уводит нас навсегда за пределы науки – в область идеологии, мировоззренческих установок. Мы не случайно так подробно привели выше данные классической и очень часто цитируемой работы известного генетика (Р. Левонтина) по соотношению генетической изменчивости популяций внутри рас (F1) и между расами (F2). Мы видели, что результаты работы убедительно свидетельствуют о генетической реальности рас (F1 = F2). Однако автор делает прямо противоположный вывод: расы не имеют генетического значения (и именно на этот вывод, а не на реальные результаты работы, предпочитают ссылаться столь многие нелюбители рас). Как можно, получив доказательства генетической реальности рас, сделать противоположный вывод?

Просто «забыть» о нем и перейти на другой – не популяционный, а организменный уровень изменчивости.

Как это сделать? Напомним, что величина суммарных межпопуляционных различий (F0) составила F0 = 15. Это означает, что для человечества примерно 15% генетической изменчивости соответствует различиям между всеми популяциями мира, а примерно 85% — приходится на различия между организмами (точнее даже – между наборами генов, переданными от каждого из родителей, т.е. эти различия могут включать еще и внутри индивидуальную изменчивость, поскольку у каждого индивида имеется два таких набора генов). Примерно такое же соотношение – 15% и 85% — получено множеством иных авторов, для иных популяций мира, иных наборов генов (в том числе, и для молекулярно-генетических) и на основе иных мер генетического разнообразия (Левонтин использовал общую Шенноновскую меру информации, но существует ряд уточненных мер, специально предназначенных для измерения генетического разнообразия). Таким образом, можно считать, что такое соотношение – 15% и 85% — наша видовая характеристика. Она находится в общем ряду, характерном для других видов живых организмов с половым размножением, хотя имеется и значительный разброс: некоторые близкородственные виды резко различаются по соотношению внутрипопуляционной (т.е. индивидуальной) и межпопуляционной изменчивости, а многие таксономически далекие виды оказываются близки по этому соотношению и друг к другу, и к человеку. Итак, эта характеристика не имеет никакого отношения к вопросу о расе, а является видовой специфичностью.

И так как на различия между членами одной группы приходится основная часть общего разнообразия, а на различия между группами – много меньшая (15%), то делается (вполне правильный) вывод, что принадлежность индивида к той или иной группе лишь в незначительной степени определяет его генотип. Далее на этом основании постулируется генетическая незначимость классификации индивидов в группы (в конце данного раздела мы покажем, как сама молекулярная генетика опровергла этот постулат). При таком подходе объявляются несущественными все межпопуляционные различия вообще (F0), то есть фактически отрицается существование популяций (и, в частности, рас, как популяций определенного иерархического уровня). Можно, разумеется, поставить вопрос так: если основная часть изменчивости приходится на организменный (межиндивидуальный или даже межгеномный) уровень организации, а на популяционный уровень приходится лишь 15% генетической изменчивости, то существуют ли популяции? (правда, далее должен последовать вопрос, существуют ли индивиды?). Можно, разумеется, вопреки данным науки и здравому смыслу, считать, что популяционный уровень организации отсутствует и у человека, и у большинства видов животных. Можно, разумеется, пойти и дальше, и, например, на основании того, что межзвездное пространство (по аналогии с межиндивидуальным) составляет основную часть Вселенной (более 90%), считать существование звезд и планет несущественной деталью (поскольку менее 10%) Вселенной. А различия между черными дырами, желтыми карликами, сверхновыми звездами и скромными планетами, вроде нашей Земли (по аналогии с межпопуляционными различиями) принять незначительными и неважными (< 10%) по сравнению с всепоглощающей пустотой (>90%) межзвездного пространства. Такой агностицизм и в генетике, и в астрономии – дело установок и мировоззрения, он выходит за рамки чистой науки, и потому научные контраргументы бессмысленны.

Однако единственное, что не уже не вненаучно, а антинаучно, и что ученый не имеет права делать в такой печальной ситуации – это делать вывод об отсутствии не всех типов популяций (во всем бесконечном множестве их проявлений), а об отсутствии только лишь одних рас (единственном типе популяций, который идеологически значим). И все же осуществляется именно такая подмена – отсутствие популяционного уровня как такового если и звучит, то между строками, а в выводы, которые затем широко цитируются научной и ненаучной общественностью, выносится отсутствие одних лишь рас, так как отрицать существование рас – престижно и конъюктурно, а например, отрицать существование народов – отнюдь не всегда безопасно и не всегда будет одобрено широкими массами, все еще ориентирующимися на здравый смысл.

Мы привели в пример лишь одну работу. Но именно при помощи такой подмены (популяционного уровня организации материи организменным уровнем) генетические работы, в которых все основные результаты доказывают генетическую реальность существования рас (F1 = F2 и даже F1 << F2), используются — вопреки своим научным результатам — для обоснования идеологической позиции отсутствия рас.

Не менее печальные подмены или умолчания делаются при сравнении «родословных» деревьев популяций, построенных по данным генетики, и расовых классификаций. Дело в том, что такие генетические деревья могут служить лишь подспорьем для визуального представления результатов, но никак не для проверки гипотез. Форма этих деревьев и объединение изученных популяций в те или иные группы решительно зависит от целой группы факторов: от выбранной меры генетических расстояний между популяциями, от избранного способа перехода от матрицы генетических расстояний к «родословному» древу, от количества и набора генов и т.д. В зависимости от меры расстояний, алгоритма построения древа и конкретных генов для одних и тех же популяций можно получить широкий спектр разнообразных генетических деревьев (рощу). Из этого множества деревьев (отражающих множество гипотез генетического родства популяций) мы можем отобрать те, которые буду соответствовать расовым (или иным) классификациям, или же те, которые расовым классификациями соответствовать не будут. И то, и другое является результатом авторской позиции (не хочется сказать – произвола) и не может служить научным аргументом ни в пользу пессимистической, ни в пользу оптимистической точки зрения на генетическую реальность расы.

Когда такие генетические родословные деревья сравниваются «нелюбителями рас» с расовыми классификациями, все внимание уделяется обнаруживаемым расхождениям, совпадения игнорируются и делается вывод о «генетической несостоятельности концепции расы». Когда же, например, те же генетические деревья сравниваются с лингвистическими

классификациями (общепринятыми в генетике), то внимание акцентируется уже на сходстве, а не на различиях, которых и здесь немало.

Но непродуктивность таких сравнений лежит глубже субъективности интерпретации – в безоговорочном приятии любого генетического древа как критерия истины, как воспроизведения истинного древа происхождения и родства популяций. Авторов такого рода критических разборов, не смущает, что если мы будем столь же прямолинейно, как при сравнении с расами, анализировать сами «генетические деревья» (даже самые известные, например, Cavall-Sforza et. al., 1994), то обнаружим длинный ряд аномалий: саамы соседствуют с сардинцами, баски с исландцами, русские с шотландцами, а чехи с норвежцами. Подобные аномалии, находящиеся в противоречии со всей совокупностью данных об этногенезе этих народов, не мешают заинтересованным авторам принимать такие генетические деревья в качестве эталонов при критике расовых классификаций. Остается лишь констатировать, что генетические деревья не могут служить объективным научным критерием для проверки классификаций, и анализ таких сравнений уводит нас далеко за пределы науки. И если мы намерены оставаться в ее рамках, нам следует привести иные аргументы.

Но самое печальное, когда в одних и тех же работах для доказательства пессимистического подхода объединяются оба типа аргументации – и соотношение внутригрупповой и межгрупповой изменчивости (где критика рас целиком построена на отрицании популяционного уровня организации у человека); и «родословные» деревья (целиком построенные на анализе именно популяционного уровня организации). Такая «всеядность» более всего и свидетельствует об отсутствии научного подхода к анализу генетического фундамента расы, об ненаучной адаптации к общественному климату, когда «всякое лыко в строку», когда поиск научной истины подменяется направленным (сознательным и бессознательным) подбором даже в принципе противоречивых фактов и ссылками на авторитет модной науки.

Хотели доказать одно, но получилось другое

В заключение, чтобы не утомлять читателя разбором множества работ, приведем лишь еще одну из последних *(к моменту написания статьи — Ред.)* молекулярно-генетических статей, выводы которой отрицают генетические основы расы, а сами результаты — однозначно и очень любопытно свидетельствуют о противоположном. Такие свидетельства, как и рассмотренная выше работа Р. Левонтина, чрезвычайно ценны. Мы могли бы с недоверием отнестись к аргументации сторонников генетической основы рас (к сожалению, когда обсуждение проблемы «Есть ли раса?» переходит на уровень школьных диспутов на тему «Есть ли Бог?», уже с недоверием начинаешь относиться к аргументам любой стороны). Однако когда противники генетической основы рас, вопреки собственной идеологической позиции, приводят стройные доказательства существования такой генетической основы, то этим доказательствам можно доверять.

В рассматриваемой статье [Wilson et al., 2001] анализируется связь между «географическими типами генетической изменчивости» и реакцией на лекарства (РНЛ), а именно — проводится сопоставление генетической структуры популяций мира и распределения различных вариантов ферментов метаболизма лекарств (ФМЛ) среди выявленных генетических кластеров (групп) изученных индивидуумов. Авторы приходят к основному выводу, что «общепринятые этнические метки» (под которыми подразумеваются большие расы!) «недостаточны и не точно отражают выявленные генетические кластеры».

Рассмотрим, что же получено на самом деле? По 39 генам (39 микросателлитным локусам первой и X хромосомы) изучены 354 индивида, представляющие 8 популяций мира – бантуязычная (Южная Африка), эфиопская (из Аддис-Абебы), евреи-ашкенази, армяне, норвежцы, китайцы, папуасы Новой Гвинеи и «афро-карибы», привезённые в Лондон. Под «традиционными этническими метками» — увы!- подразумеваются вовсе не этносы, а три большие расы – негроиды (к которым, по мнению авторов, почему-то относятся не только банту и «афро-карибы», но и эфиопы!), европеоиды (норвежцы, евреи-ашкенази, армяне) и монголоиды (к которым, по мнению авторов, кроме китайцев, относятся и папуасы Новой Гвинеи!).

Сначала полученные генетические характеристики всех изученных индивидов были объединены в общую группу. А затем был применен следующий подход: «вслепую» формировались генетические группы – кластеры — на основании только генетических данных об этих индивидах, при полном игнорировании их истинной популяционной принадлежности. В результате все индивиды подразделились по четырем кластерам. Сравнение этой схемы генетического сходства индивидов с привлекаемыми на этом этапе данными об их популяционной принадлежности привело к следующей картине: четыре кластера соответствуют четырем географическим областям, названными авторами как: Западная Евразия, Африка южнее Сахары («Субсахара»), Китай и Новая Гвинея. При этом 62% эфиопов попали в кластер «Западная Евразия», в который вошли также евреи, армяне и норвежцы. Из этого авторы делают совершенно справедливый вывод, что «помещение эфиопов в разряд негроидов неверно отражает генетическую структуру». При этом, как и следовало ожидать из расовой классификации, 24% эфиопов располагаются в кластере «Субсахары» вместе с банту и большинством «афро-карибов» (самое удивительное, что всего лишь 1% «афро-карибов Лондона» располагается в кластере Западной Евразии!). Наконец, (цитирую): «китайцы и новые гвинейцы почти все расположены в отдельных кластерах, что указывает на то, что этническая метка “азиаты“ или “монголоиды“ не точно описывает их популяционную структуру». Авторы не подозревают, что под эти заявлением с чувством

глубокого удовлетворения подпишется любой расовед.

Мы специально так подробно изложили полученные результаты, что к ним просто нечего добавить – у любого, даже поверхностно знакомого с классификациями рас человека, не может не вызвать изумления, как удивительно точно столь малочисленные и не совсем корректные исходные данные соответствуют расовым классификациям! Возьмем к примеру, классификацию В.В. Бунака. Эфиопы (которые всегда относятся к расе промежуточной между типичными европеоидами и негроидами) входят у него в кушитскую ветвь западного ствола, т.е. европеоидов (соответствующего в рассматриваемой статье кластеру «Западной Евразии»), тяготея при этом к африканской ветви тропического ствола (кластер «Субсахары»). Такое положение эфиопов в расовой классификации полностью подтверждено авторами статьи, где основная часть «эфиопских» генов (62%) вошла в кластер «Западной Евразии», а меньшая часть (24%) – в кластер «Субсахары».

Столь же полное соответствие расовой классификации показано и для коренного населения Новой Гвинеи. Новая Гвинея, второй (после Гренландии) по величине остров Земли является крупнейшей частью Меланезии – «Черных островов», при названии которых сразу всплывает в памяти, что ее население, представленное меланезийской и папуасской расами, разными авторами может сближаться с австралоидами или же с негроидами, но никогда никем не относилось к монголоидам и тем более к «азиатам», как пишут авторы рассматриваемой статьи. В.В. Бунак относит обе эти расы к океанийской ветви тропического ствола, которая в расовом отношении чрезвычайно удалена от монголоидов (составляющих восточный ствол по В.В. Бунаку). Таким образом, выделение генотипов населения Новой Гвинеи в самостоятельный кластер, не имеющий отношения к китайцам, полностью соответствует любым расовым классификациям. В отношении же «афро-карибов Лондона» можно лишь вновь удивляться, что, несмотря на столь причудливый путь миграций, они сохранили генетическую память о своей исторической прародине, и практически полностью вошли в кластер «Субсахары».

Если бы провести эксперимент и предложить любому, даже приблизительно знакомому с расовыми классификациями исследователю, предположить, как, в согласии с представлениями расоведов, изученные индивиды должны разделиться на 4 кластера, он бы подразделил именно так, как описывают авторы статьи (лишь «афро-карибы» вызвали бы затруднение, поскольку нельзя предсказать, каков был поток чужеродных генов на их пути из Африки в Лондон). Однако даже при таком удивительном соответствии полученных результатов расовой классификации авторы делают вывод о несостоятельности расовой классификации – и всего лишь потому, что они ее просто не знают.

Подводя итог, можно сформулировать четыре принципиальных вывода из анализа рассмотренной статьи [Wilson et al., 2001].

Во-первых, авторы, вопреки собственной идеологической позиции, **используя данные молекулярной генетики, получили полное подтверждение расовой классификации** (методами объективной кластеризации индивидов).

Во-вторых, такое п**олное соответствие расовой классификации получено не по популяционным данным, а по индивидуальным** (напомним, что кластеризовались конкретные гены индивидов, полученные ими от одного из родителей). Этот вывод является важнейшим аргументов против сторонников «пессимистического взгляда» на генетическую основу расы. Напомним, что Р. Левонтиным и целым рядом его последователей на основании видового соотношения индивидуальной (85%) и межгрупповой изменчивости (15%) делается вывод о генетической незначимости расы (наряду со всем популяционным уровнем организации у человека). Иными словами, из этого соотношения, полученного при анализе популяций, делается вывод, что индивидуальная генетическая изменчивость многократно перекроет все расовые различия. Мы видим, что независимая проверка этого вывода, проведенная именно на индивидуальном уровне и сторонниками той же идеологической позиции, дала результаты, этот вывод полностью опровергающие. Таким образом, объективная классификация (кластеризация) индивидуальных генотипов по ДНК маркерам практически полностью соответствует расовой классификации. Это означает, что **расовый уровень организации генетически значим даже при анализе индивидуального геномного разнообразия.**

В-третьих, результаты работы показали, что генетически выделенные группы индивидов не только соответствуют расовой классификации, но и в выделенных группах достоверно различается реакция на лекарства (анализируемая на основе полиморфизма ФМЛ – ферментов метаболизма лекарств). Это означает, что **данные, накопленные этнической антропологией и воплощенные в расовых классификациях, могут лечь в основу стратегии лекарственного лечения в различных популяциях человека.**

В-четвертых, как мы ярко видели на примере данной работы, **критика генетических основ расы противоречит полученным результатам: она вызвана элементарным невежеством в области этнической антропологии.** Но в этом невежестве не хочется винить авторов работы: в атмосфере идеологического давления научный подход к расе заменяется случайно всплывающими представлениями о предмете и бытовыми мифами (расы — «этнические метки», папуасы – монголоиды, и т.д.), а любой род критики концепции расы (а в действительности – собственных мифов) обеспечивает заведомое внимание читателя.

Таким образом, в заключение можно сделать еще один вывод: **широко распространившееся мнение о том, что генетика (и особенно молекулярная генетика) дала важные контраргументы против расовых классификаций, является**

не более, чем мифом. Эти аргументы связаны либо с крайне субъективной интерпретацией получаемых научных результатов, либо с явным незнанием критикуемого предмета. Мы видели на примере рассмотренной статьи, как расовой классификации приписаны категории, ей не свойственные (расы — «этнические метки», папуасы – монголоиды, эфиопы — негроиды) и на этом основании критикуется концепция расы, но не собственное незнание. Аналогичная ситуация происходит с целым рядом категорий, которые сначала приписываются расе, затем успешно опровергаются, — жаль лишь, что вместе с категориями отвергаются и расы. Вряд ли стоит упоминать все такие упреки расоведению — к ним относятся и постулирование четких границ между расами (хотя расоведением всегда выделялись переходные расы и типы, но генетика предпочитает считать это собственным открытием, почему-то опровергающим расоведение); и отсутствие консенсуса в числе рас (иные иерархические классификации заслуживают более сурового упрека, например, лингвистика, выделяющая на верхних уровнях иерархии единицы макросемей, а нижних уровнях иерархии — тысячи диалектов); и примеры можно было бы умножить ad nauseam[3].

Обе эти причины – и субъективность интерпретации, и мифические представления о критикуемом предмете — вызваны к жизни адаптацией к тому научному климату, в котором любое отрицание расы обеспечивает успех. Однако в таких условиях обращение к науке просто излишне. И генетика не является исключением – накопленные ею факты и закономерности указывают, что путь сотрудничества этнической антропологии и генетики является чрезвычайно плодотворным научным путем. Но лишь до тех пор, пока ученые верны науке, а не мифам.

1. Barbujani G., Magagni A., Minch E., Cavalli-Sforza L.L. An apportionment of human DNA diversity // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1997. V. 94. P. 4516-4519.
2. Cavalli-Sforza L.L., Menozzi P., Piazza A. History and Geography of Human Genes. Princeton: Princeton University Press. 1994. 1069 p.
3. Levontin R.C. The Apportionment of Human Diversity // Evolutionary Biology. 1972. Vol. 6. P. 381-398 (T. Dobzhansky, M.K. Hecht, W.C. Steere eds.; ACC, Educational Division/Meredith Corporation, New York)/
4. Wilson F., Weale M.E., Smith A.C., Gratrix F., Fletcher B., Thomas M.G., Bradman N., Goldstein D.B. Population genetic structure of variable drug response // Nature genetics. 2001. V. 29. P. 265-269.

[1] На самом деле равенство F1=F2 – это частный случай, соответствующий данной иерархии. В действительности ожидаемое соотношение F1=F2 зависит от масштаба выделяемых подгрупп. Чем менее они масштабны, тем больше F2 (когда в подгруппы войдут всего по два-три из множества этносов, то F2>>F1). Чем крупнее выделяемые подгруппы, тем меньше их различия в пределах человечества (F2) и больше различия этносов в пределах этих подгрупп (F1), так что F1=F2 или даже F1<<F2. Однако важно, что для каждого региона и каждой классификации можно сформулировать гипотезу ожидаемого соотношения F1 и F2, а затем ее проверить.

[2] Или же о том, что просто расовые классификации были использованы неверно. Например (как в случае классификации рас Сибири), в расы объединялись народы, а известно, что расовые классификации не являются надэтническими, и популяции многих народов относятся не к одному, а нескольким антропологическим типам.

[3] До отвращения *(лат.)*.

Источник: Алексеева Т.И., Балановская Е.В., Бахолдина В.Ю., Година Е.З., Дубова Н.А., Зубов А.А., Перевозчиков И.В., Яблонский Л.Т. Проблема расы в российской физической антропологии. М. Институт этнологии и антропологии РАН. 2002. 96 с. Раздел «Генетические аспекты концепции «раса». С.46-58.