

«Не выходили наши предки из Африки»? Аргументированный разбор специалистами антропологами и генетиками статьи А. Клесова. Часть 3.

[Светлана Боринская](#)

Продолжаем с разрешения [сайта АНТРОПОГЕНЕЗ.PU](#) публиковать детальный разбор статьи А. Клесова «не выходили наши предки из Африки» от генетика — д.б.н. Светланы Боринской. В предыдущей части эксперт показывает, что А.Клесову не удалось понять, каким образом построение генеалогического древа мтДНК и другие доводы в статье Ребекки Канн (1987) указывают на африканское происхождение человечества. Здесь Светлана Боринская рассматривает каким образом А.Клесов пытается доказать свою идею «не выходили наши предки из Африки», используя генеалогическое древо, построенное недавно по полным нуклеотидным последовательностям мтДНК.

Автор выражает признательность Александру Соколову, взаимодействие с которым позволило сделать текст более понятным, и Олегу Балановскому, предоставившему карты распространения гаплогрупп и сделавшему ценные замечания и добавления.

Для того, чтобы понять, о чём идет речь, необходимо познакомиться с терминами и логикой исследований.

Митохондриальная ДНК (мтДНК) — относительно небольшая молекула ДНК, состоящая из 16.5 тысяч пар нуклеотидов и находящаяся в митохондриях, клеточных органеллах, расположенных в цитоплазме клетки. Каждый человек получает свою мтДНК от матери, отцовская мтДНК не передается. Изменения мтДНК в чреде поколений возникают только за счет накопления мутаций, без рекомбинации, характерной для находящихся в ядре хромосом. Эти особенности делают мтДНК удобной системой для того, чтобы проследить происхождение по женской линии как отдельных людей, так и реконструировать происхождение и расселение популяций.

Если от жившей в давние времена женщины, у которой возникла новая мутация, до наших дней дошло мало потомков, частота этой мутации будет низка, а если много потомков — то частота мутации в современном населении будет высокой. У потомков этой женщины со временем накапливаются свои мутации. Каждая мутация дает начало новой веточке на «генеалогическом древе» мтДНК. Такие веточки называют гаплогруппами, и они отмечены набором мутаций, часть из которых древняя, часть — более «молодые», недавно возникшие мутации.

Специальные компьютерные программы позволяют группировать мтДНК в зависимости от степени их сходства, и строить деревья, отражающие последовательность ветвления гаплогрупп. Наиболее важные гаплогруппы мтДНК обозначают латинскими буквами. Внутри гаплогруппы выделяют более мелкие веточки-субгаплогруппы, для обозначения которых к букве добавляют цифры.

Для построения филогенетического древа гаплогрупп мтДНК используют экспериментальные данные о распространенности гаплогрупп в различных популяциях мира, которые публикуются в научных журналах (обычно генетического и антропологического профиля), а также в базах данных, например, таких как FamilyTreeDNA.

Рассмотрим гипотетическое генеалогическое древо мтДНК слева на рис. 1. Красным отмечены ветви этого древа, распространенные в регионе 1, а синим — в регионе 2. Белые кружочки означают мутации. Раз возникнув, мутация наследуется всеми нижележащими ветвями, которые помимо этой мутации могут накапливать новые. Так как молекула мтДНК передается от матери к детям, и перед этим никакой рекомбинации с отцовской мтДНК не происходит, то дети наследуют только те мутации, которые были у их матери, с редким добавлением новых мутаций. Перескочить с одной ветви на другую (т.е. от одной матери к другой) мутации не могут. Чтобы выявить корень древа (он отмечен серым), то есть предковую для всего человечества последовательность мтДНК, находят мутации, общие для всех людей и отличающие их от родственных видов. Для этого сравнивают мтДНК человека с, например, неандертальцем или шимпанзе. Деление ветвей возле корня — самое древнее. Чем дальше от корня, тем «моложе» ветви.

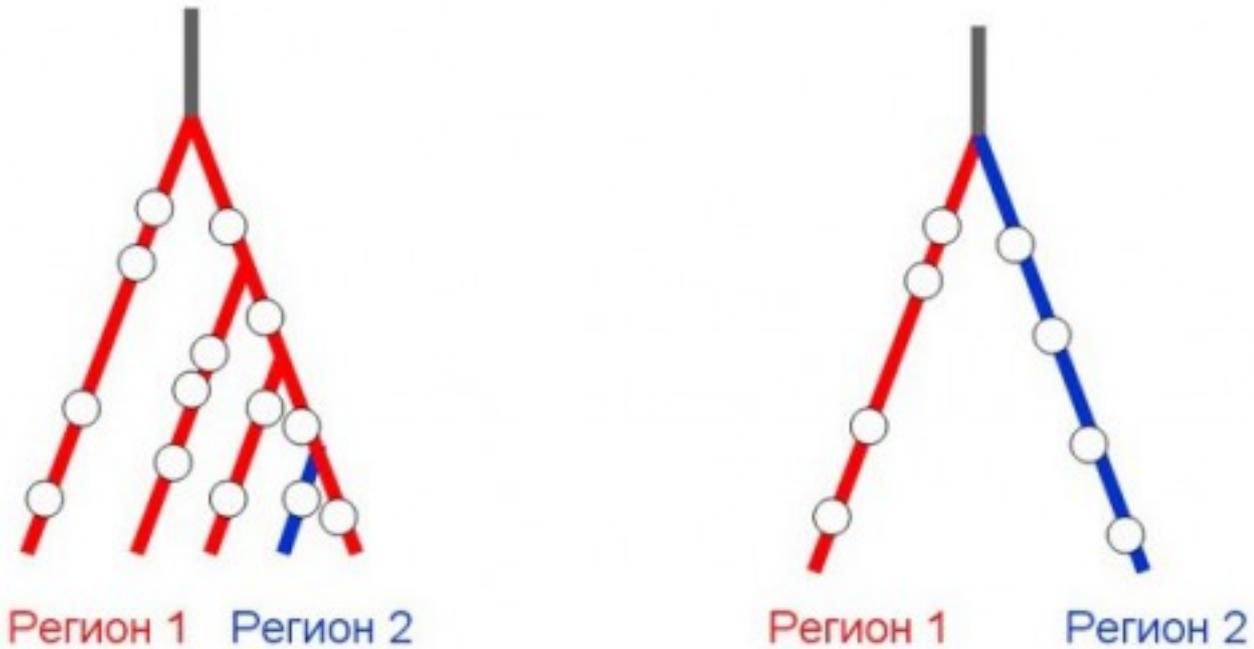


Рис.1

Из рис. 1 видно, что на левом древе «гаплогруппы», отходящие от корня, и несколько следующих ветвей распространены в регионе 1 (показаны красным цветом), и лишь одна молодая веточка представлена в регионе 2 (помечена синим). Это позволяет заключить, что все ветви, скорее всего, возникли в регионе 1, а в регион 2 мигрировали носители синей веточки. Именно такую структуру имеет древо, построенное для мтДНК десятков тысяч людей, причем регион 1 — это Африка, а регион 2 — Евразия (из которой расселение шло дальше, но на нашей схеме это не отображено).

Справа на рисунке показано древо, на котором только две ветви. По такому древу невозможно определить регион происхождения — оба региона равновероятны.



Рис. 1'. Древо гаплогрупп и регионы распространения отдельных ветвей.

За последние 30 лет проведено множество независимых исследований с публикацией первичных экспериментальных данных о распространённости гаплогрупп у населения различных регионов мира, и о филогенетических деревьях, построенных по этим данным. Структура этих деревьев получается такой, как на левом рисунке, и на их основе сделан вывод об

африканском происхождении человечества.

Чтобы не отвлекаться на номенклатурные тонкости в процессе изложения, отметим: исторически номенклатура мтДНК сложилось так, что самые ранние ветви-гаплогруппы, отделяющиеся от общего дерева, обозначили буквой L. А далее использовали различные буквы латинского алфавита в произвольном порядке ([обозначения см. здесь](#)).

Теперь мы можем перейти к рассмотрению экспериментальных данных и тому, как их представляет и интерпретирует А.Клесов. Согласно его утверждению, в «решении вопроса о том, произошли ли мы от африканцев» необходимо найти у населения Евразии такие мутации, которые есть у африканцев, но нет у шимпанзе. На рис. 1 на левом древе это мутации, которые лежат на стволе между синей веткой (евразийской) и корнем дерева – то есть накопились до отделения евразийской веточки. А вот если картина окажется такой, как на правом древе (то есть у евразийцев африканские мутации отсутствуют), то африканское происхождение не доказано. Впрочем, евразийское происхождение это древо тоже не доказывает — вопрос происхождения останется не решенным.

А.Клесов утверждает, что представления об африканском происхождении человечества неверны, потому что, по его словам, «нет в нас «африканских» мутаций».

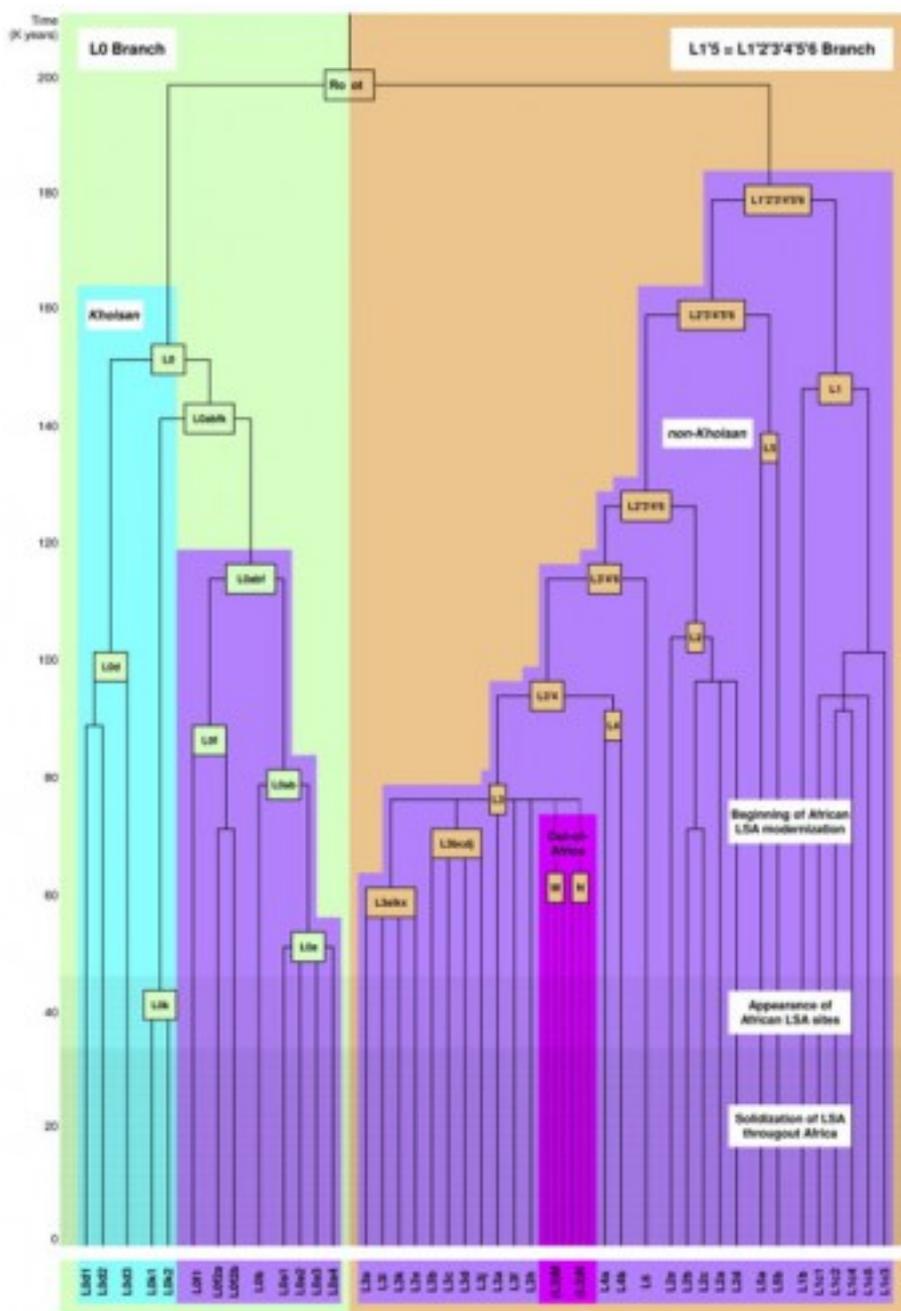


Рис. 2 — Положение на древе гаплогрупп мтДНК гаплогрупп М и N, распространенных в Евразии, относительно гаплогрупп L, распространенных преимущественно или исключительно в Африке. Древо построено по нуклеотидным последовательностям всей мтДНК. Длина ветвей древа в среднем соответствует числу мутаций.

Из статьи Behar et al. The Dawn of Human Matrilineal Diversity. American Journal of Human Genetics. 2008. 82 (5): 1130–1140.

Полный текст статьи здесь

<http://www.cell.com/ajhg/fulltext/S0002-9297%2808%2900255-3>

В формулировке А.Клесова получается, что ко «всем остальным» (кроме L0) гаплогруппам, произошедшим от L3, относятся гаплогруппы L1-L6. Это совершенно неверно. Древо гаплогрупп представлено на рис. 2 и 3. Видно, что L3 является вовсе не предком, а «сестрой» гаплогрупп L1, L2, L4, L5 и L6. И все эти гаплогруппы тоже, как и L0, африканские, т.е. встречаются только или преимущественно в Африке, за ее пределами заходя лишь в прилежащие районы Аравии (рис. 3). Видимо, А.Клэсов этого либо не знает, либо прячет неудобные для него факты.

Цитата из статьи А. Клэсова *Указаны страницы из публикации в Вестнике Академии ДНК-генеалогии, 2013. Т, 5 № 11 (она же на сайте pereformat.ru)*

стр. 1853 А что на этот счет говорят данные по женской, мтДНК? Ну, говорят сторонники «выхода из Африки», там-то тем более ясно. Неафриканские мтДНК «все происходят из африканских». Так ли это?

стр. 1854

Взглянем на недавнюю статью известного генетика Д. Бехара (Behar et al, 2012), в которой была проведена принципиальная ревизия характера представления последовательности мтДНК. На последующем рисунке видно, что в самом начале эволюционного дерева мтДНК «современного человека» происходит расхождение гаплогрупп на L0 (ветвь справа) и гаплогруппы L1-L6 (ветвь слева), из которых далее происходят все последующие гаплогруппы. Гаплогруппа L0 на самом деле представляет большую серию из полусотни древних африканских гаплогрупп, в основном найденных к югу от Сахары – среди койсанского населения Южной Африки, а также в Эфиопии и Танзании (Восточная Африка), в Мозамбике (Юго-Восточная Африка), и среди пигмеев. Все остальные мтДНК происходят, как принято большинством специалистов, из гаплогруппы L3,...

Комментарий эксперта

А. Клесов не поясняет здесь, что он подразумевает под «африканскими мтДНК». Формулировку «неафриканские мтДНК все происходят из африканских» можно понять как то, что неафриканские мтДНК происходят от предковых африканских мтДНК, и это соответствует современным представлениям генетиков. Однако возможно и другое понимание — что неафриканские мтДНК происходят от мтДНК современных африканцев. Как убедится далее читатель, А.Клесов в рассматриваемой статье использует именно второе толкование — он требует, чтобы в мтДНК неафриканцев присутствовали мутации современных африканцев, причем только одной гаплогруппы, отделившейся от корня раньше всех — гаплогруппы L0. Это аналогично утверждению, что человек происходит от обезьяны, но не от общего предка человека и шимпанзе (от которого оба вида отстоят на одинаковое расстояние, накопив за прошедшие миллионы лет множество мутаций), а от современных шимпанзе. В формулировке А.Клесова получается, что ко «всем остальным» (кроме L0) гаплогруппам, произошедшим от L3, относятся гаплогруппы L1-L6. Это совершенно неверно. Древо гаплогрупп представлено на рис. 2 и 3. Видно, что L3 является вовсе не предком, а «сестрой» гаплогрупп L1, L2, L4, L5 и L6. И все эти гаплогруппы тоже, как и L0, африканские, т.е. встречаются только или преимущественно в Африке, за ее пределами заходя лишь в прилежащие районы Аравии (рис. 3). Видимо, А.Клэсов этого либо не знает, либо прячет неудобные для него факты.

Далее [на сайте АНТРОПОГЕНЕЗ.РУ](http://www.pereformat.ru)