

## Не выходили наши предки из Африки

Анатолий А. Клёсов,  
профессор, доктор химических наук

**Происхождение человека** — одна из наиболее интригующих и захватывающих тем науки, философии, мировоззрения. И одна из наиболее запутанных. Дело в том, что нет ни одного прямого эксперимента, который твердо и однозначно дал бы ответ на вопрос, в каком месте планеты и когда впервые появился наш прямой предок, который подпадал бы под антропологическое описание вида *Homo sapiens* и/или «анатомически современный человек» (АСЧ). Здесь каждое понятие не зафиксировано и является по сути «плавающим». Нашли древние скелетные остатки, но как узнать, это «впервые», или завтра найдут еще древнее? Насколько надежны датировки, которые на самом деле вовсе не надежны и практически всегда оспариваются? Есть десятки антропологических признаков, которые так или иначе примеряют на понятие *Homo sapiens* и на понятие «анатомически современный человек», но теория это одно (хотя общепризнанной полной классификации все равно нет), а на практике эти признаки применить в полной мере практически невозможно — обычно находят лишь фрагменты скелета, часто без лицевых костей, и для наиболее древних костных остатков практически всегда наблюдаются некие «архаичные» признаки.



И далее в дело вступает то, что называют добросовестностью научного работника. Ставки велики — каждый новый скелет или его фрагмент, который дает возможность провозгласить его «древнейшим из известных» *Homo sapiens* или АСЧ становится всемирной сенсацией, со всеми вытекающими последствиями в виде научных наград, крупных финансовых грантов, выборами в престижные академии наук. Поэтому, к сожалению, так нередки искажения данных, описываемых в академической и прочей

печати, не говоря о популярных изданиях, так охочих на сенсации. Датировки в научных изданиях порой завышаются, архаические признаки «замазываются», и становится совсем трудно разобраться, где настоящие данные, и где фантазии авторов. Нужны перекрестные исследования, которые редки. Наконец, немало просто неквалифицированных работ, особенно в области популяционной генетики, или работ, ориентированных на заранее заданный результат.

Об этом и будет наше повествование. А именно, о том, как трудно пробить стену ангажированных исследований, которые «заточены» на якобы выход «анатомически современного человека» якобы из Африки, и что на самом деле показывают исследования, часто тех же авторов, но своеобразно ими интерпретируются. Стена к тому же цементируется идеологическими соображениями, по которым надо любой ценой показать **«африканское происхождение человека»**, а кто находит другие данные и проводит другие интерпретации, тот «расист». Стена укрепляется и тем, что практически все статьи ангажированных исследователей, а это большинство популяционных генетиков, начинаются фразой *«Как известно, анатомически современный человек вышел из Африки»*. То есть установка идет с самого начала. Это резко повышает вероятность публикации статьи в академическом издании.

Вот несколько примеров, взятых из названий академических статей, или из первых фраз вступлений в статьи:

Происхождение человека: выход из Африки (название статьи; Tattersal , 2009);

Эволюция человека и выход из Африки (из названия статьи; Stewart and Stringer, 2012);

Африканское происхождение мужского (генетического) разнообразия (из названия статьи; Cruciani et al, 2011);

Африканское происхождение современных людей Восточной Азии (из названия статьи; Ke et al, 2001);

...анатомически современные люди прибыли в Европу из Африки по меньшей мере 45 тысяч лет назад, вслед за распространением людей из Африки (Moorjani et al, 2011);

Полагают, что современные люди произошли в восточной Африке (Henn et al, 2011);

Общепризнано, что анатомически современные люди произошли в Африке (Hammer et al, 2011);

Африка, прародина всех современных людей (Lachance et al, 2012);

...расхождение анатомически современных людей из Африки было примерно 44 тысячи лет назад (Underhill et al, 2000);

Современные люди произошли в Африке примерно 200 тысяч лет назад (Campbell and Tishkoff, 2010);

...Анатомически современные люди произошли из небольшой изолированной популяции в Африке 150-200 тысяч лет назад (Patin et al, 2009);

Суб-Сахара и северо-восточная Африка – наиболее вероятные регионы происхождения человека и коридор в остальной мир (Arredi et al, 2004);

...расхождение человека началось в Африке (Ramachandran et al., 2005).

Ниже в этой работе будет показано, что все эти положения, и аналогичные им, которые воспроизводятся в десятках и сотнях академических и прочих статей – неверны.

Вопрос – как наука о происхождении человека дошла до жизни такой? Как мог сложиться «консенсус специалистов», основанный на однобокой и накатанной интерпретации под заранее заданный ответ? Как вообще в науке могла сложиться ситуация, когда другие обоснованные интерпретации тех же или других данных встречаются выраженной агрессией, политическими обвинениями, неприкрытыми негативными эмоциями? Почему «выход из Африки» стал религией, основанной на вере, которая в доказательствах не нуждается?

До 1980-х годов обсуждения африканского происхождения человека шли вяло, и были по сути маргинальными. Рассматривать это серьезно мешали два обстоятельства. Первое – было признано, что далеким предком современного человека был *Homo erectus*, человек прямоходящий, который появился несколько миллионов лет назад, возможно, в Африке, но было известно, что уже почти два миллиона лет назад он распространился по всей Евразии. Поэтому *Homo sapiens*, человек разумный, мог стать его потомком где угодно. Второе – было показано, что ближайший родственник АСЧ, неандерталец, в Африке не жил. Поэтому общий предок современного человека и неандертальца, который жил по разным данным между 600 и 300 тысяч лет назад, получается, что в Африке тоже не жил. К тому же у неандертальца была светлая кожа, и на этом мы остановимся ниже. Поэтому африканское происхождение современного человека требует прибытия светлокожего непосредственного предка человека в Африку, скажем, 500-300 тысяч лет назад, далее было самостоятельное, эволюционное приобретение им черной кожи, иначе в Африке не выжить, а потом выход его из Африки и обратное самостоятельное превращение черной кожи в светлую. На этот счет была даже придумана остроумная гипотеза о роли витамина D в самостоятельном (без скрещивания со светлокожими людьми, которых быть за пределами Африки не могло, иначе концепция рушится) превращении чернокожих в светлокожих, но эта гипотеза никогда не была подтверждена экспериментально. Так и осталась умозрительной.

В общем, до середины 1980-х об африканском происхождении современного человека говорить было не очень серьезно. Но потребность в этом «в определенных научных кругах» или, точнее, среди ученых определенного либерального мировоззрения явно назревала, иначе не объяснить последующее развитие событий. А произошло то, что в 1987 году в журнале Nature была опубликована статья Ребекки Канн с соавторами из Калифорнийского университета, Беркли, под названием «Митохондриальная ДНК и эволюция человека». Статья весьма слабая не только по современным критериям, но и по тогдашним, и можно только удивляться, как статья прошла рецензии. Достаточно упомянуть, что в Абстракте, предваряющем статью, сообщалось, что изученные авторами митохондриальные ДНК происходят от одной женщины, которая, «как было постулировано» (!), жила примерно 200 тысяч лет назад, «предположительно» (!) в Африке.

После публикации статьи разверзлись хляби небесные, распахнулись шлюзы и ворота. Восторг западной прессы о том, что африканцы – наши предки, был фантастическим. Эту древнюю африканскую женщину тут же окрестили Евой, и ведущие журналы мира

поместили информацию об этом на глянцевые обложки. С тех пор настойчивая обработка общественного мнения продолжается без остановки, если не по нарастающей. Это стало общепринятым мнением, оспаривать которое сродни утверждению о возможности вечного двигателя. Иначе говоря, оспаривающий идет против научного «консенсуса», которого, конечно, нет, но который постоянно провозглашается. Обсуждая эту проблему с антропологами, я (как главный редактор международного журнала [«Advances in Anthropology»](#)) получал и продолжаю получать немало писем, в которых профессиональные ученые делятся тем, что они, разумеется, сомневаются или категорически не согласны, что «африканское происхождение человека» хоть как-то обосновано, но не хотят об этом выступать в печати, потому что «себе дороже». И потому что статью в научный журнал все равно отклонят независимо от того, какие там данные и как они обоснованы.

Так что там в статье Ребекки Канн 1987 года? Что легло в основу новой религии? С чего все это началось? Давайте посмотрим.

### **Основополагающая статья Канн и др. (1987) о «выходе из Африки»**

Во введении к статье – ни слова про Африку и якобы зарождение там человечества. То есть статья позиционирует себя как первая в этом отношении. Экспериментальная часть статьи – определение нуклеотидной последовательности мтДНК из 147 женщин из пяти основных регионов:

*Африка* – 20 человек (двое рождены к югу от Сахары, остальные – чернокожие жители США, обычно метисы с примесью Y-ДНК мужчин-европеоидов, но у этих 18 человек «предполагается африканская мтДНК, на что также указывает характер мутаций фрагментов мтДНК»);  
*Азия* (Китай, Вьетнам, Лаос, Филиппины, Индонезия, Полинезия/Тонга) – 34 человека;  
*Европеоиды* (Европа, Северная Африка, Ближний Восток) – 46 человек;  
*Австралийские аборигены* – 21 человек;  
*Новая Гвинея* – 26 человек.

Все мтДНК были расщеплены на фрагменты с помощью ферментов-рестриктаз, получены в сумме 467 независимых участков мтДНК, из которых 195 имели различия хотя бы у одного человека из всех 147. Другими словами, было идентифицировано 195 полиморфных участков мтДНК. В среднем анализ проводили на 9% от всей мтДНК. В общем, для того времени, 25 лет назад, это была довольно продвинутой в техническом отношении работа.

Далее провели попарные сопоставления полученных фрагментов ДНК между всеми 147 участницами, и нашли, что эти попарные различия варьируются от нуля до 1.3 мутаций на каждые 100 нуклеотидов (0 до 1.3% различий), с общей усредненной величиной 0.32% различий. Но надо было показать, что эти различия больше всего у африканцев, поэтому все пять популяций подразделили на кластеры, исходя из групп попарных различий в каждой популяции. Получилось, что

46 европейских мтДНК расходятся на 36 кластеров,  
34 азиатских мтДНК расходятся на 27 кластеров,  
21 австралийских мтДНК расходятся на 15 кластеров,  
26 мтДНК из Новой Гвинеи расходятся на 7 кластеров,  
а 20 африканских мтДНК определили в один кластер, постановив, что раз человечество вышло из Африки, то там должен быть всего один кластер. Так и записали в примечании к

таблице в статье, где у всех указано много кластеров, а у африканцев всего один.

Если кто понимает, что сделали авторы статьи, то желание читать дальше уже пропадает. Потому что дальше авторы стали определять, какая популяция старше других, для того на кластеры и разбивали. Но фокус был в том, что возраст каждой популяции рассчитывали из разнообразия **между** кластерами внутри каждой популяции, а у африканцев он автоматически был задан самый большой, потому что у них кластер всего один. У всех разнообразие гасилось в каждом кластере, а у африканцев ничего не гасилось, кластер – один. Так и получилось, вот «разнообразие» по кластерам:

Африка: 0.36%

Азия: 0.21%

Австралия: 0.17%

Новая Гвинея : 0.11%

Европа: 0.09%

Далее авторы перевели эти «разнообразия» в хронологические показатели, а именно в года, когда эти территории были впервые заселены. Для этого взяли следующие цифры для калибровки: заселение Австралии произошло 40 тысяч лет назад, заселение Новой Гвинеи 30 тысяч лет назад, заселение Америки 12 тысяч лет назад, и получили, что мутации в мтДНК возникают со средней скоростью 2-4% (то есть 2-4 мутации на каждые 100 нуклеотидов) на миллион лет. Отсюда авторы статьи вычислили средний «возраст» кластеров в популяция:

Африка: 90-180 тысяч лет

Азия: 53-105

Австралия: 43-85

Новая Гвинея : 28-55

Европа: 23-45

Сделали топорно, но цифры получились довольно разумные (в пределах 100%-ной погрешности). Как показали последующие исследования уже других авторов, в том числе и мои, о которых будет рассказано ниже, африканские ДНК-линии пошли начиная примерно с 160 тысяч лет назад, плюс несколько архаичных африканских линий (гаплогруппы A0 и A00) возрастом примерно 180 и 210 тысяч лет, соответственно; азиатские и европейские линии – начиная с 64 тысяч лет назад, Австралия – примерно с 45-50 тысяч лет назад, а древнейшие костные остатки современного человека в Европе датируются 45 тысяч лет назад (Benazzi et al, 2011; Higham et al, 2011). Понятно, что авторы провели расчеты с точностью плюс-минус 100%, но тем не менее общая картина схвачена относительно верно.

Подобным же образом авторы рассчитали, что общий предок всех мтДНК жил 143-285 тысяч лет назад, а поскольку общий предок всех африканских мтДНК жил, по их расчетам, 90-180 тысяч лет назад, то есть древнее всех (хотя и пересекается по возрасту в пределах погрешности расчетов), стало быть, тогда же он и вышел из Африки.

Замечаете подмену понятий? Авторы рассчитывают, что люди вне Африки произошли от более недавнего общего предка, и постулируют, что, значит, он вышел из Африки. В итоге, заключают авторы и это же пишут в Абстракте, женщина, общий предок всех мтДНК на планете, как «постулируется» (!), жила 200 тысяч лет назад (это уже трансформация величины 143-285 тысяч лет назад), и «вероятно» (!) она жила в Африке.

Вот с этой статьи все и началось. Повторяю, что я ума не приложу, как такая статья смогла пройти рецензентов и быть опубликована в журнале Nature, с этими «постулируется» и «вероятно», и при отсутствии каких-либо данных о выходе современного человечества из Африки, но именно так эта статья и стала восприниматься и средствами информации, и в популяционной генетике, а оттуда и в науке и среди обывателя – что, значит, неопровержимо доказано, что современный человек вышел из Африки. Других генетических доказательств фактически не было, да и зачем? Все ведь уже доказано, не так ли?

### **Принципиальные ошибки творцов и сторонников концепции «выход человечества из Африки»**

Есть основная ошибка, которая постоянно преследует популяционных генетиков. Если одна популяция генетически «разнообразнее» другой, то есть в совокупности древнее, они, как правило, считают, что она – предковая по отношению ко второй. Но это вовсе не так. Здесь надо смотреть совокупность факторов, а не перепрыгивать к выводу. Например, старший брат «разнообразнее» младшего, но это вовсе не значит, что младший – потомок старшего. Просто у них есть общий предок, их отец. Это же относится к разнообразным генеалогическим построениям, и если мы начнем сопоставлять племянников и отодвигать их общих предков к общему дедушке, прадедушке, пра-прадедушке и так далее, то увидим, что ветви потомков могут отходить от общего генеалогического дерева в разные времена, но нельзя их сравнивать «по возрасту» линейно, напрямую друг с другом, нужно непременно знать, когда жил их общий предок.

Это ясно, если посмотреть на обычное дерево. Рядом сидят толстая ветка и молодая веточка, но вовсе не обязательно, что молодая выходит из старой. Зачастую они независимы до ствола, их общий предок – ствол, или ветка еще большей толщины. Концепция общего предка в статье 1987 года вообще не затрагивалась. Типичная ошибка популяционных генетиков – это «что вижу, то и пою». Раз сейчас живут в Африке – значит, всегда там жили. То, что общий предок африканцев и неафриканцев мог жить вне Африки, и в древние времена туда мигрировал – ими даже и не рассматривается.

Есть еще одна принципиальная ошибка подхода популяционных генетиков, основанного на сравнении «разнообразия». Разнообразие информативно в данном смысле, как говорит термодинамика, только в замкнутых системах. Нью-Йорк значительно «разнообразнее», чем, скажем, Бостон, но означает ли это, что Бостон – потомок Нью-Йорка, вышел из него? Москва «разнообразнее» Новгорода, но потомок ли Новгород Москвы? Вовсе нет. Скорее, наоборот. Разнообразие получается зачастую от смешивания разных популяций, потому что система открытая. Вот в Нью-Йорке и в Москве намешалось, и накопилось большое «разнообразие». Африка – тоже открытая система. Туда в древности и в относительно недавнее время продвинулись многие миграции самых разных гаплогрупп, вот и «разнообразие». Даже гаплогруппа R1b в своей части продвинулась около 5 тысяч лет назад, теперь живут в Камеруне и Чаде (Cruciani et al, 2010), чернокожие, потому что смешались с местными красавицами. А гаплогруппа так и осталась, R1b. Добавили они в африканское «разнообразие»? Безусловно, как и множество подобных миграций в Африку. Время от времени появляются академические статьи, в которых описывается «вход в Африку». Последняя статья – в том же журнале Nature в августе 2013 года (Hayden, 2013), в которой описаны только что выявленные миграции популяций в Африку 3000 лет назад и 900-1800 лет назад. Добавили они к «разнообразию»? Безусловно. Тем более что ушли к югу от Сахары, откуда и брали пробы мтДНК авторы статьи 1987 года.

Такую же ошибку делает Аткинсон в недавней статье (Atkinson, 2011), в которой он

пишет: *«генетическое и фенотипическое разнообразие уменьшается с удалением от Африки... что поддерживает гипотезу об африканском происхождении человека»*. Посмотрим на диаграмму, которая будет пояснена ниже. Слева – африканская ветвь, справа – неафриканская. Разнообразие (то есть древность) уменьшается слева направо, но вовсе не потому, что левая ветвь – предковая. Они обе выходят из общего предка, который, как будет показано ниже, в Африке не жил.

Еще иллюстрация с падением разнообразия с удалением от Африки. Возраст гаплогрупп А в Африке – примерно 160 тысяч лет, после расхождения от альфа-гаплогруппы. Возраст гаплогрупп R1a и R1b на удалении от Африки – 20 тыс лет и 16 тыс лет, соответственно, они образовались в Центральной Азии (Klyosov and Rozhanskii, 2012a; Klyosov, 2012). Разнообразие падает от Африки к Центральной Азии? Падает. Потому ли, что R1a и R1b произошли от африканских гаплогрупп А? Совершенно нет. Это – несвязанные события и системы.

Аналогия – если в одной части города находится дом престарелых, то «разнообразие» в нем самое высокое. Означает ли это, что все в городе, включая детский сад напротив, произошли от дома престарелых? Вовсе не обязательно. Это – несвязанные события и системы. Это могло бы быть верно, если бы система была замкнутой, то есть в город никто не въезжал на протяжении сотен лет. Но в реальности в город въезжают тысячи людей, которые не имеют никакого отношения к тем, кто в доме престарелых и кто в детском саду, да и в первый привозят престарелых со всей страны и из-за рубежа. Хотя если измерить – разнообразие в нем самое высокое. А вот предковости нет.

Вот примеры «линейного мышления» в отношении «разнообразия»:

...Разнообразие гаплотипов самое высокое в Африке (Hellenthal et al., 2008);

Африка имеет не только самый высокий уровень генетической вариации в мире, но также имеет значительное разнообразие в языках, культуре, природных условиях (Campbell and Tishkoff, 2010).

Все это так, но к главному тезису о происхождении человечества якобы в Африке отношения не имеет. Это – всего пара примеров из сотен такого же рода.

Для обсуждения «генетического разнообразия» надо знать генезис популяций, их историю, а не просто формально это «разнообразие» измерять у разных популяций и «линейно» сопоставлять. Это, повторяю, бич популяционных генетиков. Почему это? Слабая научная школа, другого объяснения нет.



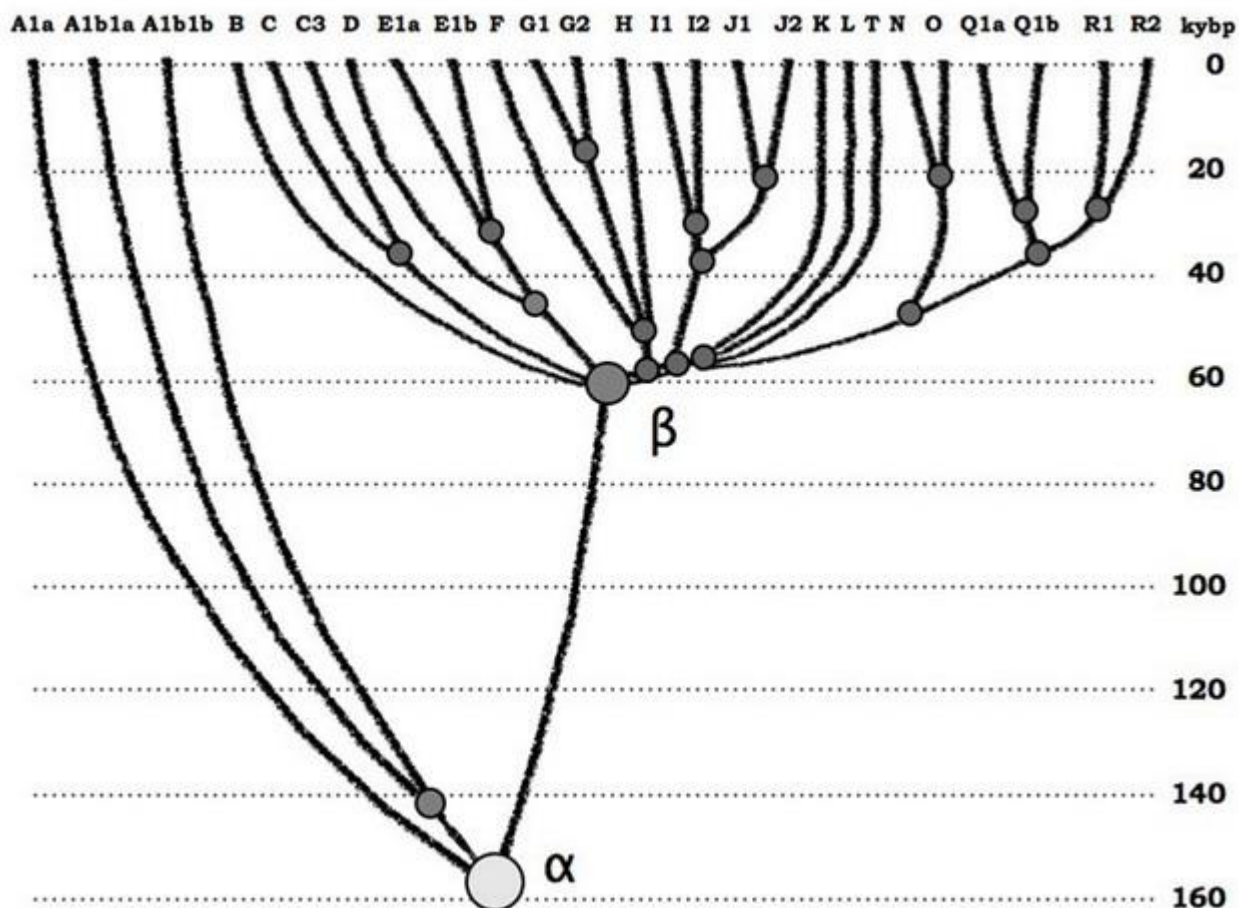


Диаграмма эволюции гаплогрупп современного человечества. На горизонтальной оси – основные гаплогруппы Y-хромосомы человечества, на вертикальной – абсолютная шкала времени. Общй предок альфа-гаплогруппы жил примерно 160 тысяч лет назад, общй предок бета-гаплогруппы (или гаплогрупп от B до T) –  $64 \pm 6$  тысяч лет назад (из статьи A.A. Klyosov and I.L. Rozhanskii, *Advances in Anthropology*, 2012b). На диаграмме не показаны архаичные африканские линии A00 и A0 (последняя сейчас заменила в номенклатуре линии A1b на диаграмме слева), обновленное дерево гаплогрупп будет показано ниже.

Есть еще (как минимум) одна причина более низкого «разнообразия» у неафриканцев. Примерно 64 тысячи лет назад их предки прошли «бутылочное горлышко популяции». Иначе говоря, в результате какого-то катаклизма неафриканцы почти все погибли, или выродились, и выжила их только небольшая группа. Образно говоря, выжили в конечном итоге потомки всего лишь одной пары, и вот к ним сходятся все генеалогические линии практически всех мужчин на планете. Что за катаклизм или другая напасть, как, например, мор, приключилась – неизвестно, и наибольший вес имеют две гипотезы – извержение вулкана Тоба, самое крупное из известных в истории человечества, примерно 70 тысяч лет назад, и похолодание в северной гемисфере. Климатологи утверждают, что ранг катастрофичности похолодания выше, чем ранг извержения Тобы. Как там ни было, вот что получилось (см. приведённую диаграмму).

Понятно, что если измерять «разнообразие» ветвей слева (африканской по нынешнему проживанию ее представителей) и справа (неафриканской, тоже по нынешнему проживанию), то первая будет древнее. Но правая ветвь не выходит из левой, у них – общй предок, альфа-гаплогруппа. Как видно, диаграмма объясняет все результаты статьи Канн 1987 года, но без выхода из Африки. Другие доказательства правильности этой



диаграммы будут приведены ниже.

### **Умножение фантазий в ходе распространения концепции «выхода человечества из Африки»**

Со временем как-то из воздуха появилась цифра, что современный человек вышел из Африки 70 тысяч лет назад, и ее тоже стали цитировать в сотнях академических статей, так что и концы затерялись, кто и когда это сказал первым. Да и кого это интересовало? Вышел современный человек из Африки? Вышел, давно и неопровержимо показано, еще в 1987 году. Когда вышел? Так вот же, все пишут, что 70 тысяч лет назад, тоже давно и неопровержимо показано. Какие еще вопросы? Кто там в консенсус не верит? Давайте-ка на такого посмотрим, а то и меры примем.

И пошли десятки и сотни академических статей, первая фраза в которых обычно была – *«Как известно, анатомически современный человек вышел из Африки примерно 70 тысяч лет назад»*. Впрочем, и эта датировка была «плавающей», и ниже даются примеры разных датировок «выхода из Африки» в разных статьях. Небольшой секрет – ни одна из них не была действительно расчетной. Все они – просто так, «с потолка». Да и не было до последнего времени соответствующего расчетного аппарата, а тот, что был – читатель уже увидел, какой он и какая там точность.

50 тысяч лет назад (Jobling & Tyler-Smith, 2003);  
50 тысяч лет назад (Thomson et al, 2000);  
50-60 тысяч лет назад (Shi et al., 2010);  
50-60 тысяч лет назад (Mellars, 2011);  
50-70 тысяч лет назад (Hudjasov et al., 2007);  
50-70 тысяч лет назад (Stoneking & Delfin, 2010);  
60 тысяч лет назад (Li & Durbin, 2011);  
60 тысяч лет назад (Henn et al., 2011);  
60 тысяч лет назад (Wei et al., 2013);  
60-70 тысяч лет назад (Ottoni et al., 2010);  
60-80 тысяч лет назад (Forster, 2004);  
54±8 тысяч лет назад (Forster et al., 2001);  
60 тысяч лет назад (Stewart & Stringer, 2012);  
45-50 тысяч лет назад (Fernandes et al., 2012);  
50-65 тысяч лет назад (Behar et al., 2008);  
50-60 тысяч лет назад (Cann, 2013);  
60 тысяч лет назад (Chiaroni et al., 2009);  
50-75 тысяч лет назад (Patin et al., 2009);  
50 тысяч лет назад (Edmonds et al., 2004);  
45 тысяч лет назад (Moorjani et al., 2011);  
50-70 тысяч лет назад (Xue et al., 2005);  
70-80 тысяч лет назад (Majumder, 2010);  
40 тысяч лет назад (Campbell and Tishkoff, 2010);  
50 тысяч лет назад (Poznik et al, 2013);  
55-70 тысяч лет назад (Soares et al., 2009);  
между 40 и 70 тысяч лет назад (Sahoo et al., 2006);  
между 35 и 89 тысяч лет назад (Underhill et al., 2000);  
между 80 и 50 тысяч лет назад (Yotova et al., 2011);  
между 50 и 100 тысяч лет назад (Hublin, 2011);  
между 27-53 и 58-112 тысяч лет назад (Carrigan and Hammer, 2006);  
70-60 тысяч лет назад (Curnoe et al., 2012);

~ 110 тысяч лет назад (Francalacci et al, 2013);  
200 тысяч лет назад (Hayden, 2013).

На самом деле никакой даты обоснованно привести нельзя. Ее просто нет. Да и все эти датировки выше никому не нужны, они ничего не дают и не отвечают по сути ни на какой вопрос. Это – все та же мантра.

### **Что говорят на самом деле экспериментальные данные и их более широкая интерпретация?**

Остановимся на время с критикой, и посмотрим – а что же есть? Если современные неафриканцы – не потомки древних африканцев, то откуда это следует? Чьи они потомки?

Археологические, палеонтологические данные по Африке придется с сожалением отбросить. Они познавательны из общих соображений, но мы не знаем, были ли у найденных костных остатков вообще выжившие потомки. Возможно, мы наблюдаем остатки терминировавшихся линий. Пока не будут установлены гаплогруппы и гаплотипы тех костных остатков, они нам ничего не скажут о преемственности этих эволюционных линий. Далее, мы не знаем, откуда эти костные остатки там появились. Возможно, их близкие предки мигрировали в Африку. Действительно, если возможно было выйти из Африки, то так же возможно было туда и войти. Более того, известны многие примеры миграций в Африку. Многие датировки древних костных остатков неверны, и примеры будут даны ниже. Многие заявленные как «древние *Homo sapiens*» имеют выраженные архаичные признаки, и их отнесение к *Homo sapiens* вообще является спорным или просто неверным. Многие находки относятся вообще не к костным остаткам, а к стоянкам, пещерам, найденным там раковинам, каменным орудиям труда. Неизвестно, кто там вообще был, и найденная там охра тоже ни о чем не говорит. Неандертальцы Евразии тоже применяли каменные орудия и охру для своих целей.

Так что к рассматриваемому вопросу о том, как соотносятся древние африканцы и неафриканцы, больше подходит рассмотрение ДНК тех и других. Если эти данные поддерживаются и археологией-антропологией – это замечательно, но пока таких данных мало, если они вообще есть. Посмотрим на них.

Данные по ДНК можно рассматривать в трех вариантах, которые в принципе обязаны давать взаимно согласованные данные. Это (1) гаплотипы и гаплогруппы Y-хромосомы человека, (2) мтДНК человека, и (3) геном человека. Последнее фактически означает картину необратимых мутаций в ДНК, которая поддается интерпретации в отношении эволюции человека, показывая направление перетекания мутаций и появления новых в ходе эволюционного развития. Например, в геноме как неандертальца, так и современного человека есть много одних и тех же мутаций, которые есть и в ДНК шимпанзе. Это означает, что данные мутации – от общего предка человека и шимпанзе. Но если в нас есть и мутации от неандертальца, которых нет у шимпанзе – то это может означать, что неандерталец – наш прямой предок. Такие мутации или не выявлены, или их очень немного и они спорные. Данные сейчас пересматриваются. Недавно провозглашенные 1-4% как якобы у современного человека от неандертальца тоже сейчас пересматриваются. Скорее всего, они неверные.

Таким же образом как в неафриканцах, так и в африканцах есть общие мутации от общего предка с шимпанзе. Их много, и они неинтересны при решении вопроса о том, произошли ли мы от африканцев. Эти мутации должны быть отфильтрованы. А вот есть ли в нас такие мутации, которые есть у африканцев, но нет у шимпанзе – вот это вопрос, на

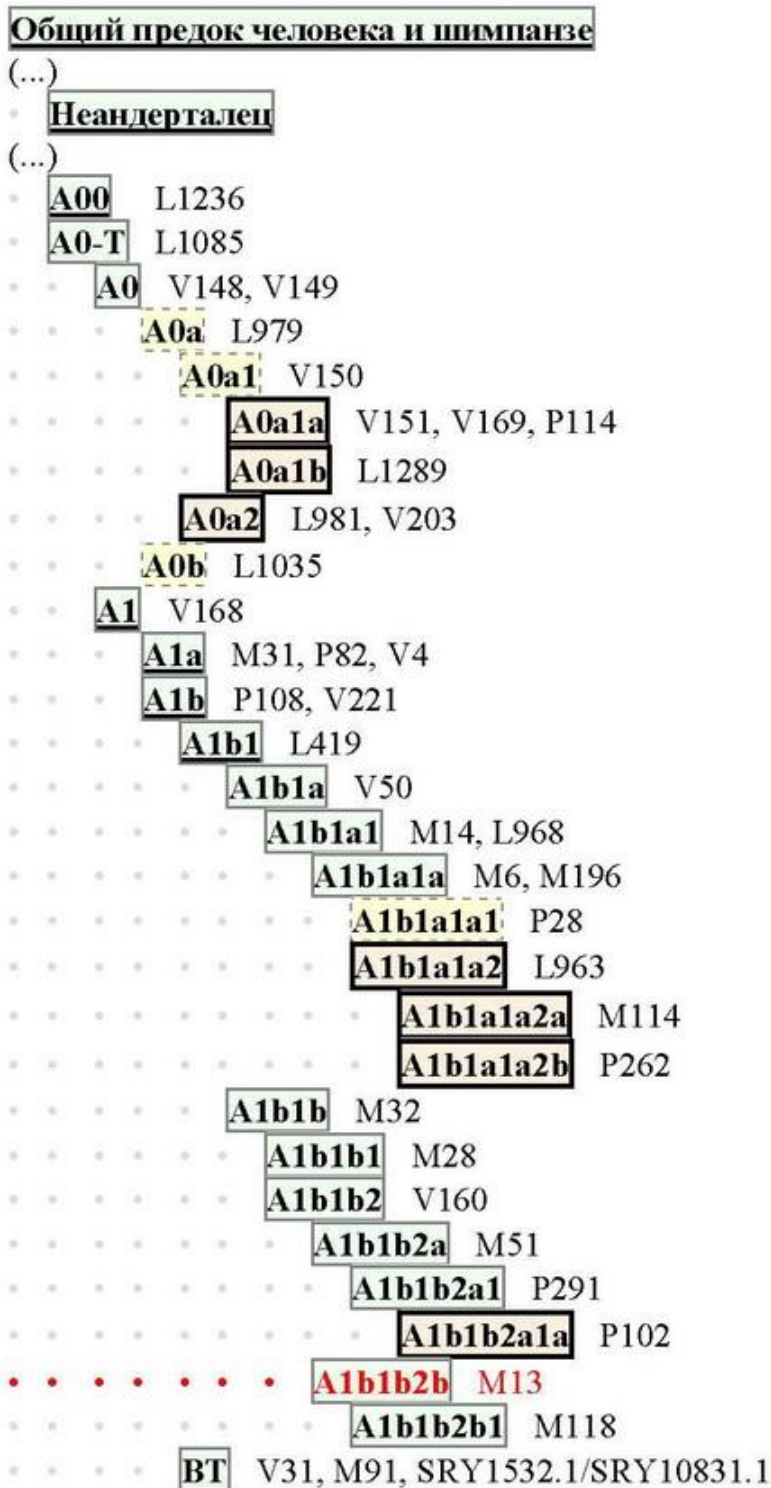
который должен быть ответ. Этот ответ, если такой будет получен, должен согласовываться с данными по гаплотипам и гаплогруппам Y-хромосомы и по мтДНК. Вот так должно строиться исследование того вопроса, каковы эволюционные пути современного человечества.

На самом деле, этот ответ уже получен – нет в нас «африканских» мутаций, приобретенных ими за последние 150-200 тысяч лет. Мутации от общего предка с шимпанзе, которым миллионы лет, в наших ДНК есть, и много, а мутаций от африканцев, приобретенных ими за последние 160 тысяч лет, в наших ДНК нет.

Об этом и пойдет речь.

Итак, что говорят на этот счет экспериментальные данные? Начнем с гаплотипов и гаплогрупп человека, проецируемых на времена более 100 тысяч лет назад. Проецируемых – потому что ископаемых гаплотипов и гаплогрупп того времени нет. Пока не выявлены, задача технически очень сложная, потому что за такие времена ДНК человека разлагается почти полностью, особенно под влиянием микроорганизмов. ДНК неандертальца (точнее, неандерталки) давностью 45 тысяч лет выделена и в значительной степени расшифрована, а вот ДНК человека 160 тысяч лет назад – это задача на порядки потруднее.

Как поступают в таких случаях? Определяют гаплотипы у современных популяций мужчин, если анализ проводят по Y-хромосоме. Но выборку анализируют не по какой-то «новогвинейской» или «африканской» популяции, которая может быть совершенно разнородной, а среди носителей определенного субклада гаплогруппы, то есть среди людей, объединенных конкретным набором мутаций. Они – родственники, и для них довольно точно рассчитывается, когда жил их общий предок. Например, среди современных африканцев есть довольно представительная группа людей, которая по классификации попадает в субклад A1b1b2b, помеченный цветом (третий снизу) на дереве субкладов гаплогруппы А ниже. Это дерево показывает иерархию субкладов гаплогруппы А, то есть эволюцию гаплогруппы А. Видно, как ветвится дерево – от ствола в сторону отошла древнейшая гаплогруппа A00, ее ветви (субклады) пока неизвестны. Ствол продолжает гаплогруппа A0-T, которая разошлась на два субклада – A0 и A1; A1 в свою очередь разошлась на A1a и A1b; A1b – на A1b1 и BТ. Сводная гаплогруппа BТ, как будет ещё показано, очень удалена от гаплогрупп серии «А», да и в серии «А» непонятно, какие субклады могут быть названы африканскими по происхождению. Пока складывается, что только гаплогруппы A00 и A0, то есть первая и третья сверху (отошедшие в сторону от стволовой ветви, ведущей от общего предка с шимпанзе миллионы лет назад, к неафриканской гаплогруппе BТ) на показанном ниже дереве, и субклады последней (A0a, A0b, A0a1, A0a2, A0a1a и A01ab) могут рассматриваться как африканские по происхождению или по прибытию в Африку более 100 тысяч лет назад. Остальные, начиная с A1 (находящейся на той же стволовой ветви), раздваиваются на африканские (отходящие в сторону) и предположительно неафриканские (стволовые) ветви.



Давайте рассмотрим еще раз, более четко, как ветвится дерево гаплогрупп, как каждая ветвь расходится на вилки, и как одна часть вилки уходит (мигрирует) в Африку, а другая часть остается вне Африки, и опять расходится на очередную вилку. Иначе говоря, в Африку миграции приходили волнами. В итоге прослеживается неафриканский ствол, ведущий к нам с вами, читатель, и от которого в сторону отходят африканские побеги. Мы от этих побегов не произошли. Здесь надо заметить, что термины «ствол», «стволовая» и «отходящие в сторону» выбраны условно, и можно, наоборот, назвать африканские ветви стволовыми, а неафриканские – отходящими в сторону. Эти понятия на самом деле симметричны.

*Вилка 1* – от основного эволюционного Y-хромосомного «ствола», идущего от общих предков с приматами (шимпанзе, горилла, орангутанг, макака) примерно 300-600 тысяч лет назад отходит ветвь неандертальцев (*Homo neanderthalensis*); они не были африканцами, во всяком случае, их следов в Африке не обнаружено, поэтому можно полагать, что и общий ствол 300-600 тысяч лет назад был неафриканским родом *Homo*.

*Вилка 2* – от ствола примерно 210 тысяч лет назад отходит наиболее древняя из пока обнаруженных ветвей букета гаплогрупп А, гаплогруппа А00 (сейчас все ее обнаруженные носители живут в Африке в составе племени Мбо, или являются афро-американцами; никаких сведений об их антропологии или анатомии обнаружить не удалось, в статье, приводящей их гаплотипы, об этом ни слова).

*Вилка 3* – ствол достигает гаплогруппы А0-Т (предположительно неафриканской), которая расходится примерно 180 тысяч лет назад на африканскую гаплогруппу А0 и предположительно неафриканскую А1; другими словами, от ствола отходит очередная африканская гаплогруппа А0.

*Вилка 4* – Неафриканская гаплогруппа А1 расходится на африканскую А1а и предположительно неафриканскую А1b; другими словами, от ствола отходит очередная африканская гаплогруппа А1а.

*Вилка 5* – Неафриканская гаплогруппа А1b расходится на африканскую А1b1 и неафриканскую ВТ (бета-гаплогруппа на первой диаграмме); другими словами, от ствола отходит очередная африканская гаплогруппа А1b1.

Теперь – очень важное положение нашего рассмотрения. Вилки 3, 4 и 5 расходятся от гаплогрупп А0-Т, А1 и А1b, соответственно.

От первой в сторону отходит А0 (которая найдена в Африке) и А1 (носители которой пока нигде не найдены). Мы, неафриканцы, исходим от А1 (и не исходим от А0, ее мутаций в нас нет).

От А1 в сторону отходит А1а (которая найдена в Африке) и А1b (носители которой пока нигде не найдены). Мы, неафриканцы, исходим от нее. В нашей Y-хромосоме – мутации от А1b, но не от А1а.

От А1b в сторону отходит А1b1 (которая найдена в Африке, Европе и Азии) и ВТ, из которой вышли все неафриканские гаплогруппы, в том числе основные европейские гаплогруппы R1a, R1b, I1, I2, N1c1.

**Для того, чтобы «доказать», что все люди на Земле вышли из Африки (в виде своих предков, естественно), сторонники концепции «выхода из Африки» объявляют все эти три узловые гаплогруппы – А0-Т, А1 и А1b «африканскими». Повторяю, что никакая из них в Африке не найдена. Но это «сторонников» не беспокоит. Читатель уже понял, что там – другие приемы, которые научными назвать никак нельзя. Они объявляются африканскими, и «сторонники» говорят – ну, смотрите, все европейские и азиатские гаплогруппы выходят из африканских, из А0-Т, А1 и А1b. Всё, концепция «выхода из Африки» доказана.**

На самом деле, это не доказательство, а насмешка над научным рассмотрением и над здравым смыслом. Значительно более вероятно, что эти три гаплогруппы вовсе не

африканские, а их носители жили вне Африки. Тогда легко объясняется связка между предком светлогожего неандертальца (об этом – ниже) и светложими же современными людьми. Легко объясняются уходы в Африку – после расхождений-вилки – носителей гаплогрупп A0, A1a, A1b1, которые и сейчас преимущественно живут в Африке. Легко объясняются огромные временные дистанции между африканскими и неафриканскими гаплогруппами, потому что они сходятся к далеким общим предкам, а не выходят непосредственно друг из друга (тогда дистанции были бы примерно 60-70 тысяч лет, а они на самом деле 250-300 тысяч лет. Принципиально не могут выйти неафриканские линии из африканских, чтобы их разделяли 250-300 тысяч лет. Да и сами сторонники «выхода из Африки» постоянно провозглашают, что выход был 60-70 тысяч лет назад. Они же не считали, и не знают, что там дистанция на самом деле в 4-5 раз больше.

Поэтому в описании вилки выше я везде пишу «предположительно неафриканская гаплогруппа» A0-T, A1, A1b.

Таким образом, где бы не жили первопредки неандертальцев и те, с кем они разошлись в ходе эволюции (то есть те, которые продолжали «основной ствол» эволюционного дерева Y-хромосомы), носители гаплогрупп A00, A0, A1a, A1b1 мигрировали от них в Африку, и продолжали свою эволюцию там, принимая многочисленных более поздних мигрантов в Африку и тем самым увеличивая африканское «разнообразие».

В целом, можно насчитать четыре основных древних миграции в Африку на протяжении последних нескольких сот тысяч лет – гаплогруппа A00 примерно 210 тысяч лет назад, гаплогруппа A0 примерно 180 тысяч лет назад, гаплогруппа A1a примерно 160 тысяч лет назад, гаплогруппа A1b1 примерно 70 тысяч лет назад. Разумеется, происходили и более поздние миграции, например 3000 и 900-1800 лет назад, описанные в работе (Hayden, 2013), которые тоже увеличивали «генетическое разнообразие» в Африке, так что «разнообразие» – не аргумент «прародины».

Я уже упомянул, что носители гаплогруппы A1b1 живут и в Африке, и в Европе, и в Азии. Видимо, поэтому субклад A1b1b2b-M13 [в Проекте гаплогруппы А](#) оказывается наиболее многочисленным. Он расходится на две основные ветви – арабскую и европейскую. Кто был родоначальником этих ветвей и где он жил – мы не знаем, но ветвь довольно неглубокая, то есть она относительно недавно прошла бутылочное горлышко популяции. Ее гаплотипы представляют собой ценный источник информации, поскольку помещают даже неглубокую (по времени) ветвь в поле всех гаплотипов человечества. Гаплотипы и после бутылочного горлышка популяции не могли самозародиться, они могли только продолжить эволюцию от древнейших общих предков. Анализ гаплотипов с использованием самых «медленных», самых стабильных 22 маркеров Y-хромосомы (Klyosov, 2011), показывает, что общий предок арабской ветви субклада A1b1b2b имел гаплотип

12 11 11 9 11 10 10 9 12 12 7 12 8 0 13 11 16 9 14 9 11 11

а общий предок европейской ветви имел гаплотип

12 11 11 9 11 10 10 9 12 12 7 10 8 0 13 11 16 10 14 9 11 11

Между ними всего три мутации, что помещает общего предка арабской и европейской ветвей примерно на 7170 лет назад, с погрешностью плюс-минус пять процентов. Для целей нашего описания эти расчеты пока не очень важны, поскольку видно, что приведенные выше гаплотипы близки друг к другу.



Давайте сопоставим эти гаплотипы с предковым африканским гаплотипом группы A00:

13 11 12 10 11 16 10 9 14 14 8 8 8 9 12 11 12 8 12 12 11 11

Это сопоставление показывает разницу уже в 30 и 29 мутаций, то есть разводит общих предков этих гаплотипов как минимум на 286-308 тысяч лет (формулы расчетов опубликованы в работе [Klyosov, 2011, 2012]), и помещает общего предка гаплогруппы A00 примерно на 210 тысяч лет назад. Зависимость между числом мутаций и временем не линейная, а степенная, поскольку на больших временах часть мутаций возвращаются обратно, и на это при расчетах вводится соответствующая статистическая поправка (Klyosov, 2009; Klyosov, 2012). Гаплотипы гаплогруппы A00 получены у чернокожего племени Мбо, живущего в Камеруне, и у афро-американца, предположительно вывезенного столетия назад из того же племени (Mendez et al, 2013).

Если мы теперь сравним эти гаплотипы с предковым гаплотипом гаплогруппы В

11 12 11 11 11 10 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11

то мы увидим 29 мутаций от гаплогруппы A00, и практически столько же – 29 и 27 мутаций – от арабской и европейской ветвей гаплогруппы A1b1b2b. Это – как минимум 286-248 лет между общими предками гаплогрупп А и В. Это колоссальное разделение во времени никак не позволяет гаплогруппе В быть потомком гаплогруппы А. А вот иметь общего предка 160 тысяч лет назад и разойтись от него на 250-300 тысяч лет – можно. Это опять согласуется с диаграммой выше. Нельзя эти гаплогруппы сопоставлять «линейно» только потому, что они находятся визуально рядом на дереве гаплотипов, как нельзя сопоставлять ветви дерева в лесу «линейно», по расстоянию между ними, только потому, что они оказались рядом. А рядом могут оказаться ветви березы и ели, растущей по соседству.

Итак, гаплогруппа В очень удалена от гаплогруппы А, на 27-29-30 мутаций. А вот от европейских (в значительной степени) гаплогрупп R1a и R1b она удалена не так сильно, всего на 12 и 10 мутаций, соответственно:

11 12 13 11 11 12 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1b-M269)

12 12 11 11 11 11 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a-Z280)

Сами же эти гаплотипы (R1b и R1a) разделены всего 8 мутациями, что соответствует времени жизни их общего предка (гаплогруппа R1) примерно 26 тысяч лет назад. Общий предок гаплогруппы В жил около 50 тысяч лет назад, и он не образовался из гаплогруппы А, они – независимые ДНК-генеалогические линии, выходящие из одного общего предка – альфа-гаплогруппы, 160 тысяч лет назад.

В Европе живут и другие носители гаплогруппы А, правда, их пока найдено немного. Несколько лет назад вышла научная статья под названием «Африканцы в Йоркшире?» (King et al, 2007), в которой описано семейство носителей гаплогруппы А в Англии, которые и не подозревали, что у них африканские корни по мужской линии. Базовый 17-маркерный гаплотип у них оказался следующий (в порядке маркеров DYS393, 390, 19, 391, 388, 439, 389-1, 392, 389-2, 437, 438, 434, 435, 436, 460, 461, 462):

14 23 17 10 10 11 12 11 17 14 8 12 12 11 11 12 12

А у арабской ветви субклада A1b1b2b, описанного выше

13 21 15 9 11 12 13 11 18 16 10 9 11 11 11 13 13

Между ними – 20 мутаций на 17 маркерах, что соответствует как минимум 19 тысячам лет до их общего предка, английских и арабских гаплотипов гаплогруппы А. Кто в этом случае куда передвигался – или в Африку, или из Африки – сказать невозможно. Сценарии могли быть любые. Сторонник же концепции «выход из Африки» тут же скажет, что они вышли из Африки. Вот такая психологическая установка.

### **Дебаты последних двух лет в отношении приведённой диаграммы**

Когда статья, содержащая представленную выше диаграмму и её интерпретацию, была опубликована в мае 2012 года в журнале «Advances in Anthropology» (Успехи антропологии), это поначалу вызвало неприятие у популяционных генетиков. Конкретно, неприятие вызвали три основных вывода: (1) африканские и неафриканские ДНК-линии разошлись примерно 160 тысяч лет назад, и между ними имеется соответствующее значительное расстояние; (2) неафриканские ДНК-линии не являются потомками африканских гаплогрупп A00, A0, А с субкладами; и, как следствие, (3) никакого «выхода из Африки» у современного человечества не было, во всяком случае в последние 200 тысяч лет. А если и было, то было туда-сюда, встречными миграциями, и современного человечества очередная «туда-сюда» миграция не породила. Во всяком случае, в данном отношении они эквивалентны.

Надо сказать, что это неприятие в академической научной печати вообще не высказывалось. Популяционные генетики как воды в рот набрали. Страсти кипели на англоязычных форумах, в неформальных дискуссиях. Было объявлено, что эта диаграмма и, соответственно, ее выводы полностью противоречат консенсусу про выход человечества из Африки, и противоречат всем опубликованным диаграммам и деревьям гаплогрупп, полученным с помощью геномных исследований. Было также объявлено, что неафриканские линии выходят из гаплогрупп с индексом «А», значит, африканских. Было объявлено, что это не согласуется с эволюцией женских, мтДНК, у которых (ныне) неафриканские линии тоже выходят из Африки, а мужские и женские гаплогруппы должны были выходить из Африки вместе.

На самом деле, эти все возражения были в принципе неверными. Оппоненты или не хотели, или не могли разобраться, и, как обычно, пытались «брать горлом». Давайте посмотрим и убедимся, что никаких противоречий на самом деле нет, и оппоненты просто повторяли заученные мантры, что в популяционной генетике слишком часто принято.

### **Недавняя книга «Эволюционная генетика человека» – правильные данные, неверная интерпретация**

Раскрываем новую книгу – «Эволюционная генетика человека» (Human Evolutionary Genetics), авторы Jobling, Hollox, Hurler, Kivisild, Tyler-Smith, год издания 2014 (именно так, издательство забежало на полгода вперед), глава 9 – «Происхождение современного человека», стр. 304-305. Раздел «Митохондриальные ДНК». Цитата: «Исследования показали поразительные особенности: полное разделение африканских и неафриканских ДНК-линий» («Complete separation of African and non-African lineages»). Раздел «Y-хромосомы». Цитата: «Хотя менее детальные, чем мтДНК, исследования показали близкие параллели: полное разделение африканских и неафриканских ДНК-линий»

(«Complete separation of African and non-African lineages»).

Как мы видим, никаких противоречий с диаграммой выше. Но авторы уже накручивают свои интерпретации, основываясь на данных 2000 года – и по мтДНК, и по Y-хромосоме. Так, Y-хромосомную гаплогруппу В считают африканской, и пишут, что соответствующая ветвь содержит «как африканские, так и неафриканские ДНК-линии». Смотрим на диаграмму – да, гаплогруппа В находится в одном кусте с неафриканскими гаплогруппами, и мы выше показали, что она удалена от африканских гаплогрупп, и находится в одном кластере с неафриканскими, с одним общим предком. А почему авторы назвали ее «африканской»? Да так, многие носители гаплогруппы В *сейчас* живут в Африке. Помните, как я писал про популяционных генетиков? «Что вижу, то и пою». У них раз в одном кластере находятся как гаплогруппа В, так и неафриканские линии, значит, «выход из Африки». А они все там, в том кластере, неафриканские. Да если бы и была неафриканская линия вместе с неафриканскими – почему непременно «выход из Африки»? Почему с тем же успехом не «вход в Африку»? А так, маршируют по накатанному тракту, ответ заранее известен. Датировку этого кластера, содержащего неафриканские гаплогруппы и гаплогруппу В (тоже неафриканскую по происхождению) авторы книги дают как  $52 \pm 28$  тысяч лет назад. У меня в статье –  $64 \pm 6$  тысяч лет назад. Где же противоречие?

Те же авторы приводят датировку всех ДНК-линий –  $172 \pm 50$  тысяч лет назад. Действительно, у меня в статье  $160 \pm 12$  тысяч лет назад. Где же противоречие? То есть популяционные генетики оспаривают не по сути, не с данными в руках, а просто «в принципе», ради неприятия. Обычное дело.

В отношении мтДНК авторы симметрично приводят те же самые интерпретации, что и с Y-хромосомой – похожая ветвь, содержащая «африканские мтДНК» (потому что *сейчас там живут*) и неафриканские – значит, «выход из Африки», причем датировка этой «смешанной» ветви между 31 и 79 тысяч лет назад, с медианой 40 тысяч лет назад, датировка совокупности всех мтДНК – между 40 и 140 тысяч лет назад, медиана 59 тысяч лет назад. Разнобой в датировках между Y-хромосомными данными и мтДНК авторы и не обсуждают, а зачем? Вывод давно готов – «выход человечества из Африки». Этот же вывод, хотя в осторожном виде – и в заключении по главе. Там же и про «более высокое генетическое разнообразие в Африке», и то, что в Африке человек появился примерно 200 тысяч лет назад, а вне Африки – после 45 тысяч лет назад. Здесь же и про консенсус специалистов о «выходе из Африки». Мы видели, что все эти (или подобные) датировки и «разнообразия» объясняются диаграммой выше, но популяционисты других объяснений не хотят. У них – «консенсус».

### **История с продолжением статьи Канн (1987) «о выходе из Африки», но уже без Канн (1991)**

По-своему интересно продолжение статьи Канн и других (Cann, Stoneking and Wilson, 1987), которую мы обсуждали выше. Новая статья вышла спустя четыре года (Vigilant et al, 1991), в авторах Канн уже нет, но есть два прежних соавтора, Стоункинг и Уилсон, с тремя новыми авторами. Статья 1991 года сообщает, что работа Канн и др. (1987) встретила резкое неприятие многих специалистов из-за того, что общий предок человечества якобы жил в Африке, и признает, что в статье Канн и др. (1987) было много слабых звеньев. Эти слабые звенья авторы (двое из которых и были авторами той слабой, по их признанию, работы) перечисляют на протяжении целого абзаца – там и непрямой метод сопоставления мтДНК, и малая выборка, причем состоящая в основном из американцев африканского происхождения, и заведомо непригодный метод «средней

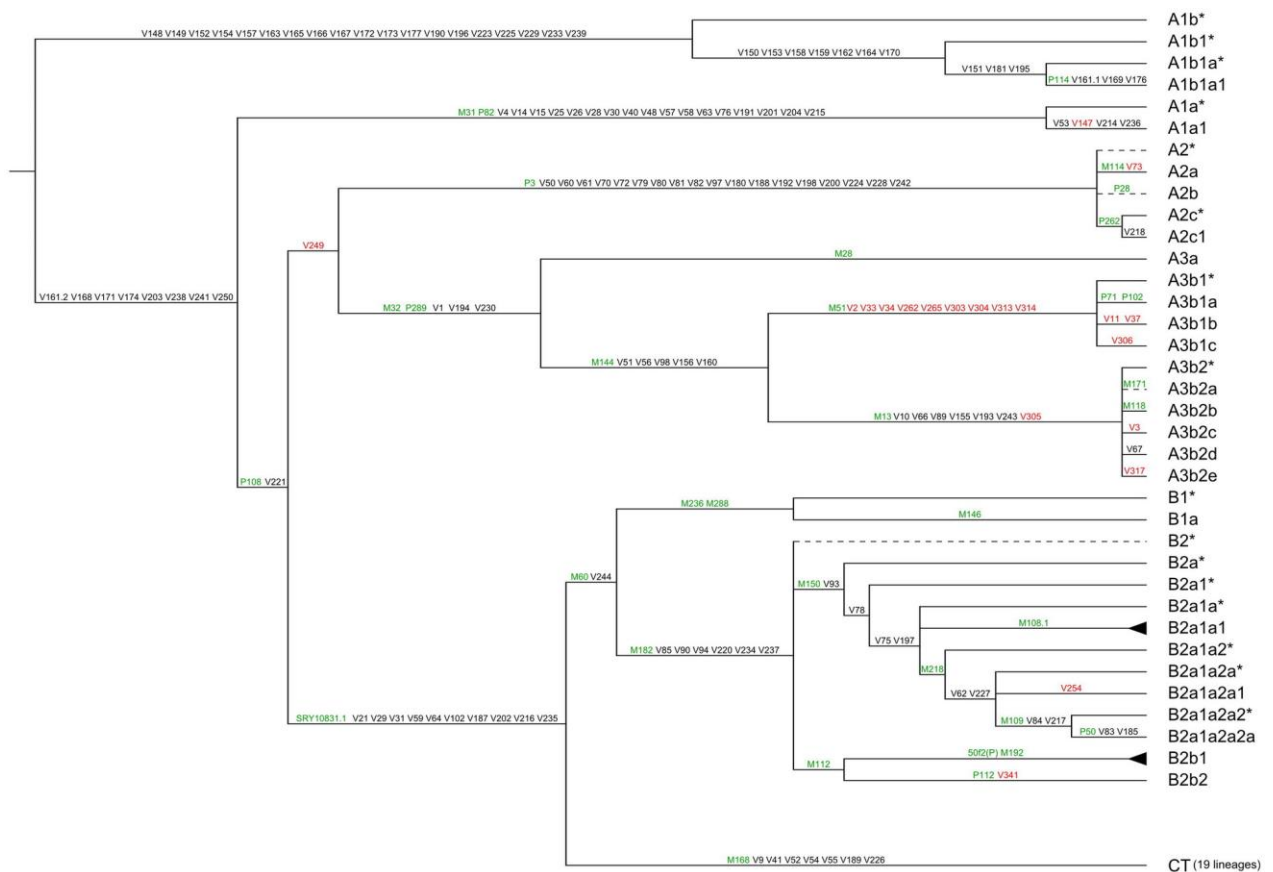
точки», примененный авторами статьи 1987 года, и отсутствие статистической обработки полученных данных, и «неадекватная калибровка» скорости мутаций в мтДНК, и другие. Иначе говоря, эта заведомо слабая статья, по признанию самих авторов, легла в основу теории «выхода из Африки». Но процесс уже пошел, поэтому последующая статья (1991) преследовала цель все-таки оправдать концепцию «выхода из Африки», что неафриканцы произошли от африканцев, и фактически заменить собой слабую, раскритикованную статью 1987 года.

И в чем было то самое оправдание? Показать, что африканские мтДНК древнее неафриканских. Но это опять продолжение той вечной фундаментальной ошибки популяционных генетиков, что если одна популяция древнее другой – то первая популяция якобы предковая по отношению ко второй. Взглянем опять на ту же самую диаграмму выше – левая ветвь древнее правой, но она не предковая по отношению к правой. У них – один общий предок. И вот эту фундаментальную ошибку популяционной генетики повторяют все последующие 25 лет, до настоящего времени. Опять и опять авторы статьи (1991) повторяют, что африканская ветвь древнее неафриканской, значит, предковая, не понимая, что это вовсе не является доказательством «предковости». Мой дядя «древнее» чем я, но он не мой предок.

В заключении статьи (1991) авторы пишут: мы представили самые строгие доказательства, что наш общий предок жил в Африке 200 тысяч лет назад. На самом деле, как читатель уже давно понял, эти доказательства на самом деле были о том, что сохранившаяся ветвь людей, ныне живущих в Африке, древнее сохранившейся ветви людей, живущих вне Африки. О «предковости» эти «доказательства» ничего не говорят. Для этого надо сравнивать гаплотипы популяций (что авторы статьи 1991 года не делали, и популяционную генетику не делают до сих пор) и их снп-мутации (что авторы не делали), и последнее тоже показывает, что наши предки из Африки не вышли. Об этом – следующий раздел.

### **Снип (SNP)-мутации показывают, что мы – не потомки африканцев гаплогрупп А или В**

Перейдем к недавней статье (Scozzari et al, 2012), которую часто ставят в пример как образцовую работу по геному африканцев и обоснованию «выхода человечества из Африки». Действительно, статья объявляет об обнаружении 22 новых необратимых мутаций в Y-хромосоме человека, о подтверждении 146 известных мутаций и о конструировании нового, улучшенного дерева гаплогрупп и субкладов африканцев с переходом в неафриканскую часть дерева, и именно сводной гаплогруппы СТ. Это – вся правая часть дерева выше на диаграмме, от гаплогруппы С до R2. Авторы статьи называют ее «вышедшей из Африки». Посмотрим, так ли это. Дерево гаплогрупп и субкладов из статьи (Scozzari et al, 2012):



Дерево самых древних гаплогрупп и субкладов, приведенное в статье (Scozzari et al, 2012). Показаны номера необратимых мутаций (SNP, Single Nucleotide Polymorphism, или снипы), которые задают определенные субклады. Видно, что больше половины субкладов относятся к гаплогруппе А, которую авторы считают африканской. Все остальные субклады, кроме одного, относятся к гаплогруппе В, которую авторы также считают африканской. Гаплогруппа в нижней правой части, СТ, состоит, по данным авторов, из 19 ДНК-линий, все неафриканские. **Картинка кликабельна.**

Обратим внимание на некоторые особенности дерева на этом рисунке. Оно начинается (точнее, продолжает эволюционный ствол Y-хромосомы человека) в верхней левой части диаграммы, тут же идет первое расхождение, или вилка (гаплогруппа А0-Т, хотя это название на диаграмме не показано), на гаплогруппу А1b (так на диаграмме) с субкладами, с одной стороны, и на остальную часть дерева, с другой. Иначе говоря, от дерева отходит первая африканская ветвь, и никакие неафриканцы (гаплогруппа СТ) от нее уже не происходят. В статье используется уже устаревшая номенклатура 2011 года, и то, что в статье обозначено как А1b, сейчас называется А0, со снипами V148, V149 и другими, приведенными на верхней линии диаграммы (см. выше также дерево гаплогруппы А).

На следующей вилке (гаплогруппа А1) в сторону отходят африканские гаплогруппы А1а и А1а1 с их снипами М31, Р82, V4 и другими, в другую сторону – остальная часть дерева. От второй африканской ветви (А1а с субкладом) неафриканцы (гаплогруппа СТ) тоже не происходят.

Третья вилка – гаплогруппа А1b согласно нынешней классификации. От нее отходят в сторону африканские гаплогруппы А2 и А3 с субкладами (номенклатура устаревшая), сейчас это А1b1 со снипом V249/L419, которая далее расходится на субклады А1b1а-V50 (бывшая А2) и А1b1b-М32 (бывшая А3), оба с подгруппами. Среди последних – субклад

A1b1b2b-M13, тот самый, из которого выходят арабская и европейская ДНК-линии, гаплотипы которых мы рассматривали выше. Другая ветвь этойвилки от гаплогруппы A1b – сводная гаплогруппа ВТ, показанная в нижней части рисунка из статьи (Scozzari et al, 2012). Совершенно ясно, что эта гаплогруппа ВТ никоим образом не образуется от «африканских» гаплогрупп с индексом А, которые все находятся в верхней части этого рисунка. Слово «африканские» здесь приходится брать в кавычки, поскольку среди их субкладов и те самые европейская и арабская ветви, причем европейская – это, в основном, Англия, Ирландия, Шотландия, Турция (хотя лишь 3% Турции территориально находится в Европе), арабская – в основном Саудовская Аравия, и гаплотипы из Англии, Швейцарии, Финляндии и других стран.

Естественно, можно утверждать, что европейские и азиатские гаплотипы гаплогруппы А когда-то вышли из Африки вместе с мигрантами оттуда, но с таким же успехом можно утверждать, что они попали в Африку тем же путем. Так что эти аргументы не проходят, хотя только «из Африки» вызывает поддержку среди сторонников «выхода из Африки». Альтернативные объяснения они не рассматривают в принципе.

Завершая рассмотрение рисунка из статьи (Scozzari et al, 2012), стоит отметить и тот факт, что общепризнанно «неафриканская» сводная гаплогруппа СТ (нижняя линия на рисунке) не выходит и из гаплогруппы В с ее субкладами, назвать ее африканской или нет. Видно, что эволюционный путь гаплогруппы СТ минует все «африканские» гаплогруппы, даже если они все содержат европейских или других предков. Если двигаться вверх по временной шкале (то есть слева направо) мутационный путь гаплогруппы СТ выходит из основного «ствола» эволюции Y-хромосомы человека, то есть ниже «хвостика», обозначенного на рисунке слева вверху, проходит через гаплогруппу А0-Т (никаких сведений, что она якобы «африканская» – нет), далее через гаплогруппу А1 (то же самое, нет никаких сведений, что она якобы «африканская»), далее через гаплогруппу А1b, тоже неафриканскую, далее через гаплогруппу ВТ, и становится гаплогруппой СТ. Все три «африканские» ветви (А0, А1а, А1b1) на этом пути уходят в сторону путем соответствующих ответвлений, вилок.

Мы остановились на этом столь подробно, потому что в академической литературе, и тем более в популярной, такой или подобный анализ никогда не проводился. Обычно показывается дерево, как на рисунке из статьи (Scozzari et al, 2012), и скороговоркой сообщается, что оно «свидетельствует о выходе человечества из Африки». Никакого объяснения не дается. Ответ готов уже заранее. Иногда доходит до абсурда – сообщается, что гаплогруппы ВТ и СТ выходят из гаплогрупп А1b, или А1, или А0-Т, значит, это африканские гаплогруппы, поскольку имеют индекс «А». То есть подмена понятий зашла настолько далеко, что абсолютно условные названия принимаются за доказательства тезиса. То, что эти гаплогруппы могли с таким же успехом назвать Х, Y, Z, или W, в голову уже не приходит. Раз «А», значит, Африка, нет и сомнений.

Так что никакого противоречия между рисунком из статьи (Scozzari et al, 2012) и диаграммой выше нет, они показывают те же самые закономерности эволюционного развития гаплогрупп, а именно расхождение на «африканские» и «неафриканские» ветви. Разница между ними только в том что на рисунке из статьи (Scozzari et al, 2012) более детально показаны субклады гаплогрупп А («африканской») и В, а на диаграмме – «неафриканские» гаплогруппы ВТ. Ещё в том, что первое изображение построено с учетом хронологической шкалы, а второе – без учета. Чтобы показать сходство, расположим оба дерева гаплогрупп вертикально, в одном направлении.





важным, чем получить ответ, что человечество из Африки не выходило.

Посмотрим на упомянутую статью Scozzari et al (2012). В какой момент там появилась фраза об африканском происхождении человека? На чем основана?

Эта фраза появляется уже во втором абзаце введения в статью, и сообщает, что гаплогруппа СТ является результатом «недавнего выхода из Африки». В подтверждение этого дается ссылка на статью консорциума Проекта «1000 геномов» под названием «Карта вариаций генома человека» (Nature, 2010), в которой про выход из Африки вообще ни слова, как и про гаплогруппу СТ. Понимаете, в чем проблема? Сторонников концепции «выхода из Африки» приходится постоянно ловить за руку, и это продолжается уже более 20 лет. Еще несколько абзацев ниже – опять про «выход из Африки», уже гаплогруппы С, и вообще никакой ссылки.

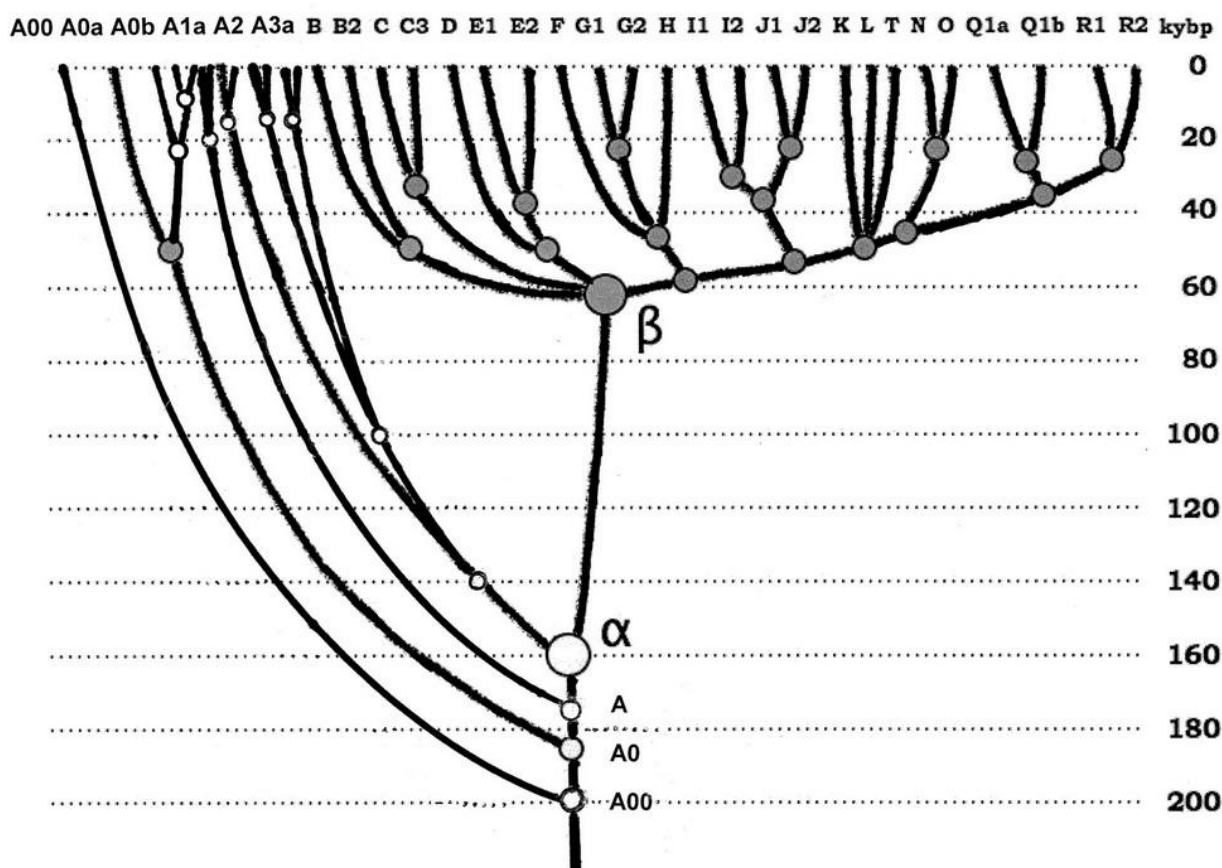


Диаграмма эволюции гаплогрупп современного человечества с добавлением недавно обнаруженной гаплогруппы A00, и с заменой устаревшей номенклатуры 2012 года на номенклатуру 2013 года. На горизонтальной оси – основные гаплогруппы Y-хромосомы человечества, на вертикальной – абсолютная шкала времени. Общия предок альфа-гаплогруппы (гаплогруппы A1b в нынешней классификации) жил примерно 160 тысяч лет назад, общия предок бета-гаплогруппы (или предковой для гаплогрупп от B до T) –  $64 \pm 6$  тысяч лет назад (из статьи A.A. Klyosov and I.L. Rozhanskii, *Advances in Anthropology*, 2012b).

Идем по статье (Scozzari et al, 2012) дальше. Описывается гаплогруппа A1b (самая верхняя линия на рисунке, взят из этой статьи, которая первой отошла от остальной части дерева, и по новой номенклатуре называется гаплогруппой A0). Она же отходит влево от дерева на обновлённой диаграмме эволюции гаплогрупп современного человечества примерно 180 тысяч лет назад. Сообщается, что людей с такой мутацией (P114) найдено

очень мало, всего трое из Камеруна, из них один – в данной работе. Мой комментарий – очень хорошо, у меня лично нет больших сомнений, что гаплогруппа A0 и ее ветви – африканские. Но мы от них не произошли, что дерево и показывает.

Далее, авторы сообщают, что в Нигере нашли двух человек гаплогруппы A1a – вторая линия в верхней части рисунка из статьи (Scozzari et al, 2012), тоже «африканская». Мой комментарий – и с этим нет никаких проблем. Неафриканских потомков от них тоже нет, согласно тому же рисунку.

Далее, гаплогруппа A2, то есть по нынешней номенклатуре A1b1a, третья по счету линия на рисунке из статьи. Авторы сообщают, что носители этой гаплогруппы почти все говорят на щелкающих языках южной Африки, а также являются пигмеями центральной Африки. Авторы нашли троих носителей этой гаплогруппы в Южной Африке. Мой комментарий – замечательно, нет проблем, это вполне африканская линия, и неафриканцы от нее не происходят, как показывает тот же рисунок.

В отношении гаплогруппы A3, то есть по нынешней номенклатуре A1b1b-M13, авторы нашли десять носителей этой гаплогруппы – в Эфиопии, Кении и Южной Африке. Еще 28 человек, обладателей этой гаплогруппы из европейских стран и Саудовской Аравии, приведены в Проекте гаплогруппы А, на который выше дан линк. Но пусть эта гаплогруппа считается африканской, все равно неафриканцы от нее не происходят, как видно из рисунка статьи (Scozzari et al, 2012). Гаплогруппу В авторы отправляют к югу от Сахары, а также по всей Африке – центральной, восточной и южной. Мы уже показывали выше, что гаплотипы гаплогруппы В чрезвычайно удалены от «африканских», и явно имеют другое происхождение, родственное неафриканским гаплогруппам. Но это в данном случае не имеет значения, так как «неафриканские» ДНК-линии гаплогруппы СТ не выходят из гаплогруппы В. Они с ней имеют общего предка – гаплогруппу ВТ.

И какой же после всего этого делают вывод авторы статьи (Scozzari et al, 2012)? Вы, читатель, будете смеяться, но вывод такой, что гаплогруппы СТ вышли из Африки, и не только из Африки вообще, а из ее северо-западного региона. Именно там, по словам авторов, находятся «истоки разнообразия Y-хромосомы человечества». Как, откуда? Ведь даже беглый взгляд на дерево гаплотипов показывает, что в основе СТ нет африканских источников. Все они – в верхней части диаграммы. А вот так. На этот счет в Америке есть поговорка – «не путайте меня фактами, я уже настроился».

Как читатель уже понял, и понял давно, «выход человечества из Африки» стал форменной религией, основанной, как и положено религии, на вере, и аргументы там уже почти бесполезны.

Об этом же и другая относительно недавняя статья (Cruciani et al, 2011), в которой уже в названии стоит «происхождение разнообразия в Африке». На каком научном основании? Да все на том же – показали, что африканские Y-хромосомные линии древнее, чем линии неафриканцев. Опять в соответствии с диаграммой выше. Их дерево гаплогрупп почти такое же, как и на рисунке из статьи (Scozzari et al, 2012), но с датировками – 142 тысяч лет назад в сторону от эволюционного Y-хромосомного ствола отошла ветвь A1b (A0 в новой классификации), затем примерно 108 тысяч лет назад отошла ветвь A1a, затем, 105 тысяч лет назад, ветвь A2, затем, те же 105 тысяч лет назад, ветвь A3, которые авторы считают африканскими, поскольку они найдены у четырех африканцев, у которых эти гаплогруппы определяли – и пусть считают, и только затем, 75 тысяч лет назад, отошла ветвь ВТ и далее, 39 тысяч лет назад, ветвь СТ, уже общепризнанно неафриканская. Ни ВТ, ни СТ от «африканских» линий не происходят. Но поскольку точки ветвления

авторами названы буквой «А» (A1a-T, A2-T), что автоматически принимается за «африканские», то вот и «происхождение из Африки». Поражает такой тип прямолинейного мышления популяционных генетиков.

Хорошо, это – мужская, Y-хромосома. Ясно, что соответствующие экспериментальные данные не показывают никакого выхода из Африки. Нет в основе неафриканских гаплогрупп африканских снип-мутаций. Неафриканские гаплотипы исключительно удалены от африканских. Как признают практически все источники, между ними – огромный разрыв, но авторы дальше не идут. Закрыв глаза, повторяют как мантру – «вышли из Африки».

### **Перекрестная проверка диаграммы с помощью снипов (SNP)**

Существует еще один подход к проверке топологии дерева, представленного на диаграмме чуть выше, с помощью снипов. Дело в том, что в ходе эволюционного развития Y-хромосомы в ней накапливаются практически необратимые мутации, так называемые SNP (Single Nucleotide Polymorphism), или снипы. Чем длиннее переход в диаграмме, тем больше вероятность снипа, тем их больше накапливается в Y-хромосоме (и в остальных хромосомах, но в данном случае мы рассматриваем только Y-хромосому). Самая протяженная эволюционная линия – гаплогруппы A00, она самая архаичная, поэтому в носителях этой гаплогруппы должно обнаружиться максимальное количество снипов. На втором месте по протяженности – гаплогруппа A0, на третьем – линии гаплогруппы A (A1a). Расстояние между альфа- и бета-гаплогруппами (то есть от A1b до BT) должно быть относительно небольшим (по сравнению с протяженностью линий A00 и A0), и далее снипы уже накапливаются при переходе от BT по линиям конкретных, уже более современных гаплогрупп.

Так и оказалось, в подтверждение диаграммы. Я сейчас приведу список снипов по каждой из перечисленных гаплогрупп – с одной стороны, создав некий компактный справочник, чтобы с ним можно было работать, кому нужно, а с другой, чтобы не просто ограничиться на словах неким числом, которое проверить трудно. Правда, эти числа снипов не являются окончательными – время от времени открывают новые снипы. Далее, поскольку снипы появляются неупорядоченно, то мы имеем дело со статистикой, а не с абсолютными, неизблемыми числами. Так что список ниже и число снипов по каждой гаплогруппе находятся в развитии, хотя общее представление дают.

Итак – гаплогруппа A00, самая древняя, самая архаичная, ее эволюционная линия на диаграмме самая протяженная. Эти снипы выявили в племени Mbo (Мбо, русскими буквами) в африканском Камеруне:

AF4, AF5, AF7, AF8, AF9, AF10, AF13, L990, L1086, L1087, L1088, L1091, L1092, L1094, L1096, L1097, L1100, L1102, L1103, L1104, L1106, L1107, L1108, L1109, L1110, L1111, L1113, L1114, L1115, L1117, L1119, L1122, L1126, L1131, L1133, L1134, L1138, L1139, L1140, L1141, L1144, L1146, L1147, L1148, L1149, L1151, L1152, L1154, L1156, L1157, L1158, L1159, L1160, L1161, L1163, L1233, L1234, L1236, L1284.

Всего в гаплогруппе A00 – 59 снипов. Поскольку возраст гаплогруппы A00 оценивается примерно в 210 тысяч лет, то отсюда можно предположить, что снип-мутация происходит в среднем раз в 3600 лет.

Далее, как мы уже знаем, на стволе дерева гаплогрупп (диаграмма выше) появилась гаплогруппа A0-T, от нее отошли гаплогруппы A0 и A1, последняя продолжила ствол

дерева. А0 сейчас живут в основном в Африке. Ни одной снип-мутации из списка А00 у А0-Т нет. То есть А0-Т не произошла от африканской гаплогруппы А00. Нет оснований считать гаплогруппу А0-Т африканской. Но она – предок африканской линии А0, и нас, неафриканцев (предки которых прошли через гаплогруппу ВТ, далее СТ, и так далее).

Снипы гаплогруппы А0-Т, их 32:

AF3, L1085, L1089, L1090, L1093, L1095, L1098, L1099, L1101, L1105, L1116, L1118, L1120, L1121, L1123, L1124, L1125, L1127, L1128, L1129, L1130, L1132, L1135, L1136, L1137, L1142, L1143, L1145, L1150, L1155, L1235, L1273

Гаплогруппа А0 имеет следующие снипы, их 51:

L529.2, L896, L982, L984, L990, L991, L993, L995, L996, L997, L998, L999, L1000, L1001, L1006, L1008, L1010, L1011, L1012, L1015, L1016, L1017, L1018, L1055, L1073, L1075, L1076, L1077, L1078, L1080, V148, V149, V152, V154, V157, V163, V164, V165, V166, V167, V172, V173, V176, V177, V190, V196, V223, V225, V229, V233, V239

Как видно, в гаплогруппе А0 на 8 снипов меньше, чем в А00, то есть она примерно на 30 тысяч лет моложе. И действительно, возраст гаплогруппы А0 оценивают в 180 тысяч лет, на 30 тысяч лет меньше, чем возраст гаплогруппы А00.

В гаплогруппе А1 пока выявили 21 снип:

L985, L986, L989, L1002, L1003, L1004, L1005, L1009, L1013, L1053, L1084, L1112, L1153, P305, V161.2, V168, V171, V174, V238, V241, V250

В отличие от братской гаплогруппы А0, носители А1, видимо, не дожили до настоящего времени. Возможно, они и попали в тот катаклизм, который привел к бутылочному горлышку неафриканской популяции мира. Для оценки суммарного времени жизни гаплогрупп А0-Т, А1 и А1b (в последней – всего две снип-мутации, Р108 и V221) следует сложить число их снип-мутаций, получается  $32+21+2 = 55$  мутаций, что примерно эквивалентно 198 тысяч лет.

Наконец, в гаплогруппе ВТ – 30 снип-мутаций:

L413, L418, L438, L440, L604, L957, L962, L969, L970, L971, L977, L1060, L1061, L1062, M42, M91, M94, M139, M299, P97, SRY10831.1, V21, V29, V59, V64, V102, V187, V202, V216, V235

Это дает 108 тысяч лет эволюции бета-гаплогруппы от времени расхождения с африканской гаплогруппой А1b1 ( $160 \pm 12$  тысяч лет назад) до прохождения бутылочного горлышка популяции  $64 \pm 6$  тысяч лет назад. Это и есть пропавшие 108 тысяч лет на диаграмме (дистанция между альфа- и бета-гаплогруппой).

Важно то, что эти пропавшие тысячелетия в эволюции неафриканских ДНК-генеалогических линий воспроизводятся как при анализе гаплотипов (на основании чего и была построена диаграмма выше), так и при анализе снип-мутаций. Вот это и есть перекрестная проверка диаграммы. Почему мы не видим этих пропавших людей в Евразии – неизвестно. С другой стороны, известны скелетные остатки *Homo sapiens* с датировкой между 160 и 60 тысяч лет, обнаруженные на Ближнем Востоке, но их гаплогруппа не проверялась. Если окажется гаплогруппа ВТ с какими-то из мутаций,

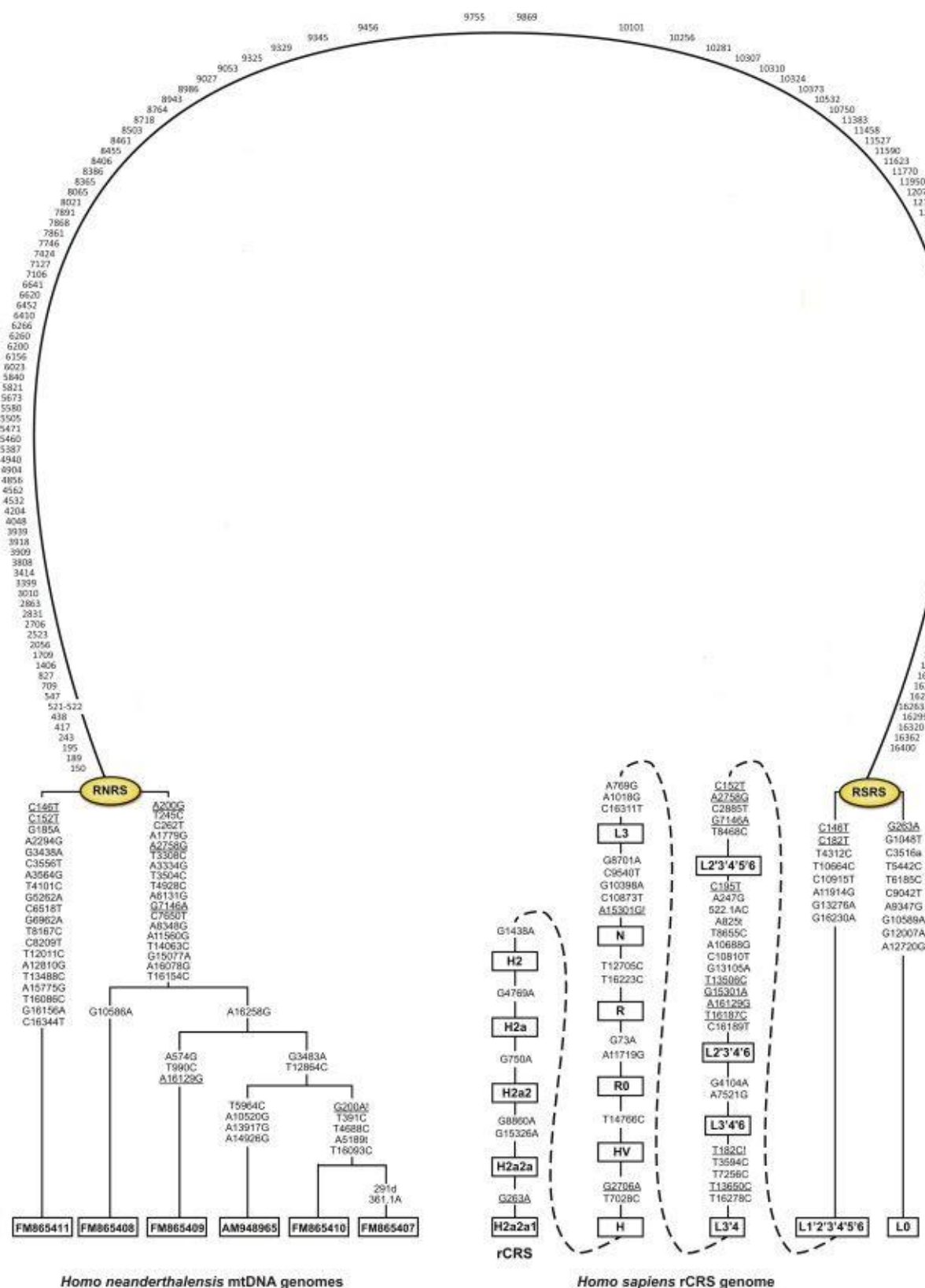
приведенных в списке выше – загадка будет окончательно решена.

### **Неафриканские мтДНК не происходят из африканских**

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?

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, возраст которой по оценкам примерно 60-70 тысяч лет, то есть такой же, как гаплогруппы ВТ Y-хромосомы. То есть вполне вероятно, что гаплогруппа L3 не вышла из Африки, а, напротив, пришла в Африку вместе с носителями Y-хромосомы, например, гаплогруппы ВТ. Какой же вывод делает Бехар с соавторами? Естественно, «человечество вышло из Африки». Глубокое расхождение африканской гаплогруппы L0 с остальными в их статье даже не обсуждается, хотя из данных статьи сразу видно, что африканская гаплогруппа L0 не является предковой по отношению ко всем остальным гаплогруппам мтДНК.





Схематическое представление мтДНК человека, показывающее мутационную связь между мтДНК неандертальца (слева) и мтДНК человека разумного (справа). В овале слева и справа сокращения RNRS и RSRS означают соответственно «реконструированная референсная последовательность неандертальца» и «реконструированная референсная последовательность человека». Из работы (Behar et al., 2012). Обратите внимание на резкое расхождение в начале референсной

*последовательности человека (справа) цепи мутаций на африканскую гаплогруппу L0 (справа внизу), и цепочку всех остальных гаплогрупп мтДНК. **Картинка кликабельна.***

На самом деле, расхождение африканской гаплогруппы L0 (возраст 150-170 тысяч лет) и изначально неафриканских гаплогрупп L1-L6, с последующим приходом гаплогруппы L3 (возраст 60-70 тысяч лет) в Африку оказывается практически совпадающим с расхождением Y-хромосомных гаплогрупп африканской серии А (возраст 160 тысяч лет) и изначально неафриканских ВТ (возраст 64 тысячи лет) с последующим приходом гаплогруппы В в Африку.

Так что и в отношении мтДНК концепция «выхода из Африки» оказывается совершенно необязательной, и фактически построена на песке. Описание мтДНК в академических статьях и справочниках пестрит словами «возможно», «вероятно», «предполагается», что фактически означает, что данных нет, и что все построено на предположениях. Одна проблема – все эти предположения всегда трактуются только в одну сторону – «выхода из Африки».

Вместе с тем накапливается все больше данных, что в древнем прошлом миграции популяций в Африку происходили многократно. Только что вышла статья в журнале Nature (Hayden, 2013), в которой сообщается о двух миграциях из Евразии в койсанские племена в Южной Африке, одна 3 тысячи лет назад в восточную Африку, другая, ее продолжение – 900-1800 лет назад в Южную Африку. Какие гаплогруппы принесли мигранты – не сообщается. Но нет сомнения, что они резко увеличили «генетическое разнообразие» койсан, которое считается максимальным в Африке. Вторая важная особенность этого сообщения – оно указывает на возможность миграций «в Африку», в чем, впрочем, никакого сомнения и не могло быть. Неясно, почему с таким упорством сторонники «выхода человечества из Африки» держатся именно за их односторонний вариант. Впрочем, упорство уменьшается, и вот уже Сара Тишкоф из Пенсильванского университета, одна из наиболее активных защитников «из Африки», уже приветствует новые данные «в Африку», и называет их «имеющими смысл», поскольку «об этом говорят и археологические, и лингвистические исследования» (Nature, 29 августа 2013, стр. 514).

### **Миграции вируса герпеса ошибочно объявлены как якобы подтверждающие «выход человечества из Африки»**

История с недавней на шумевшей публикацией «Использование филогенетики генома простого вируса герпеса для прослеживания древних миграций человека» является показательной – как исходная установка на якобы выход современного человечества из Африки искажает выводы научной публикации. Напомню, что в статье сопоставляли 31 геномные последовательности простого вируса герпеса в популяциях из Восточной Африки (Кения), Восточной Азии (Китай, Южная Корея, Япония), Северной Америки (США) и Европы (Соединенное Королевство), и обнаружили, что построенное филогенетическое дерево расходится на шесть кластеров. Эти кластеры соответствовали следующим популяциям:

I – из 10 образцов 7 были из Сиэттла, один «из США», один из Сан-Франциско, и самый нижний – (номер 17) из Шотландии.

II – из 6 образцов один был из Китая, один из США (Хьюстон), два из Южной Кореи и два из Японии.

III – два образца из Кении.

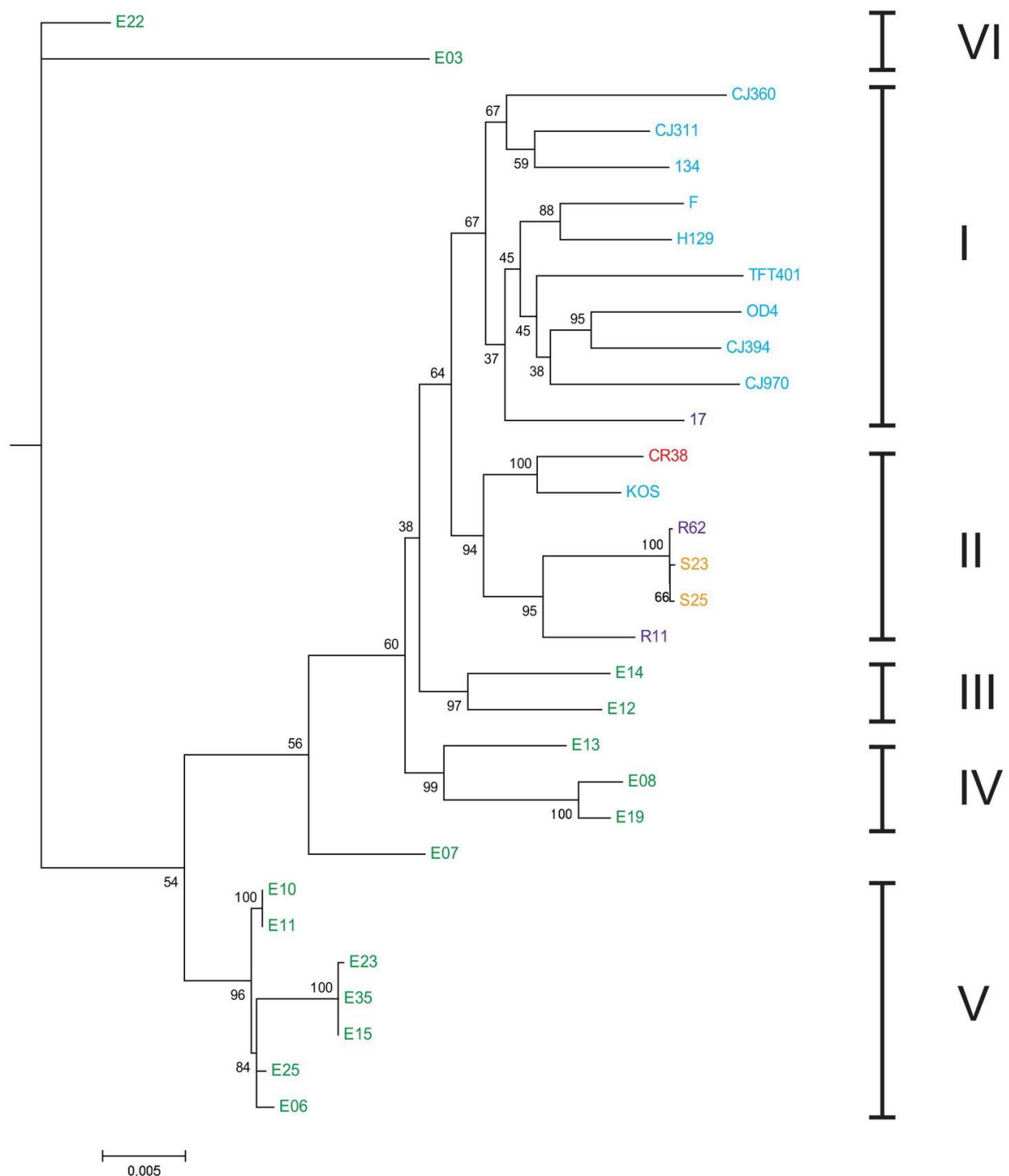
IV – три образца из Кении.

V – семь образцов из Кении.

VI – два образца из Кении.

Авторы статьи данные «округлили» и сообщили, что первый кластер «объединяет Северную Америку и Европу», второй – Восточную Азию, остальные – «Восточную Африку». Происхождение американских образцов вируса в статье не дано, то есть неясно, получены они от американских индейцев или, например, потомков англосаксов, но поскольку авторы предположили, что выпадающий из даже округленного варианта образец из Хьюстона, который попал к восточно-азиатским вирусам, мог принадлежать американскому индейцу, то становится ясно, что остальные северо-американские образцы – скорее всего от потомков европейцев. Тем не менее, авторы заключили, что эти кластеры отражают «глобальные миграции (древнего) человека», и подтверждают выход современного человечества из Африки (supports... the «out of Africa» theory of human evolution). Основная причина – как обычно, аргумент «разнообразия», а именно что «вирусы восточно-африканского происхождения имеют наибольшее разнообразие и образуют четыре из шести кластеров».

Давайте, как мы уже делали выше, посмотрим, откуда появляется это «разнообразие». А появляется оно опять от расхождения популяций в разные стороны – одни уходят в Африку, другие не уходят. Но они опять не происходят друг от друга, они каждый раз происходят от более древнего общего предка, который в Африке вполне мог не жить. То есть опять повторяются ситуации, описанные ранее в этой статье. Никакого «африканского происхождения» показанные данные не дают.



Филогенетическое дерево, показывающее динамику штаммов простого вируса герпеса HSV-1 и его каскадное расхождение на шесть ветвей, как насчитывают в работе (Kolb et al., 2013), которые, по мнению тех же авторов, следуют определенной географии: ветвь I – Европа/Северная Америка (штамм 17 – из Глазго, остальные – Сиэтл, Сан Франциско, «США»), ветвь 2 – Восточная Азия (Китай, Южная Корея, Япония, и Хьюстон [США]), ветви III, IV, V и VI – восточно-африканские (все из Кении).

Посмотрим на приведенную диаграмму. Слева – первое расхождение от древнего общего предка. В сторону отходят вирусы, которые сегодня находят у кенийцев (два самых верхних образца, кластер VI). От них никакие неафриканские вирусы не происходят.

Далее – следующее расхождение популяций вирусов (и, видимо, их носителей-людей). В сторону отходит кластер V, ныне кенийцы. От них никакие неафриканские вирусы не происходят.

Далее – опять вилка, очередное расхождение популяций. В сторону отходит опять кенийский вирус, с индексом E07 на схеме выше. От него неафриканские вирусы опять не происходят. Его объединение с остальными кенийскими образцами в кластер IV – ошибка авторов, нет там общего кластера.

Следом – еще две вилки-расхождения популяций, и каждый раз в сторону отходит кенийская группа (кластеры IV и III), от которой европейцы и азиаты не происходят. При последнем расхождении в сторону отходит исключительно неафриканская группа. Она опять не происходит от африканцев.

Последнее расхождение – на европейские и восточно-азиатские (за некоторым исключением) линии вирусов герпеса, кластеры I и II. Америка там, судя по всему, не при чем, это не древние обитатели Америки, а относительно недавние переселенцы из Европы.

Поразительно, что авторы не видят такого простого объяснения динамики вирусов. Они полностью поглощены тем, как подогнать данные к «выходу из Африки». Зачем, какая цель – понять невозможно.

В своем комментарии к статье, ведущий автор Куртис Брандт, профессор медицинской микробиологии и офтальмологии, сообщил, что результаты оказались «ошеломляющими», и далее – [«мы нашли, что все африканские изоляты образуют один кластер, все вирусы с Дальнего Востока, Кореи, Японии, Китая вместе образуют другой кластер, и все вирусы из Европы и Америки, за одним исключением, образуют еще один кластер»](#). В общем, невзирая на очевидные натяжки, это верно. Но показывает ли это «африканское происхождение современного человека»? Ясно, что нет, как это объяснено выше.

В другом комментарии д-р Брандт поделился вполне откровенно: [«мы нашли точно то, что нам сказали молекулярные генетики, которые изучают геном человека, а именно откуда люди произошли \(из Африки – АК\) и как они расходились по планете»](#). Вот это и есть основная проблема этого и подобных исследований. Им сказали (неверно), они приняли как руководство к действию и нашли именно это.

Статья предоставляет еще одну иллюстрацию того, как данные подгоняются под желаемый «выход из Африки». Это то, как авторы рассчитывали времена этого «выхода», базируясь на тех самых предполагаемых 50 тыс. лет назад, и на самом деле никогда не показанных. Это – «консенсусные данные». На самом деле, разные авторы приводят датировки от 27 до 200 тысяч лет назад, как правило, опять же без расчетов, но цифры 50 или 70 тыс. лет назад почему-то выглядят им привлекательными. Недавно, правда, «консенсус» начал смещаться в 100-140 тыс. лет назад, но 50 или 70 тыс. лет по инерции продолжают приводиться. Вот и авторы обсуждаемой статьи их, эти умозрительные датировки, использовали как базовые. Давайте посмотрим, что из этого авторы получили. Это весьма поучительно.

Как сообщили авторы статьи, в литературе имеются три существенно различающиеся величины констант скоростей мутаций вируса простого герпеса и других вирусов герпеса, равные  $3 \times 10^{-9}$ ,  $18.2 \times 10^{-9}$ , и  $30 \times 10^{-9}$  мутаций на нуклеотид в год. Применение их для расчетов времен расхождения вируса по популяциям человека, описанным выше, дало бы

расхождения по временам в 30 раз. Понятно, что такая неопределенность авторов не устраивала, и они решили фактически подогнать времена исходного расхождения популяций под «консенсусное» время «выхода из Африки», и на первом этапе расчетов подогнать под предполагаемое время расхождения европейской и азиатской популяции, которое взяли как 23-45 тысяч лет назад, процитировав четыре литературных источника на этот счет. Усреднив эти величины, авторы взяли как «референсную» величину  $34,000 \pm 10,500$  лет назад. Правда, вместо «европейской» авторы постоянно упоминали «европейская/северо-американская», хотя ясно, что по сути это европейская – один образец вируса из Шотландии, все другие (в основном из Сиэттла) – скорее всего, потомки переселенцев из Европы. В любом случае эти цифры заниженные, так как разделение гаплотипов Европы и Азии произошло не позднее 55-60 тысяч лет назад, древнейшие костные остатки «анатомически современного человека» в Европе датируются 45 тыс. лет назад, аборигены пришли в Австралию не позднее 50 тыс. лет назад, но в статье все настолько приблизительное – и датировки, и скорости мутации вируса, что к этому никак нельзя относиться серьезно. Поскольку времена у авторов намного заниженные, то скорости мутации должны были получиться намного завышенные. Так и получилось – подогнанная таким образом константа скорости мутации вируса оказалась намного быстрее известных (точнее, литературных) величин, а именно  $134 \times 10^{-9}$  мутаций на нуклеотид в год, с верхним и нижним пределами  $214 \times 10^{-9}$  и  $74.8 \times 10^{-9}$ , соответственно.

Используя эту подогнанную величину константы скорости мутации, авторы получили, что исходное расхождение вируса произошло  $50.3 \pm 16.7$  тысяч лет назад, и постановили, что это соответствует «выходу человечества из Африки». Слегка подправленная датировка расхождения европейцев и азиатов по расчетам авторов оказалась  $32.8 \pm 10.9$  тыс. лет назад, а время расхождения единственного китайского образца и единственного образца из Техаса оказалось  $15.76 \pm 5.3$  тысяч лет назад, что авторы отнесли к заселению Америки, «которое состоялось в тот период». Здесь комментарии просто излишни.

Все это легло в основу провозглашения авторами, что *«впервые показано, что филогенетические данные по вирусу герпеса подтверждают выход человечества из Африки»*. Как на самом деле показано выше, это не имеет никакого отношения к «выходу человечества из Африки». Более того, оценка величины константы скорости мутации вируса герпеса, проведенная авторами на основании более чем грубых прикидок превышает три другие литературные величины в 4.5 – 45 раз. Никаких перекрестных проверочных тестов по верификации полученной константы скорости мутации авторами не делалось. То, что авторы получили, исходя из их константы, что вирусы герпеса HSV-1 и HSV-2 разошлись  $2.184 \pm 0.753$  миллионов лет назад (обратите внимание на приведенную «точность» в три знака после запятой!), ни о чем не говорит, там могло получиться и 20 миллионов лет назад с тем же успехом, и тоже ничего бы не сказало – это могло быть у макаки, например. Если все-таки более верны литературные данные, то исходное расхождение вируса герпеса могло произойти не 50.3 тысяч лет назад, а 220 тыс. лет – 2.2 миллиона лет назад, и тоже могло быть неплохо интерпретировано в рамках эволюции человека. Так что исходные, экспериментальные данные авторов представляют несомненную ценность, а манипуляции, выводы и интерпретации – никакой ценности не представляют. Так, к сожалению, сейчас часто «делается наука», особенно в области популяционной генетики.

### **Антропологические данные и датировки**

В последние годы сложилась занятная ситуация, когда многие антропологи выражают сомнение в «африканском происхождении человека», но кивают на генетиков, что мы,



мол, ответа не имеем, антропологические данные противоречивы, но вот генетики утверждают, что точно знают, что из Африки, поэтому как мы можем спорить? А те генетики, которые понимают, что генетические данные построены на песке, точнее, на слишком вольных (фантазийных) интерпретациях, кивают на антропологов, что, мол, мы понимаем, что генетические данные слабы и часто просто неверны, но вот антропологи утверждают, что из Африки, и датировки их на это же указывают, поэтому как мы можем спорить? Значит, и у нас все верно.

Посмотрим на утверждения, что анатомически современный человек (АСЧ) якобы точно произошел в Африке, и было это около то ли 40-50 тысяч лет назад, то ли 100, то ли 150, то ли 200 тысяч лет назад. Напомним, что АСЧ – это тот, кто не имеет заметных архаичных антропологических особенностей. Сначала набросаем краткое описание обстановки, потом продемонстрируем это на конкретном материале. Если действительно кратко, то имеем пять основных положений:

- (1) все африканские находки древних костей до примерно 36 тысяч лет назад показывают заметные архаичные особенности;
- (2) зачастую древние кости настолько фрагментарны, что по ним даже минимальную антропологическую картину воссоздать просто нельзя;
- (3) часто антропологическая картина костей в Африке и за пределами Африки очень схожа, и потому нельзя сказать, это был выход из Африки или вход в Африку;
- (4) часто костных остатков вообще нет, и утверждения об «анатомически современных людях» делаются на основании стоянок и каменных орудий, хотя их вполне могли оставить архантропы, то есть архаичные люди, не относящиеся к виду «человек разумный»;
- (5) датировки древних костей часто настолько под вопросом, что мало кто их воспринимает в буквальном смысле или даже просто серьезно.

Начнем с последнего. К сожалению, радиоуглеродные датировки на временах больше примерно 40 тысяч лет назад уже почти не работают, и недавний рекорд по датировке – 60 тысяч лет назад. Причина проста – период полураспада радиоактивного изотопа  $^{14}\text{C}$  составляет 5730 лет, то есть 40 тысяч лет – это семь периодов полураспада, а 60 тысяч лет – это более десяти периодов полураспада. Метод основан на измерении соотношения в биологических образцах содержания стабильного изотопа  $^{12}\text{C}$  (и немного  $^{13}\text{C}$ , почти в сто раз меньше по сравнению с содержанием  $^{12}\text{C}$ ) и радиоактивного  $^{14}\text{C}$  (при его исходном содержании в количестве одной десятиллиардной процента), которое со временем падает, с тем самым периодом полураспада. За 60 тысяч лет его содержание уменьшается от исходных  $10^{-10}\%$  в  $2^{10}$  раза, то есть еще в 1024 раза. Современные приборы такие уровни радиации уже не ловят, во всяком случае приборы, которые находятся в пользовании археологов. Это – примерно 1 щелчок в час на грамм тестируемого углерода. Обычный фон значительно выше.

Это открывает «широкие возможности» для ошибок, и не только ошибок. Вспомним нашу мемуарную (в узких кругах) историю с разжалованием и увольнением со скандалом немецкого антрополога Рейнера Протча (Protsch) за систематические, как оказалось, фальсификации датировок древних (и вовсе не древних) костей. После проверки датировка Протча в 36000 лет назад оказалось 7500 лет назад, датировка 21300 лет назад оказалась 2300 лет назад, а скелет, датированный им 29400 лет назад, оказался останками

человека, который умер в 1750 году, за 255 лет до измерений ([газета Гардиан](#)). Об этом же писал и известный [международный журнал «Археология»](#).

Подобных историй немало в археологии, но если и отбросить явных фальсификаторов, которых, конечно, только единицы, то вероятность ошибок в любом случае велика. Особенно когда удревнить очень хочется, и тем самым войти в историю археологии, а то и культуры человечества в целом. Надо сказать, что особенно древние биологические находки датируются уже другими методами, как, например, аргонным, по отношению содержания  $^{40}\text{Ar}/^{39}\text{Ar}$ .

В целом же, нет никаких антропологических или археологических доказательств «происхождения современного человека в Африке», как и нет никаких доказательств, что каменные «инструменты» и «индустрии», найденные в Европе или в Евразии в целом, были привнесены с территории к югу от Сахары. Все заявления об обнаружениях костных останков «анатомически современного человека» давностью больше 50 тысяч лет, и тем более больше 150 тысяч лет, и тем более к югу от Сахары, являются просто искаженными или неверными с самого начала. Довольно полный обзор на эту тему будет вскоре опубликован известным австралийским антропологом Робертом Беднариком (в печати, *Advances in Anthropology*).

Об отсутствии таких находок к югу от Сахары свидетельствуют ряд работ, например (Grine et al, 2007; Grine et al, 2010). Все известные находки костей такой древности носят явные архаичные особенности, начиная с Omo Kibish 1 (195 тысяч лет назад, Эфиопия, найдены фрагменты черепных костей, лицевых костей мало), Omo-2 (показан ряд примитивных, архаичных особенностей), Herto (154-160 тыс лет назад, очень архаичное костное строение, сильно отличающееся от АСЧ), в общем, все скелетные останки, датируемые 100-200 тысяч лет назад, и фактически ранее 35 тысяч лет назад, являются архаичными (Rightmire, 2009). Многие вообще не имеют сохранившихся лицевых костей. Даже череп Hofmeyr из Южной Африки, датируемый 36 тысяч лет назад, имеет архаичные особенности (Grine et al, 2007; Rightmire, 2009; Tattersall, 2009).

Американский антрополог Райтмайр сообщил – «ни ископаемые Herto, ни другие из позднего Плейстоцена, как Klasies River в Южной Африке или Skhul/Qafzeh в Израиле, не имеют аналогий с современными популяциями. Их черепа являются робастными, и только начиная с ~ 35000 лет назад начинают появляться люди современной анатомической морфологии» (Rightmire, 2009). Он полагает, что «анатомически современные люди» эволюционировали в Африке, хотя этот процесс «плохо понят». Ему вторит Майкл Хаммер (Hammer et al, 2011) – «ископаемые гоминины, показывающие комбинацию архаичных и более современных особенностей, постоянно встречаются в Африке к югу от Сахары и на Ближнем Востоке вплоть до примерно 35 тысяч лет назад». Таким образом, постоянные ссылки сторонников концепции «из Африки», что в Африке обнаружены костные остатки анатомически современных людей с датировками между 160 и 200 тысяч лет назад, являются ложными. Манипуляции и искажения продолжаются и здесь.

Майкл Хаммер, в недавнем прошлом активный защитник концепции «из Африки», стал выражать сомнения в выходе «из Африки», но стал это выражать уже в 2013 году, когда стало ясно, что ситуация с «выходом из Африки» запуталась донельзя. Хаммер заканчивает свою статью в журнале «Сайнтифик Америкэн» (май 2013 года) следующими словами: «Много узлов остались нераспутанными. Но одно ясно – корни современного человека идут не только к единственной предковой популяции в Африке, но к популяциям Старого Света» (то есть Европы или Евразии – АК).

И это представляется вполне разумным. Изучая историю древнего мира, мы постоянно встречается с мобильными миграциями, в том числе и весьма дальними миграциями. Если по версии сторонников «выхода из Африки» человек всего за 10 тысяч лет достиг Австралии, то трудно себе представить, что он сиднем сидел 200 тысяч лет и не разошелся по всему миру, в том числе и в Африку и из Африки, причем многократно. Как получилось, что концепция одностороннего «выхода из Африки» так агрессивно навязывалась обществу и так быстро им овладела, должно вызывать тревогу – и в отношении агрессивного, безапелляционного навязывания, и в отношении столь безвольного восприятия общественностью. И ведь что особенно должно тревожить – ведь никаких надежных оснований у «выхода из Африки» не было и нет.

Резюмируя, повторим еще раз – наши предки из Африки в последние 200 тысяч лет не выходили. Иначе говоря, те, кто из Африки выходили, не породили современное неафриканское человечество. Это показывает весь комплекс полученных данных – и генетика, и антропология, и археология, и ДНК-генеалогия. На самом деле и не только в последние 200 тысяч лет, но и раньше. Изучение ДНК ископаемых костей неандертальцев показало наличие в них рецептора меланокортина (MCR1), причем в варианте, который задает светлую кожу и рыжие волосы (Lalueza-Fox et al, 2007). Авторы полагают, что неандертальцы по цвету волос примерно соответствовали современным европейцам – от темноволосых до блондинов. К тому же не обнаружено никаких показателей, что неандертальцы были негроидами. Действительно, в Африке следов неандертальцев не выявлено. А поскольку наши ближайшие предки с неандертальцами были общие, поскольку неандерталец – наш племянник, то и «отец» неандертальца и «брат» нашего «отца» тоже, скорее всего, имел светлую кожу и жил не в Африке. Было это где-то в интервале 300-600 тысяч лет назад. Остается, впрочем, неразгаданным, как наши светлогокожие братья, с которыми мы разошлись примерно 160 тысяч лет назад, выжили, попав в Африку, и как приобрели темный цвет кожи, но ответ найдется тоже в области генетики, в регуляции биосинтеза меланина. Но это уже другая история.

## Литература

### Литература

- Arredi, B., Poloni, E.S., Paracchini, S., Zerjal, T., Fathallah, D.M., Makrelouf, M., Pascali, V.L., Novelletto, A., Tyler-Smith, C. (2004) A predominantly Neolithic origin for Y-chromosomal DNA variation in North Africa. *Am. J. Hum. Genet.* 75, 338-345.
- Atkinson, Q.D. (2011) Phonemic diversity supports a serial founder effect model of language expansion from Africa. *Science* 332, 346-349.
- Behar, D.M., van Oven, M., Rosset, S., Metspalu, M., Loogvali, E.-L., Silva, N.M., Kivisild, T., Torroni, A., Villems, R. (2012) A "Copernican" reassessment of the human mitochondrial DNA tree from its root. *Amer. J. Hum. Genet.* 90, 675-684.
- Behar, D. M., Villems, R., Soodyall, H., Blue-Smith, J., Pereira, L., Metspalu, E., Scozzari, R. et al. (2008). The dawn of human matrilineal diversity. *Am. J. Hum. Genetics*, 82, 1130-1140.
- Benazzi, S., Douka, K., Fornai, C., Bauer, C. C., Kullmer, O., Svoboda, J. et al. (2011). Early dispersal of modern humans in Europe and implications for Neanderthal behaviour. *Nature*, 479, 525-528.
- Campbell, M. C., Tishkoff, S. A. (2010). The evolution of human genetic And phenotypic variation in Africa. *Current Biology*, 20, R166-R173.

Cann, R.L., Stoneking, M., Wilson, A.C. (1987) Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325, 31-36.

Cann, R. (2013) Y weigh in again on modern humans. *Science*, 341, 465-467.

Carrigan, D., Hammer, M. F. (2006). Reconstructing human origins in the genomic era. *Nature Reviews*, 7, 669-680.

Chiaroni, J., Underhill, P. A., Cavalli-Sforza, L. L. (2009). Y-chromosome diversity, human expansion, drift, and cultural evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 106, 20174-20179.

Cruciani, F., Trombetta, B., Sellitto, D., Massaia, A., Destro-Bisol, G., Watson, E., Colomb, E.B., Dugoujon, J.-M., Moral, P., Scozzari, R. (2010) Human Y chromosome haplogroup R-V88: a paternal genetic record of early mid Holocene trans-Saharan connections and the spread of Chadic languages. *Eur. J. Human Genet.* 18, 800-807.

Cruciani, F., Trombetta, B., Massaia, A., Destro-Bisol, G., Sellitto, D., Scozzari, R. (2011) A revised root for the human Y chromosomal phylogenetic tree: the origin of patrilineal diversity in Africa. *Amer. J. Human Genet.* 88,1-5.

Curnoe, D., Xueping, J., Herries, A. I. R., Kanning, B., Tacon, P. S. C., Zhende, B., Fink, D. et al. (2012). Human remains from the Pleistocene-holocene transition of Southwest China suggest a complex evolutionary history for East Asians. *PLOS One*, 7, e31918.

Edmonds, C. A., Lillie, A. S., Cavalli-Sforza, L. L. (2004) Mutations arising in the wave front of an expanding population. *Proc. National Acad. Sci. US*, 101, 975-979.

Fernandes, V., Alshamali, F., Alves, M., Costa, M. D., Pereira, J. B., Silva, N. M. et al. (2012). The Arabian cradle: Mitochondrial relicts of the first steps along the Southern route out of Africa. *Am. J. Hum. Genet.*, 90, 347-355.

Forster, P. (2004) Ice Ages and the mitochondrial DNA chronology of human dispersals: a review. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B*, 359, 255-264

Forster, P., Torroni, A., Renfrew, C., Rohl, A. (2001) Phylogenetic star contraction applied to Asian and Papuan mtDNA evolution. *Mol. Biol. Evol.* 18,1864-1881.

Francalacci, P., Morelli, L., Angius, A., Berutti, R., Reinier, F., Atzeni, R., Pili, R., Busonero, F., Maschio, A., Zara, I., Sanna, D., Useli, A., Urru, M.F., Marcelli, M., Cusano, R., Oppo, M., Zoledziewska, M., Pitzalis, M., Deidda, F., Porcu, E., Poddie, F., Kang, H.M., Lyons, R., Tarrier, B., Gresham, J.B., Li, B., Tofanelli, S., Alonso, S., Dei, M., Lai, S., Mulas, A., Whalen, M.B., Uzzau, S., Jones, C., Schlessinger, D., Abecasis, G.R., Sanna, S., Sidore, C., Cucca, F. (2013) Low-pass DNA sequencing of 1200 Sardinians reconstructs European Y-chromosome phylogeny. *Science*, 341, 565-569.

Grine, F.E., Bailey, R.M., Harvati, K., Nathan, R.P., Morris, A.G., Henderson, G.M., Ribot, I., Pike, A.W. (2007) Late Pleistocene human skull from Hofmeyr, South Africa, and modern human origins. *Science*, 315, 226-229.

Grine, F.E., Gunz, P., Betti-Nash, L., Neubauer, S., Morris, A.G. (2010) Reconstruction of the late Pleistocene human skull from Hofmeyr, South Africa. *T. Hum. Evol.* 59,1-15.

Hayden, E.C. (2013) African genes tracked back. *Nature*, 500, 514.

Hammer, M.F., Woerner, A.E., Mendez, F.L., Watkins, J.C., Wall, J.D. (2011) Genetic evidence for archaic admixture in Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 108,15123-15128.

Hammer, M. (2013) Human hybrids. *Scientific American*, May 2013, pp. 66-71.

Hammer, M.F., Woerner, A.E., Mendez, F.L., Watkins, J.C., Wall, J.D. (2011) Genetic evidence for archaic admixture in Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, doi/10.1073/pnas.H09300108.

Hellenthal, G., Auton, A., Falush, D. (2008). Inferring human colonization history using a copying model. *PLOS Genetics*, 4, e1000078.

Henn, B. M., Gignoux, C. R., Jobin, M., Granka, J. M., Macpherson, J. M., Kidd, J. M., Rodriguez-Botigue, L. et al. (2011). Hunter-gatherer genomic diversity suggests a southern African origin for modern humans. *Proc. National Acad. Sci.*, 108, 5154-5162.

Higham, T., Compton, T., Stringer, C., Jacobi, R., Shapiro, B., Trinkaus, E., Chandler, B. et al. (2011). The earliest evidence for anatomically modern humans in North-Western Europe. *Nature*, 479, 521-524.

Hublin, J.-J. (2011). African origin. *Nature*, 476, 395.

Hudjashov, G., Kivisild, T., Underhill, P. A., Endicott, P., Sanchez, J. J., Lin, A. A., Shen, P. et al. (2007). Revealing the prehistoric settlement of Australia by Y-chromosome and mtDNA analysis. *Proc. National Acad. Sci. US*, 104, 8726-8730.

Jobling, M. A., Tyler-Smith, C. (2003) The human Y-chromosome: an evolutionary marker comes of age. *Nature Reviews*, 4, 598-612.

Ke, Y., Su, B., Song, X., Lu, D., Chen, L., Li, H., Qi, C. et al. (2001) African origin of modern humans in East Asia: a tale of 12,000 Y chromosomes. *Science* 292,1151-1153.

King, T.E., Parkin, E.J., Swinfield, G., Cruciani, F., Scozzari, R., Rosa, A., Lim, S.-K., Xue, Y., Tyler-Smith, C, Jobling, M.A. (2007) Africans in Yorkshire? The deepest-rooting clade of the Y phylogeny within an English genealogy. *Eur. J. Human Genet.* 15, 288-293.

Klyosov, A. A. (2009) DNA genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. *Journal of Genetic Genealogy*, 5,186-216.

Klyosov, A.A. (2011) The slowest 22 marker haplotype panel (out of the 67 marker panel) and their mutation rate constants employed for calculations timespans to the most ancient common ancestors. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 4,1240 - 1257.

Klyosov, A.A. (2012) Ancient history of the Arbins, bearers of haplogroup Rib, from Central Asia to Europe, 16,000 to 1500 years before present. *Adv Anthropol.* 2, 87-105.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012a) Haplogroup R1a as the Proto Indo-Europeans and the legendary Aryans as witnessed by the DNA of their current descendants. *Adv. Anthropol.* 2,1-13.

Klyosov, A.A., Rozhanskii, I.L. (2012b) Re-examining the "Out of Africa" theory and the origin of Europeoids (Caucasoids) in light of DNA genealogy. *Adv. Anthropol.* 2, 80-86.

Kolb, A.W., Ane, C, Brandt, C.R. (2013) Using HSV-1 genome phylogenetics to track past human migrations. *PLoS One* 8(10): e76267. doi: 10.1371 / journal.pone.0076267

Lachance, J., Vernot, B., Elbers, C.E., Ferwerda, B., Froment, A., Bodo, J.-M., Lema, G. et al. (2012) Evolutionary history and adaptation from high-coverage whole-genome sequences of diverse African hunter-gatherers. *Cell* 150,1-13.

Lalueza-Fox, C, Rompler, H., Caramelli, D., Staubert, C, Catalano, G, Hughes, D., Rohland, N., Pilli, E., Longo, L., Condemi, S., de la Rasilla, M., Fortea, J., Rosas, A., Stoneking, M., Schoneberg, T., Bertranpetit, J., Hofreiter,

M. (2007) A Melanocortin 1 receptor allele suggests varying pigmentation among Neanderthals. *Science*, 318,1453-1455.

Li, H., Durbin, R. (2011). Inference of human population history from individual whole genome sequences. *Nature*, 475, 493-496.

Majumder, P. P. (2010). The human genetic history of South Asia. *Current Biology*, 20, R184-R187.

Mellars, P. (2011). The earliest modern humans in Europe. *Nature*, 479, 483-485.

Mendez, F.L., Krahn, T., Schrack, B., Krahn, A.-M., Veeramah, K.R., Woerner, A.E., Fomine, F.L.M., Bradman, N., Thomas, M.G., Karafet, T.M., Hammer, M.F. (2013) An African American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human y chromosome phylogenetic tree. *Am. J. Hum. Genet.* 92, 454-459.

Moorjani, P., Patterson, N., Hirschhorn, J. N., Keinan, A., Hao, L., Atzmon, G., Burns, E. et al. (2011). The history of African gene flow into Southern Europeans, Levantines, and Jews. *PLOS Genetics*, 7, e1001373.

Otoni, C., Primativo, G., Kashani, B. H., Achilli, A., Martinez-Labarga, C., Biondi, G., Torroni, A., & Rickards, O. (2010). Mitochondrial haplogroup HI in North Africa: An early holocene arrival from Iberia. *Plos One*, 5, e13378.

Patin, E., Laval, G., Barreiro, L. B., Salas, A., Semino, O., Santachiara-Benerecetti, S., Kidd, K. K. et al (2009). Inferring the demographic history of African farmers and Pygmy hunter-gatherers using a multilocus resequencing data set. *PLOS Genetics*, 5,1-13.

Poznik, G.D., Henn, B.M., Yee, M.-C., Sliwerska, E., Euskirchen, G.M., Lin, A.A., Snyder, M., Quintana-Murci, L., Kidd, J.M., Underhill, P.A., Bustamante, CD. (2013) *Science*, 341, 562-565.

Ramachandran, S., Deshpande, O., Roseman, C.C., Rosenberg, N.A., Feldman, M.W., Cavalli-Sforza, L.L. (2005) Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci. US.* 102, No. 44,15942-15947.

Rightmire, G.P. (2009) Middle and later Pleistocene hominins in Africa and Southwest Asia. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 106,16046-16050.

Sahoo, S, Singh, A., Himabindu, G., Banerjee, J., Sitalaximi, T., Gaikwad, S., Trivedi, R. et al. (2006). A prehistory of Indian Y-chromosomes: Evaluating demic diffusion scenarios. *Proc. National Acad. Sci. US*, 103, 843-848.

Scozzari, R., Massaia, A., D'Atanasio, E., Myres, N.M., Perego, U.A., Trombetta, B., Cruciani, F. (2012) Molecular dissection of the basal clades in the human Y chromosome phylogenetic tree. *PLoS ONE*, 7, No. 11, e49170.

Shi, W., Ayub, Q., Vermeulen, M., Shao, R.-G., Zuniga, S., van der Gaag, K., de Knijff, P. et al. (2010). A worldwide survey of human male demographic history based on Y-SNP and Y-STR data from the HGDP-CEPH populations. *Molecular Biol. Evol.*, 27, 385-393.

Soares, P., Ermini, L., Thompson, N., Normina, M., Rito, T., Rohl, A., Salas, A., Oppenheimer, S., Macaulay, V., & Richards, M. B. (2009). Correcting for purifying selection: an improved human mitochondrial molecular clock. *J. Human Genet.*, 84, 740-759.

Stoneking, M., & Delfin, F. (2010). The human genetic history of East Asia: Weaving a complex tapestry. *Current Biology*, 20, R188-R193.

Tattersall, I. (2009) Human origins: out of Africa. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 106,16018-16021.

Thomson, R., Pritchard, J.K., Shen, P., Oefner, P.J., Feldman, M. (2000) Recent common ancestry of human Y chromosomes: evidence from DNA sequence data. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 97, 7360-7365.

Underhill, P. A., Shen, P., Lin, A. A., Jin, L., Passarino, G., Yang, W. H., Kauffman, E. et al. (2000). Y-chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nature Genetics*, 26, 358-361.

Vigilant, L., Stoneking, M., Harpending, H., Hawkes, K., Wilson, A.C. (1991) African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. *Science*, 253,1503-1507.

Wei, W., Ayub, Q., Xue, Y., Tyler-Smith, C. (2013) A comparison of Y-chromosomal lineage dating using either resequencing or Y-SNP plus Y-STR genotyping. *Forensic Science International: Genetics*, <http://dx.doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.03.014>.

Xue, Y., Zerjal, T., Bao, W., Zhu, S., Lim, S.-K., Shu, Q. et al. (2005). Recent spread of a Y-chromosomal lineage in Northern China and Mongolia. *American J. Human Genet.*, 77,1112-1116.

Yotova, V., Lefebvre, J.-F., Moreau, C., Gbeha, E., Hovhannesian, K., Bourgeois, S., & Bedarida, S. (2011). An X-linked haplotype of Neandertal origin is present among all non-African populations. *Molecular Biol. Evol.*, 28, 1957-1962.