

---

## РЕКОНСТРУКЦИЯ ПРОИСХОЖДЕНИЯ ЧЕЛОВЕКА В СВЕТЕ НОВЫХ АНТРОПОЛОГИЧЕСКИХ НАХОДОК

Г.Л. Муравник

*Свято-Филаретовский православно-христианский институт*

В статье представлен обзор нескольких палеоантропологических находок, сделанных в последнее десятилетие, в частности Человека флоресского (*Homo floresiensis*) и Человека денисовского (*Homo altaiensis*), обнаружение которых значительно изменило представления о ходе антропогенеза. Рассмотрены работы по секвенированию и сравнительно-генетическому анализу ядерной и митохондриальной ДНК этих видов, а также Человека неандертальского (*Homo neanderthalensis*) и ДНК древних и современных представителей вида Человек разумный (*Homo sapiens*). Предложено объяснение полученных результатов в рамках Африканской моногенетической модели, исключающей возможность метисации между разными видами рода Человек (*Homo*) в ходе антропогенеза.

**Ключевые слова:** антропогенез – anthropogenesis, палеогенетика – paleogenetics, геном – genom, митохондриальная ДНК – mitochondrial DNA, ядерная ДНК – nuclear DNA, секвенирование ДНК – DNA sequencing, параллелизм – parallelizm, мигрирующие генетические элементы – mobile genetic elements, метисация – interbreeding.

«Человек вошел в мир бесшумно...» [1] – так несколько парадоксально определил свое видение проблемы появления человека на Земле известный французский палеоантрополог и богослов Пьер Тейяр де Шарден (1881–1955). В своих исследованиях, и в частности в работе, названной им «Феномен человека», мыслитель напряженно искал ответ на один из труднейших вопросов: «Что же случилось между последними слоями плейстоцена, где еще нет человека, и следующим уровнем, где ошеломленный геолог находит впервые обтесанные кварциты? И какова истинная величина скачка?» [1]. Этот вопрос, поставленный в начале 1930-х гг., не потерял актуальность и остроту и для сегодняшней палеоантропологии. Проблема появления человека как биологического вида (*Homo sapiens*) по-прежнему остается для современной эволюционной биологии одной из наиболее сложных и далеких от валидного решения. Вместе с тем последнее десятилетие ознаменовалось открытиями, которые, с одной стороны, существенно изменили сложившиеся представления об антропогенезе, но вместе с тем поставили ряд новых вопросов и породили оживленную дискуссию.

Открытия, о которых идет речь, если следовать хронологии, таковы:

- 2003: обнаружение останков и идентификация нового вида – Человек флоресский (*Homo floresiensis*);

- 2006–2010: секвенирование и сравнительно-генетический анализ митохондриальной и ядерной ДНК Человека неандертальского (*Homo neanderthalensis*);
- 2008: обнаружение останков и идентификация нового вида – Человек денисовский (*Homo altaiensis*);
- 2010: секвенирование и сравнительно-генетический анализ митохондриальной и ядерной ДНК Человека денисовского (*Homo altaiensis*);
- 2013: секвенирование и сравнительно-генетический анализ митохондриальной ДНК Человека гейдельбергского (*Homo heidelbergensis*).

Эти работы заставили задуматься не только о таксономическом положении новых видов в системе рода *Homo* – человек, но также о том, каков их генетический вклад в происхождение вида *Homo sapiens* – Человек разумный. Если они оставили свой генетический след, то как он повлиял на становление нашего вида, насколько существенным оказался этот вклад, как трансформировались филогенетические связи с учетом «других людей», обитавших на Земле?

Прежде чем искать ответы на эти далеко не риторические вопросы, необходимо кратко охарактеризовать филогенетический ряд вида *Homo sapiens*. Еще в конце XIX в. Э. Геккелем был введен принцип монофилии<sup>1</sup>, согласно которому выстраивалась линейная последовательность, отражающая переход одного вида в другой. Традиционно этот ряд выглядел следующим образом:

*Австралопитеки*

- *Homo habilis* (Человек умелый)
- *Homo erectus* (Человек прямоходящий, архантроп)
- *Homo neandertalensis* (Человек неандертальский, палеоантроп)
- *Homo sapiens* (Человек разумный, неоантроп).

Однако в ходе развития эволюционной биологии от линейного ряда пришлось отказаться. Теперь графическим образом эволюции является не ветвящееся древо, представление о котором восходит к работе Ч. Дарвина «Происхождение видов», а фрактал<sup>2</sup>. В таком случае надо признать, что любой вид может иметь более одного предкового вида, каждый из которых вносит свой вклад в его становление. Принцип строгой монофилии утратил свои доминирующие позиции, уступив их полифилии<sup>3</sup>.

К настоящему времени на значительном палеонтологическом материале показано, что в процессе эволюции переход от одного уровня организации к другому, более прогрессивному (ароморфоз) осуществлялся не однократно,

<sup>1</sup> Монофилия (от древнегреческого *μόνος* – один, и *φυλή* – ветвь, род, семейный клан) – происхождение любого таксона от одного общего предка.

<sup>2</sup> Фрактал (от лат. *fractus* – сломанный, разбитый) – нелинейная структура, которая не описывается линейными уравнениями и каждая часть которой устроена так же, как и вся структура. Примерами фракталов являются: сеть капилляров, нейронная сеть мозга, ладонные линии, сетчатое жилкование листа и т.д.

<sup>3</sup> Полифилия (от древнегреческого *πολύς* – многочисленный и *φυλή* – ветвь, род, семейный клан) – происхождение таксона от разных предков.

как считалось ранее, а в нескольких независимых линиях. Это явление получило название параллелизма. *«Эволюция идет параллельно многими стволами, и какие-то явления повторяются многократно»*, – писал В.А. Красилов в работе «Нерешенные проблемы теории эволюции» [2]. Действительно, прогрессивные эволюционные изменения появлялись в различных линиях почти одновременно (хотя могли и в разное время; также могла различаться последовательность приобретения тех или иных признаков). В.А. Красилов считал, что параллелизмы *«особенно важны в неустойчивых условиях и чаще всего развиваются во время биосферных кризисов... что обеспечивает им более надежное сохранение»*, поскольку *«параллелизм – своего рода средство сохранения адаптации»* [2]. Итак, в независимых линиях шло накопление найденных успешных эволюционных решений. В итоге представители какой-либо одной линии развития осуществляли рывок на новый уровень.

Примеров параллелизмов известно немало. Это позволяет утверждать, что движение параллельными путями в эволюции – не единичное, эксклюзивное или случайное явление, а, скорее, один из основных действующих механизмов. Анализируя параллелизмы, трудно избавиться от ощущения, что на определенном этапе эволюции при становлении нового крупного таксона какая-либо новоявленная идея, подобно вирусу, начинала «носиться в воздухе» (и, как оказалось впоследствии, не только в переносном смысле). Оригинальное новаторское решение будто «входило в моду», реализуясь сразу в целом ряде независимых, не связанных напрямую линий.

Вот несколько примеров параллелизмов: артроподизация – появление типа Членистоногих; орнитизация – появление класса Птиц; маммализация – появление класса Млекопитающих и, наконец, гоминизация – появление человека.

В качестве иллюстрации можно привести один из наиболее ярких примеров – орнитизацию. Долгие годы археоптерикс (или «юрская первоптица»), отпечаток которого был найден в Баварии в 1861 г., считался классическим представителем переходной формы, поскольку в нем сочетались признаки двух классов позвоночных – Птиц и Рептилий. Картина филогенеза выглядела так: от хищных тероподных динозавров произошел археоптерикс, от него – настоящие веерохвостые птицы, а от них – все современные виды.

Однако, помимо «юрской первоптицы», палеонтологами обнаружено множество других вымерших существ с причудливой смесью рептильных и птичьих признаков. Так, в 2012 г. в Китае обнаружен новый вид динозавров, родственник гигантскому хищному ящеру *Tyrannosaurus rex*, который оказался самым крупным из известных пернатых [3]. Эта хищная рептилия, получившая название *Yutyrannus*, жила около 125 млн лет назад, вес взрослой особи достигал 1400 кг. Безусловно, что при таких габаритах подняться в небо ей не удалось, но перьевой покров, подобно птицам, *Yutyrannus* все же приобрел. Однако были и другие кандидаты. Например, энанциорнисы (противоптицы). Но несмотря на имевшиеся у них птичьи признаки, самым яв-

ным из которых также было оперение, к происхождению птиц они, как оказалось, отношения не имеют. Уникальный целостный комплекс птичьих признаков строения у них не сформировался. Все эти формы были представителями параллельных ветвей, вымерших в конце мелового периода.

Складывается впечатление, что в тот период рептилии будто поставили себе цель «вырваться в небо». Представители каждой линии развития искали свой путь, чтобы стать птицами. Но удалось это далеко не всем. «Судя по всему, в разных группах некрупных хищных динозавров в юре и раннем мелу шел процесс независимой (параллельной) орнитизации, то есть “оптичивания”» [4] (А.В. Марков). Ведущий российский палеорнитолог Е.Н. Курочкин считает, что предками птиц были поздне триасовые текодонты. В 1983 г. в США был обнаружен так называемый протоавис; от него или близких к нему видов, возможно, и произошли современные птицы.

Итак, орнитизация началась в триасе, в тот период преобладала линия энанциорнисов, идущая от хищных динозавров теропод. Птичьи признаки приобретались параллельно в нескольких линиях динозавров. Но все эти потрясающие воображение линии (обнаружены даже четырехкрылые летающие динозавры) оказались эволюционными тупиками. После их вымирания в конце мелового периода освободилась экологическая ниша, которую заняли потомки протоависов – «настоящие» (веерохвостые) птицы, породив все современное многообразие этого класса.

Попытаемся спроецировать представления о параллелизмах на антропогенез. Обнаруженные за сто пятьдесят лет многочисленные окаменелости в целом неплохо выстраивались в упомянутую линейную схему с отходящими от магистрального ствола боковыми тупиковыми ветвями. Ситуация изменилась в 1999 г., когда был найден череп кениантропа (*Kenyanthropus platyops*) возрастом 3,5 млн лет. По отдельным мозаичным признакам (например, плоское лицо) кениантроп был ближе к человеку, нежели к австралопитекам, возраст которых 3,3–2,5 млн лет [5]. По мнению первооткрывателей этого вида, не австралопитеки, а именно плосколицые кениантропы являются прямыми предками человека. То есть австралопитеки и произошедшие от них *Homo habilis* (Человек умелый) являются не магистральной, а параллельной и, по видимому, тупиковой ветвью в филогенезе Человека разумного. Существовавший стройный ряд разрушился в одной из реперных точек.

В целом в эволюционной истории гоминид как минимум дважды складывалась ситуация, когда доминантная ветвь становилась тупиковой, а развитие продолжалось на основе параллельной линии. Второй такой случай – отношения между Человеком неандертальским и Человеком разумным. Долгие годы неандерталец, впервые обнаруженный в 1856 г. в Германии в долине Неандерталь, считался прямым эволюционным предшественником нашего вида. В филогенетическом ряду он занимал место непосредственно перед

кроманьонцем – древним человеком современного морфологического типа<sup>4</sup>. Однако сравнительно-генетический анализ неандертальской ДНК (вначале митохондриальной, а затем ядерной), выполненный в институте Эволюционной антропологии им. Макса Планка (Германия, Лейпциг) группой под руководством основателя и ведущего специалиста в области палеогенетики<sup>5</sup> Сванте Паабо (Svante Pääbo, 1955) показал, что это параллельная тупиковая ветвь, не ведущая к современному человеку. Их эволюционные пути разошлись  $\approx 466$  тысяч лет назад, а 28–30 тысяч лет назад неандертальцы прекратили свое существование на Земле.

*«Не исключено, что восхождение до уровня человека происходило независимо в разных ветвях»,* – пишет М. Голубовский [6]. Итак, многие представители рода Номо пытались перешагнуть демаркационную линию, отделяющую царство животных от Человека. Но удалось это лишь единственному виду – Номо sapiens. Почему же остальные линии угасали, оставив следы своего бытия лишь в недрах Земли?

Согласно концепции инадаптивной эволюции, из двух параллельно развивающихся линий одна быстро приобретает адаптации и первой достигает успеха, то есть занимает экологическую нишу и широко распространяется. Однако стремление к первенству сопровождается приобретением несовершенных адаптаций. Такие линии развития называют инадаптивными. Параллельно им существуют другие, медленнее развивающиеся линии, которые, однако, приобретают сбалансированные адаптации. Такие линии называют эвадаптивными. В итоге в этой «гонке» выигрывают те, кто «тише едет», то есть эвадаптивные виды. А инадаптивная эволюция гоминид играла роль той платформы, на которой возникал новый эвадаптивный вид, в данном случае – Человек разумный. По многим физическим характеристикам он проигрывал своим «кузенам» из параллельных ветвей, в частности неандертальцам, но все это компенсировалось преимуществами, которыми он обладал. Ведь магистральным направлением эволюции неантропа была цефализация – увеличение размеров головного мозга и, что намного важнее, расширение, совершенствование его функций.

В итоге представитель более древней филогенетической ветви, инадаптивный палеоантроп неандерталец, подобно старшим братьям, описанным в различных Библейских сюжетах, завершив свою важную эколого-эволюционную миссию, уступил место «младшему брату» – эвадаптивному неантропу кроманьонцу.

А теперь – о новых находках, заставивших иначе взглянуть на эволюционную историю нашего вида. Самое удивительное и неожиданное, это осознание того, что наряду с неандертальским и кроманьонским человеком на

<sup>4</sup> Кроманьонский человек – название дано по месту обнаружения, грот Кро-Маньон, Франция, 1868 г.

<sup>5</sup> Палеогенетика – раздел генетики, занимающийся исследованием геномов ископаемых организмов. Применяется для реконструкции путей эволюции.

Земле в тот же период обитали еще и другие биологические виды, которые могут считаться людьми.

В 2003 г. экспедиция во главе с профессором Майком Морвудом обнаружила в пещере Льян Буа (Индонезия, остров Флорес) почти полный женский скелет прямоходящего существа [7]. Там же были найдены фрагменты скелетов пяти-шести индивидов, а также каменные орудия и останки животных, на которых охотились эти особи. Находки свидетельствовали о существовании в прошлом на острове довольно многочисленной популяции неизвестных древних людей.

В очередной находке не было бы ничего необычного, если бы не чрезвычайно «молодой» возраст костей – не более 18 тысяч лет, а также еще одно обстоятельство: найденные существа представляли собой значительно уменьшенную копию человека. Но это был не ребенок, а взрослый человек, рост которого едва достигал 90–100 см. В околонучной литературе, по понятным причинам, за столь низкорослыми людьми закрепилось прозвище «хоббиты».

Но самое удивительное – мозг. Маленькому росту соответствовал столь же маленький объем мозга, всего 380 см<sup>3</sup>, как у знаменитого австралопитека «Люси» или современных шимпанзе. Однако рядом с костями было обнаружено множество каменных орудий, кострища и обугленные кости животных. Эти следы жизнедеятельности свидетельствуют о довольно высоком уровне развития «хоббитов». К тому же Флорес всегда находился далеко от материка, поэтому для его заселения необходимо было проплыть не один километр по Тихому океану. И люди с головным мозгом чуть более теннисного мяча успешно справились с этой задачей, вероятно, построив какие-то плавательные средства – плоты или лодки. Судя по возрасту обнаруженных орудий, первые поселенцы приплыли на Флорес около 800–900 тыс. лет назад.

Эта находка поставила ряд непростых вопросов. И прежде всего – кто они, эти островитяне? Разгорелась научная полемика. Часть ученых полагала, что кости принадлежат древним пигмеям. Действительно, на Флоресе до сих пор обитают самые низкорослые из современных людей – пигмеи племени рампасаса, рост которых не превышает 120–130 см. Но все пигмеи имеют нормальные размеры мозга – около 1500 см<sup>3</sup>, то есть ничуть не меньше, чем у высокорослых голландцев, норвежцев или датчан.

Согласно другой версии, это были люди, страдающие нанизмом<sup>6</sup>. Однако и у карликов не бывает столь маленького мозга. Высказывалось предположение, что останки принадлежат людям, больным микроцефалией<sup>7</sup>. Но и

<sup>6</sup> Гипофизарный нанизм, или карликовость, – это задержка роста и физического развития, вызванная недостаточным количеством соматотропного гормона (СТГ, гормон роста), который вырабатывается гипофизом.

<sup>7</sup> Микроцефалия (от греч. μικρός – «маленький» и κεφαλή – «голова») – патология, связанная со значительным уменьшением размеров черепа и головного мозга при нормальных размерах других частей тела. Сопровождается умственной недостаточностью.

это объяснение сомнительно, поскольку микроцефалы имеют сниженную продолжительность жизни и не доживают до взрослого состояния. К тому же они не способны к сложной орудийной деятельности в силу умственной отсталости.

Таким образом, есть все основания полагать, что на о. Флорес обнаружили новый вид человека, а не патологическую разновидность Человека разумного или неандертальского. Веским аргументом в пользу этого допущения является ряд отличий в строении его скелета, в частности, запястья, локтевого сустава, плечевой кости. В настоящее время большинством исследователей принята точка зрения, согласно которой это отдельный, крайне архаичный вид гоминид, живших одновременно с Человеком разумным. Скорее всего, они являлись измельчавшими потомками архантропов (*Homo erectus* – человек прямоходящий), которые много веков назад в процессе расселения достигли Индонезийских островов. Было ли измельчание следствием проживания на маленьком острове в условиях ограниченных пищевых ресурсов или это следствие каких-либо закрепившихся мутаций – неизвестно<sup>8</sup>.

Без ответа остается и другой вопрос: как совместить столь скромные размеры мозга с достаточно высоким интеллектом? Ведь традиционно считается, что размеры мозга напрямую коррелируют со способностями к орудийной деятельности. Маленькие островные люди заставили в этом усомниться. Изготовленные ими каменные орудия, возраст которых около 94 тыс. лет, не могли сделать сапиенсы, которые появились на Флоресе много позже – 25 тысяч лет назад.

Этот вид поставил еще один своеобразный рекорд. Он просуществовал дольше всех остальных древних гоминид. Его последние представители вымерли 12-13 тысяч лет назад, вероятно, не выдержав натиска Человека разумного, с которым они были не только современниками, но и соседями на ограниченной территории. К сожалению, извлечь из обнаруженных костей ДНК, пригодную для генетического анализа, пока не удалось, поскольку в жарком, влажном климате биологический материал плохо сохраняется.

Интересно, что отголосок пребывания на острове этих «малышей» можно обнаружить в легендах современных островитян. В одной из них говорится, что из лесной чащи время от времени выходят маленькие злые человечки, которые утаскивают детей и домашний скот. Некоторые местные жители уверены, что они живут на Флоресе до сих пор...

Итак, сенсационность флоресской находки состоит в том, что после исчезновения неандертальцев, древние сапиенсы считались единственными на Земле представителями рода *Homo*, но «маленькие люди» разрушили эту иллюзию.

<sup>8</sup> На о. Флорес измельчали не только люди, но и животные крупнее кролика, даже слоны (обнаружены останки карликовых слонов стегодонов). А животные меньше кролика (крысы), наоборот, увеличились в размерах.

Другая, не менее поразительная находка была сделана на Алтае, в Денисовой пещере, где с 1983 г. российскими археологами ведутся интенсивные раскопки, начатые еще академиком А.П. Окладниковым<sup>9</sup>. Установлено, что Денисова пещера много десятков тысячелетий служила укрытием для животных и людей палеолита. Около 280 тысяч лет назад ее начали посещать неандертальцы. Однако костных останков людей там не обнаруживали. Возможно, пещера служила временным укрытием, а потому захоронения в ней не делались. Но в 2008 г. в 11-м слое были найдены два зуба (моляра) и окаменелая концевая фаланга мизинца, которая, как показали палеогенетические исследования, принадлежала девочке 5–7 лет. Возраст фаланги оценили в 30–50 тысяч лет.

Как выглядели денисовские люди? Можно ли по единственной уцелевшей фаланге пальчика ребенка реконструировать его внешний вид? Ответ для непалеонтолога кажется безнадежным. Однако возможности палеогенетики поистине уникальны! Прочтение ядерного генома позволило с большой долей вероятности определить некоторые фенотипические признаки денисовской девочки: она была темноволосой, кареглазой смуглянкой без веснушек.

По заключению археологов, обладатель косточки и зубов был видом, родственником неандертальцу. Однако каменная индустрия этих существ свидетельствовала, что их мог изготовить человек современного анатомического типа. Были найдены поистине уникальные вещи, например шлифованный нефритовый браслет. К какому виду принадлежали авторы обнаруженных артефактов? находка была детально исследована методами палеогенетики.

Несмотря на более солидный возраст денисовской косточки по сравнению с Человеком флоресским, из нее удалось извлечь ДНК и определить нуклеотидную последовательность. Сыграло роль то обстоятельство, что климат на Алтае холодный и материал хорошо сохранился. Оказалось, что доля ДНК в фаланге составляет порядка 70 %, а средняя длина фрагментов равна 65–70 пар нуклеотидов. Обычно палеогенетикам приходится работать с материалом, представленным в окаменелостях гораздо более скромно.

Это уникальное исследование было выполнено группой уже упоминавшегося С. Паабо, в распоряжение которого было передано 10 миллиграммов фаланги мизинца. Из этого материала удалось выделить митохондриальную<sup>10</sup>, а затем и ядерную ДНК [9]. Чтобы понять, работа какого уровня сложности была проделана, достаточно сказать, что каждый участок генома секвенировался<sup>11</sup> многократно, в среднем 156 раз. Далее все повторили с мтДНК, выделенной из другого фрагмента косточки. К тому же применили

---

<sup>9</sup> За годы исследований в Денисовой пещере выявлено более 20 культурных слоев различных эпох, собрана богатая коллекция экспонатов (около 80 тысяч). В отложениях обнаружены останки 117 видов плейстоценовых животных.

<sup>10</sup> Митохондриальная ДНК (далее мтДНК) – кольцевая молекула ДНК, содержащаяся в митохондриях клетки.

<sup>11</sup> Секвенирование – определение нуклеотидной последовательности ДНК, то есть ее прочтение.



иную технологию секвенирования. Сравнение полученных данных показало, что митохондриальный геном прочтен верно, и степень валидности максимально высока.

В марте 2010 г. в журнале *Nature* были опубликованы материалы сравнительных исследований митохондриального генома денисовца с геномами 54 современных людей, одного древнего сапиенса возрастом около 30 тысяч лет, шести европейских неандертальцев и двух неандертальцев из Средней Азии [9].

Полученные результаты стали новой неожиданностью. Оказалось, что мтДНК денисовского человека отличается от мтДНК современного человека по 385 нуклеотидам (размер всей молекулы мтДНК равен 16560–16570 нуклеотидов). Отличия между нашей и неандертальской мтДНК составляют 202 нуклеотида. Неандертальцы отличаются от денисовца примерно так же, как сапиенсы. Расчеты показали, что денисовцы отделились от единой ветви развития около 1 миллиона лет назад – именно тогда жила последняя общая «праматерь» денисовцев, сапиенсов и неандертальцев по непрерывной женской линии. Общая митохондриальная праматерь сапиенсов и неандертальцев жила порядка 466 тысяч лет назад, а возраст так называемой «митохондриальной Евы» – общего прародителя нашего вида по женской линии – составляет 160–200 тысяч лет.

Итак, согласно данным палеогенетики, денисовская девочка не была ни сапиенсом, ни неандертальцем. Оставалось одно – признать, что вновь обнаружен новый, ранее никогда не попадавший в поле зрения ученых вид древних людей, который получил название Человек денисовский (*Homo altaiensis*). Надо отметить, что это второй вид вымерших гоминид, для которого отсеквенирован полный митохондриальный и почти полный ядерный геном (первым был прочитан геном неандертальца). Ареал обитания нового вида перекрывался с ареалом неандертальцев и сапиенсов, причем не только территориально, но, с большой вероятностью, и по времени существования. Показано, что денисовцы мигрировали на Алтай из Африки, но они двигались своим путем, отличным от маршрутов *Homo erectus*, *Homo neanderthalensis* и *Homo sapiens*.

Однако мтДНК, передающаяся строго по женской линии<sup>12</sup>, составляет малую часть генома. Основная информация представлена в ядерной ДНК, выделение которой из окаменелостей – задача повышенной сложности. Но С. Паабо вновь блестяще ее решил. Причем от исследования к исследованию совершенствовалась методика работы с палеодНК, что повышало надежность результатов. Общая длина прочтенных фрагментов ядерной ДНК составила 5,2 млрд пар нуклеотидов (99,4 % нуклеотидов были прочитаны не менее 10 раз и 92,9 % – не менее 20 раз). С. Паабо удалось достичь столь вы-

<sup>12</sup> При слиянии яйцеклетки и сперматозоида в процессе оплодотворения митохондрии сперматозоида разрушаются, поэтому эмбрион наследует только митохондрии, содержащиеся в яйцеклетке, а вместе с ними – и мтДНК матери.

сокой надежности, что сомнения в правильности сделанных выводов не возникают.

На следующем этапе проводился сравнительный анализ ядерной ДНК денисовского генома с геномами шимпанзе, неандертальцев (использовали фрагменты ядерных геномов неандертальцев из Хорватии, России, Испании и Германии) и сапиенсов. Это были представители пяти современных народов: бушмен, китаец, папуас, француз, йоруба. В результате этой работы удалось составить каталог некоторых генетических отличий сапиенсов от денисовцев. Подтвердился вывод о том, что денисовцы стоят ближе к неандертальцам. Их можно назвать видами-кузенами. Судя по всему, сначала от общей линии отделился *Homo erectus*, далее предки сапиенсов отделились от двух других популяций – неандертальцев и денисовцев. Еще позднее, порядка 700 тысяч лет назад, предки денисовцев отделились от предков неандертальцев.

Еще более неожиданный результат был получен при сравнении денисовского генома с геномами 938 современных людей, среди которых были представители 53 разных народов мира. Были обнаружены следы гибридизации Денисовского человека с *Homo sapiens*. Примесь денисовских ядерных «генов» в количестве  $4,8 \pm 0,5\%$  нашли у современного населения Меланезии, заселенной сапиенсами около 45 тысяч лет назад, а также жителей Новой Гвинеи. Отдельные гены найдены в популяциях Океании, Юго-Восточной Азии, у австралийских аборигенов, полинезийцев, фиджийцев, восточных индонезийцев с разных островов (включая о. Флорес), филиппинцев. Сравнительно-генетические исследования продолжаются, география денисовских «генов», обнаруженных в геноме современного человека, расширяется.

Если в геноме современного человека обнаруживаются гены денисовцев, то неизбежен вопрос и о возможности метисации между древними представителями рода *Homo*. И особенно – о смешанных браках между *Homo sapiens* и *Homo neanderthalensis*, поскольку ареалы этих видов перекрывались в Европе, и не только в пространстве, но и во времени. Известно, что древние сапиенсы мигрировали в Европу примерно 40 тысяч лет назад, поэтому их контакты с европейскими аборигенами – неандертальцами – продолжались не менее 10 тысячелетий. Хотя место встречи могло быть и иным, например, в Малой Азии. В любом случае, сравнение геномов этих видов – исследование важнейшее и многообещающее.

Проект по прочтению генома неандертальца стартовал в 2006 г., руководителем его был С. Паабо. Проанализировав мтДНК, а также некоторую часть ядерного генома, ученый пришел к заключению, что гибридизация между видами отсутствовала. Однако к маю 2010 г. был секвенирован практически полный ядерный геном неандертальца. Материалом для исследования послужили фрагменты костей, обнаруженных в Хорватии, возраст

которых, согласно радиоуглеродному датированию, составляет 38 и 44 тысячи лет<sup>13</sup> [10].

Исследование показало, что геном неандертальцев (точнее, неандерталок, так как кости принадлежат трем особям женского пола) и современных людей отличается всего на 0,16%. Разница кажется незначительной, но она весьма существенна, поскольку именно эти отличия сделали человека Человеком. У сапиенсов было обнаружено 78 однонуклеотидных замен в генах. Это те последовательности, которые имеются у современных людей, но отсутствуют у неандертальцев. Следовательно, они не унаследованы от общего предка, а появились уже после расхождения ветвей. Также удалось определить 5 сугубо «сапиентных» генов, которые есть исключительно в геноме человека. Что это за гены? Одни из них активны в коже и волосах, то есть отвечают за нашу «человеческую» внешность; есть ген, влияющий на зрительное восприятие; несколько генов связаны с мыслительными особенностями человека; с его энергетическим обменом; один ген определяет активность сперматозоидов.

Кроме того, обнаружены мутации, которые были у неандертальцев, но отсутствуют у человека. Пока их функции неизвестны. Но и это не все загадки. В геноме неандертальцев есть гены, имеющие значительно большее число копий, чем в геноме современных людей. Зачем были нужны эти повторы – открытый вопрос, адресованный биоинформатикам.

А далее начался самый интригующий этап работы, завершение которого ждали во всем мире – попарное сравнение неандертальского ядерного генома с геномами пяти наших современников. Для этого были выбраны представители всех современных рас: француз, китаец, житель Новой Гвинеи и два африканца (из Южной и Западной Африки). Результат оказался сенсационным даже для С. Паабо – убежденного сторонника отсутствия смешения между данными видами! Однако тщательно проведенное исследование не оставляло сомнений: в геноме современных евразийских сапиенсов присутствует 2,5±0,6% однонуклеотидных замен, которые совпадают с неандертальскими. Нет их следов лишь у коренных африканцев. Впрочем, это не удивительно, поскольку неандертальцы не населяли Африку (их предшественники покинули ее около 300 тыс. лет назад).

Однако здесь необходимо внести уточнение. Нередко эти результаты интерпретируются не вполне корректно – складывается впечатление, что в геноме современных людей найдены целые неандертальские гены. А между тем речь идет не о генах как таковых, а лишь о «генетических вариантах». Вот комментарий П. Сломинского, заведующего Лабораторией молекулярной генетики наследственных болезней Института молекулярной генетики РАН: *«Проводят сравнение однонуклеотидных полиморфных вариантов в геномах современного человека, неандертальца и шимпанзе и ищут те варианты, которые есть в геномах неандертальца и современного человека и*

<sup>13</sup> Образцы имеют разный возраст, поскольку извлечены из разных слоев пещеры.

отсутствуют в геноме шимпанзе. Далее следует весьма изощренный статистический анализ с использованием специально разработанных алгоритмов и делается вывод о том, что часть полиморфизмов возникла у неандертальцев и именно от неандертальцев попала в геном современных людей – причем только европеоидов и монголоидов, в африканских популяциях от неандертальцев ничего пока не найдено. Но в любом случае – это варианты, распределенные по всему геному, а не большие области ДНК и не целые гены...» [11] Таким образом, привычный термин «гены» в данном случае следует или брать в кавычки, или не использовать вовсе, заменяя его на более корректное (хотя, возможно, менее понятное) – «генетические варианты». Еще точнее – это так называемые SNP (англ. Single Nucleotide Polymorphism), однонуклеотидные полиморфизмы. То есть речь идет о точечных заменах отдельных нуклеотидов, которые разбросаны по всему геному. Именно они обнаружены при попарном сравнении геномов сапиенс-неандерталец, сапиенс-денисовец.

Это исследование породило немало новых вопросов. И основные из них – где, когда и как могли получить сходные SNP разные виды? Было ли это результатом заимствования в ходе межвидовых скрещиваний?

Предполагается, что первая встреча сапиенсов и неандертальцев могла произойти около 120–80 тысяч лет назад в Передней Азии, так как к этому времени относится наиболее ранняя волна миграции сапиенсов из Африки – своей «исторической родины». А ареал европейских неандертальцев к тому периоду расширился вплоть до азиатских территорий, что подтверждают и археологические находки. Поэтому схождение данных видов на Святой Земле вполне вероятно. В Израиле на горе Кармель (за обилие находок ее называют «горой Эволюции») расположены знаменитые пещеры Кафзех, Схул и Табун, где обнаружены останки и людей современного вида, и неандертальцев. По оценкам израильских археологов, время сосуществования сапиенсов и неандертальцев в окрестностях горы Кармель составляло не менее 10 тысяч лет.

Но в 2012 г. автор исследования С. Паабо сделал уточнение, существенно сузив временную рамку: *«Последний поток генов от неандертальцев (или их предшественников) к европейцам, вероятно, происходил 37 000–86 000 лет назад, и, скорее всего, 47 000–65 000 лет назад. Это подтверждает недавнюю гипотезу скрещивания и предполагает, что скрещивание возможно, произошло, когда люди, носители верхнепалеолитической культуры, покинувшие Африку, встретились с неандертальцами»* [12]. Однако конкретизировав время контактов, ученый не отказался от идеи скрещивания между двумя видами. Дискуссия вокруг обнаружения в геноме сапиенсов неандертальских генетических последовательностей продолжилась. Вот комментарий ведущего научного сотрудника Палеонтологического института РАН Е. Наймарк: *«Редкие, но плодотворные встречи сапиенсов и неандертальцев оставили след в геноме современных людей. Следующая волна миграции сапиенсов из Африки в Европу началась около 50000 лет назад.*

*Мигранты обязательно встретили на своем тысячелетнем пути неандертальцев. Были ли часты браки между сапиенсами и аборигенами – неизвестно, но следы этих браков остались в генах современных людей» [10]. Аналогичной точки зрения придерживается и А. Марков, также ведущий научный сотрудник этого Института: «Итак, следы древних смешанных браков остались в генах современных людей. Так что теперь нельзя утверждать, без некоторых оговорок, что неандертальцы полностью вымерли» [13]. Автор имеет в виду, что сапиенсы, мигрируя в Евразию, унесли в своих геномах некоторое количество генетических последовательностей ближневосточных неандертальцев. И единственная причина тому, с точки зрения процитированных ученых-палеонтологов, метисация, которая могла происходить по схеме: женщина-сапиенс и мужчина-неандерталец. «Это возможный вариант, – сказал С. Паабо в интервью для Лента.Ру, – но лично я полагаю, что в межвидовых контактах принимали участие мужчины и женщины с обеих сторон» [14]. Стоит отметить, что скрещивания с неандертальцами показались многим нашим современникам вполне тривиальным явлением. С. Паабо рассказал в том же интервью, что после публикации этих данных ему «...стало поступать огромное количество писем, в которых люди писали, что они являются неандертальцами, и предлагали сдать свою кровь для исследований. Практически всегда неандертальцами себя ощущали мужчины. Женщины же писали, что неандертальцами являются их мужья». Однако ни исследовать ДНК «живых неандертальцев», ни комментировать эти заявления ученый не стал.*

Конечно, вопрос о возможности смешанных браков внутри рода *Homo* возник давно. Долгие годы существовала гипотеза, согласно которой *Homo sapiens* – это вид, сформировавшийся путем гибридизации. Однако в конце 80-х гг. XX в. Аллан Уилсон (Allan Wilson), профессор Калифорнийского университета (Беркли, США), провел масштабные сравнительно-генетические исследования мтДНК современных представителей всех рас и показал, что справедлива моногенетическая модель. Согласно этой модели, генетическим предком человека по женской линии была «митохондриальная Ева» (так назвал ее А. Уилсон), жившая в Восточной Африке около 160-200 тысяч лет назад. Ее отпрыски заселили остальные континенты, породив все расовое разнообразие. «*Наши генетические сопоставления убедительно показывают, что все нынешние люди – потомки (по материнским линиям) единственной женщины, жившей 200 тысяч лет назад, вероятнее всего, в Африке. Человек современного типа возник в одном месте и распространился повсюду» [15]. При расселении потомки «Евы», по данным А. Уилсона, не вступали в скрещивания с представителями других видов, то есть они не практиковали ни промискуитет<sup>14</sup>, ни скотоложество – не нарушали репродуктивный межвидовой барьер. При исследовании других генетических локусов было показано, что предковая популяция человека составляла не*

<sup>14</sup> Промискуитет (от лат. *pro-miscuus* – общий) – беспорядочные половые связи со многими партнёрами.

менее 5 тыс. человек, то есть «митохондриальная Ева» была в ту пору не единственной женщиной. Но лишь ее вариант мтДНК сохранился в поколениях, его мы все и несем, остальные были необратимо утрачены. Точка, к которой сходятся линии, называется точкой коалесценции. Дальнейшие исследования, покрывающие практически весь земной шар, подтвердили выводы А. Уилсона. Датировка точки коалесценции, согласно последним оценкам, 130–180 тыс. лет назад. Таков возраст нашей общей праматери «митохондриальной Евы».

В пользу гипотезы «чистоты» нашего вида говорили и данные по анализу мтДНК неандертальца, полученные С. Паабо. Однако после секвенирования полного ядерного генома, как было сказано, в геномах европейцев и азиатов выявилось наличие около 4 % неандертальских генетических вариантов SNP.

И наконец, еще одно исследование, вновь выполненное под руководством С. Паабо, результаты которого, опубликованные в конце 2013 г., без преувеличения ошеломили научный мир. На этот раз удалось выделить мтДНК из кости раннепалеолитического Гейдельбергского человека (обнаружен в Атапуэрке, Испания), возраст которого оценивают в 400 тысяч лет. В настоящее время это самый древний геном, который удалось секвенировать. Ранее считалось, что предел сохранности ДНК в ископаемых не превышает 100 тысяч лет. Но С. Паабо успешно побил этот «рекорд»! Какие сюрпризы таил в себе столь древний митохондриальный геном? Что показало сравнительно-генетическое исследование человека из Атапуэрки методами палеогенетики?

*«Митохондриальный геном человека из Атапуэрки противостоит геномам сапиенсов и неандертальцев и объединяется с геномом денисовского человека. Этот результат – полная неожиданность. Он ставит генетиков и антропологов в тупик, ведь казалось несомненным, что денисовцы обитали лишь в восточной Евразии. Авторы затрудняются это интерпретировать»,* – такой комментарий дал портал Антропогенез.Ру после публикации этих данных [16]. Судя по сравнительному анализу митохондриального генома сапиенса, неандертальца, денисовца и Гейдельбергского человека, наблюдается сходство по SNP между двумя последними видами. Но, согласно палеоантропологическим данным, они обитали весьма далеко друг от друга, первый – на Алтае, второй – в Западной Европе. Поэтому обмениваться генами путем половых контактов они не могли. С. Паабо не остановился на этом достижении и пообещал отсеквенировать ядерный геном человека из Атапуэрки. Научное сообщество ждет продолжения исследования, которое, как многие надеются, должно снять возникшие вопросы. Или поставить новые...

Итак, обнаруженные в геноме *Homo sapiens* чужеродные неандертальские и денисовские генетические последовательности вплотную поставили вопрос о чистоте нашего вида – о возможности или невозможности скрещивания с иными представителями рода *Homo*, которые были его современни-

ками и обитали в том же ареале. Как видно из приведенных публикаций, чаша весов склонилась в пользу гипотезы о межвидовых скрещиваниях. Однако вскоре появилась еще одна статья, опубликованная в авторитетном журнале PNAS (Proceedings of the National Academy of Sciences) [17], автором которой был Андреа Маника (Andrea Manica, профессор Кембриджского университета, Великобритания). В ней гипотеза скрещивания не просто была подвергнута сомнению, но и предложено принципиально иное объяснение результатов, полученных С. Паабо. «И вот теперь более детальное изучение генетического разнообразия африканских популяций... при расселении из Африки показывает, что сходство европейцев и азиатов с неандертальцами может объясняться не тем, что они скрещивались после выхода *H. sapiens* из Африки, а тем, что источником миграций и неандертальцев, и людей современного типа послужила одна и та же группа, населявшая Север Африки» [18] – так комментирует статью генетик С. Боринская, один из экспертов портала Антропогенез.Ру.

Согласно А. Маника, причина общих генетических последовательностей – не скрещивания, а феномен, который носит название «полиморфизм общего предка» (другое название – «неполное расхождение генетических линий»). Суть его такова: если у сапиенса и неандертальца (или денисовца) в каком-либо месте генома находятся различающиеся нуклеотиды, то тот вид, ДНК которого совпадает с ДНК предкового, или внегруппового, вида (англ. outgroup)<sup>15</sup>, является эволюционно более древним, а тот, ДНК которого имеет точечные отличия, будет эволюционно молодым, то есть возникшим после расхождения линий от общего ствола. В дальнейшем эволюционно молодые аллели могли неравномерно распределиться в популяциях, скрещивания между которыми прекратились на более раннем этапе. При расселении возможна утрата части молодых аллелей, однако незначительный их процент мог сохраниться в независимых популяциях, что и выявил С. Паабо. Итак, не палеогибридизация, а более ранний общий предок оставил в геномах двух разных видов один и тот же след – таково иное объяснение кембриджских ученых. *«Опираясь на теорию общего предка и географические различия генотипов, нам удалось показать, что евразийское население несет больше генов, сходных с генами неандертальцев, но привлекать для этого гипотезу гибридизации не нужно: сходство продиктовано миграцией и динамикой распространения этих генов по Евразии»*, – делает вывод в своей статье А. Маника.

Вероятно, это альтернативное объяснение, основанное на феномене полиморфизма общего предка, не последнее, и можно ожидать появления новых работ, в которых будут найдены и другие механизмы, объясняющие генетический вклад одного вида в другой. И все же, где бы и когда бы ни произошла встреча двух древних видов, принципиально важно другое – как сложились отношения между человеком неандертальским и человеком ра-

<sup>15</sup> В данном случае при сравнении генов человека с геномом неандертальца и денисовца в качестве внегруппового вида использовали геном шимпанзе.

зумным? Были ли они неприятелями, соперниками или, напротив, мирными соседями, друзьями? Археологические данные говорят скорее о не вполне мирном их сосуществовании. Возможно, сняв покров тайны с их взаимоотношений методами палеогенетики, можно будет понять не только причину исчезновения весьма своеобразных «других людей», обитавших когда-то на Земле, но также разрешить многие загадки, связанные с происхождением и становлением нашего вида.

Следует сказать, что обмен генетической информацией между биологическими видами может происходить разными путями. Наиболее распространенный среди разнополых организмов – это так называемый «вертикальный» перенос генов от предков к потомкам, который происходит в результате скрещиваний. Но это далеко не единственная возможность. Более того, выполнены расчеты, показывающие, что на основе случайных мутаций с их последующей передачей от родителей детям и естественным отбором наиболее удачных вариантов жизнь не успела бы развиваться за 3,8 млрд лет от простейших форм до человека. Для осуществления этого грандиозного процесса просто не хватило бы времени.

В 1943–1948 гг. Барбара Мак-Клинток<sup>16</sup>, изучая причины мозаичной окраски семян кукурузы, обнаружила в ее хромосомах необычные последовательности. Они нарушали одно из фундаментальных положений хромосомной теории наследственности – меняли свое положение на хромосомах. Так впервые были обнаружены мигрирующие генетические элементы, изучением которых с тех пор активно занимаются генетики всего мира. Это явление называется генетической транспозицией, а включенные в процесс гены – транспозонами или мигрирующими генами. Из феномена перемещающихся генов выросла современная генетическая инженерия. «Прыгающие гены», как их нередко называют в популярной литературе, обнаружены у всех живых организмов. К ним, помимо транспозонов, относятся IS-элементы, ретротранспозоны, эписомы, плазмиды, мобильные диспергированные гены [19]. Сюда же могут быть причислены и ретровирусы. Итак, оказалось, что существует механизм переноса наследственной информации не только внутри одного генома, но и между геномами неродственных организмов – представителями разных видов, родов и т.д. Этот поток называется «горизонтальным».

Для большинства видов скрещивание между надвидовыми формами отсутствует, а если и происходит, то гибриды в большинстве случаев оказываются нежизнеспособными или стерильными (например, мул – гибрид лошади и осла). Но с открытием перемещающихся генетических последовательностей репродуктивный барьер безвозвратно пал. «С открытием ретровирусов, – пишет В. Гвоздев, член-корреспондент РАН, заведующий отделом молекулярной генетики Института молекулярной генетики, – *которые*

<sup>16</sup> Барбара Мак-Клинток (Barbara McClintock, 1902–1992) – американский цитогенетик. За открытие мобильных генетических элементов награждена Нобелевской премией по физиологии и медицине (1983).



могут заражать клетку и размножаться с образованием копий ДНК, способных встраиваться в геном, встал вопрос о возможности переноса генетического материала от одного эукариотического организма к другому без полового процесса. При заражении вирусом генетический материал может переходить от одного вида к другому, преодолевая так называемые барьеры межвидовой изоляции, в основе которой лежит неспособность разных видов скрещиваться или давать плодовитое потомство» [20]. И далее: «Ученые избегают касаться вопроса о том, каков может быть механизм этого процесса в случае переноса транспозонов. Можно представить себе, что поедание организмов друг другом может лежать в основе горизонтального переноса, поскольку показано, что ДНК переваривается не до конца, и отдельные молекулы могут попадать из кишечника в клетку и ядро, а затем интегрироваться в хромосому. Вопрос о механизмах горизонтального переноса транспозонов остается открытым» [20].

Может сложиться впечатление, что потоки генетической информации способны бесконтрольно вторгаться куда угодно, но это не так. Существуют механизмы, ограничивающие этот «произвол». В противном случае понятие «вид» потеряло бы всякий смысл. И все же на многочисленных объектах показано, что «горизонтальный» перенос свойствен не только бактериям-прокариотам, но и всем эукариотическим организмам [21].

Что дает знание этих тонких генетических процессов для понимания механизмов эволюции? Немало. Найден путь, благодаря которому однажды найденное каким-либо видом оригинальное решение может быть заимствовано через «прыгающий ген» другими видами. Главное при «горизонтальном» переносе – способность мигрирующих элементов встраивать фрагменты ДНК в геномы других организмов. Этот феномен можно назвать «генетической инфекцией», поскольку информация распространяется подобно вирусу.

Предположение об обмене генами даже между далекими в филогенетическом отношении организмами впервые было высказано известным английским эмбриологом К. Уоддингтоном (C. Waddington, 1905-1975) еще в 1957 г. Однако и спустя полвека его роль в филогенезе воспринимается скорее как рабочая гипотеза, чем в качестве строго установленного факта. «*Результаты возможного переноса наследственных “текстов” между далекими таксонами уже обнаружены как у бактерий, так и у эукариот. Но говорить об их роли в филогенезе можно будет не раньше, чем выяснится, с какими именно свойствами фенотипа адаптивных норм соответствующих видов эти предположительно перенесенные “тексты” связаны*» [22], – так комментирует состояние проблемы ведущий научный сотрудник Палеонтологического института РАН А. Раутиан.

Рискнем предположить, что коль скоро такой механизм существует, он должен функционировать. Странно было бы «пренебрегать» быстрой и эффективной возможностью приобрести прогрессивные эволюционные новшества. Действие этого механизма позволяет объяснить наличие многочис-

ленных параллелизмов в эволюции, упомянутых выше. В. Красилов писал о такой возможности еще в 1986 г.: *«Весь процесс напоминает заводское производство с несколькими цехами, изготавливающими отдельные детали сложной конструкции. А вот как происходит “сборка” – соединение и функциональная интеграция частей – это пока нерешенная проблема. Можно лишь догадываться, что в некогерентные периоды размываются барьеры, ограждающие генофонды эволюционных линий от проникновения чужеродного генетического материала. Для проникновения существуют два канала – гибридизация или перенос генов вирусами или бактериальными плазмидами... Открытие подвижных генетических элементов практически у всех организмов... убеждают в том, что неполовой перенос генов – довольно обычное явление, вероятно, сыгравшее определенную роль в эволюции»* [2].

Нельзя игнорировать также и тот факт, что «технология заимствования», и не только генов, а целых органоидов, использовалась на другом, более раннем этапе биологической эволюции (около 1,9 млрд лет назад) – при переходе от прокариотической<sup>17</sup> формы жизни к ее эукариотическому<sup>18</sup> варианту. Еще в конце XIX – начале XX в. русский ботаник А.С. Фаминцын (1835–1918) впервые выдвинул гипотезу эндосимбиоза (симбиогенеза), которая благодаря работам известного американского биолога Линн Маргулис (Lynn Margulis, 1938–2011) [23] получила серьезное обоснование и в настоящее время выполняет роль новой научной парадигмы. Согласно этой теории, происхождение эукариотической клетки есть результат многократных последовательных эндосимбиозов аэробных, анаэробных, фотосинтезирующих и нефотосинтезирующих прокариотических организмов, неродственных друг другу. Например, такие органоиды эукариот, как митохондрии, произошли из бактерий, дышавших кислородом, хлоропласты – из групп бактерий, способных к фотосинтезу с выделением кислорода, жгутики и цитоскелет – из спирихет и т.д. «Биотехнологическое решение» было простым, но весьма эффективным: одни бактериальные клетки, попадая внутрь других, оставались там в роли «полезных квартирантов». В результате этого «мирного сосуществования» организмов разных видов внутри одной клетки и появились принципиально новые сущности – эукариотические одноклеточные организмы, которые в процессе эволюции дали начало всему многообразию многоклеточных эукариот – представителям царств Простейших, Растений, Животных, Грибов. И человек тут не исключение, поскольку мы тоже – эукариоты.

С учетом сказанного, совокупный генофонд биосферы, являющийся суммой генотипов отдельных видов, можно рассматривать как единую ин-

<sup>17</sup> Прокариоты (от древнегреческого *πρῶ* – перед и *κάρυον* – ядро) – неядерные одноклеточные организмы, не обладающие оформленным клеточным ядром и внутренними мембранными органоидами.

<sup>18</sup> Эукариоты (от древнегреческого *εὖ* – хорошо и *κάρυον* – ядро) – организмы, клетки которых содержат ядра.

формационную среду, в которой распространяется эволюционно значимая информация. Этот механизм является ускорителем эволюции (и антропогенеза), многократно повышая возможность реализации редких событий, и делает ее более плодотворным, высокорезультативным, целенаправленным процессом.

*«О, разрешите мне загадку жизни,  
Мучительно-старинную загадку,*

...

*Скажите мне, что значит человек?  
Откуда он, куда идет?..»*

Эти строки Генриха Гейне из стихотворения «Вопросы»<sup>19</sup> будто обращены к сегодняшней науке о человеке. Но мы вновь останавливаемся перед этой сокровенной тайной, окружающей наш приход в мир. Ее раскрытие – несмотря на четко выстроенную программу исследования, многолетние усилия отдельных ученых и целых научных школ, на мощный арсенал методов – подобно линии горизонта, все время отодвигается, несмотря на совокупные усилия. Причина тому, по нашему мнению, существование *пространства принципиально необъяснимого* в рамках действующей научной парадигмы. Не каждый исследователь готов это признать. Но безграничный гносеологический оптимизм методологически ошибочен; человечество уже достаточно повзрослело для признания собственной когнитивной ограниченности. Сущностный прорыв в исследовании хода антропогенеза возможен, если раздвинуть рамки позитивной парадигмы. Отношение к человеку лишь как к биологическому виду, одному из нескольких миллионов других видов, служит тем препятствием, которое не позволяет исследовать эту проблему во всей ее полноте. Демаркационная линия, разделяющая научный и религиозный взгляд на мир и человека в нем, должна преобразоваться в созидательное пространство, которое в рационально упорядоченном космосе станет местом встречи науки и богословия – областью, где заканчивается территория суверенитета каждой из сторон и начинается их продуктивное взаимодействие по принципу дополнительности. Такой интердисциплинарный подход к проблеме появления человека на Земле способен вывести исследование на иной уровень осмысления, поскольку человек – не только дитя природы, но и Бога. *«Человек – не дитя случая, не результат игры природы и не просто продукт окружающих условий, он сотворен Отцом Небесным, чтобы стать Его сыном»* [24]. В этом – наше сущностное отличие от всех остальных «людей», обитавших некогда на Земле.

---

<sup>19</sup> Генрих Гейне (1797–1856). Вопросы. Из цикла «Северное море», 1830. Пер. Ф.И. Тютчева.

## ЛИТЕРАТУРА

1. Шарден. П.Т. де. Феномен человека. – М.: Наука, 1987.
2. Красилов В.А. Нерешенные проблемы теории эволюции. – Владивосток, 1986.
3. URL: [http://www.bbc.co.uk/russian/science/2012/04/120401\\_giant\\_feathered\\_dinosaur.shtml](http://www.bbc.co.uk/russian/science/2012/04/120401_giant_feathered_dinosaur.shtml)
4. Марков А.В. Доклад, прочитанный в Институте Общей Генетики 18.03.2004. URL: <http://macroevolution.narod.ru/paral/paral.htm>
5. URL: <http://antropogenez.ru/history-single/212/>
6. Голубовский М.Д. Вестник. Мир эволюциониста Джулиана Хаксли. Рецензия на книгу: Я.М. Галл. Джулиан Сорелл Хаксли. 1887–1975. – СПб.: Наука, 2004. 294 с./ ВООГиС, 2007. – Т. 11. – № 3/4.
7. Вонг Кейт. Самый маленький человек // В мире науки. – 2005. – № 5.
8. URL: <http://elementy.ru/news/431483>
9. URL: <http://elementy.ru/news/431889>
10. URL: <http://elementy.ru/news/431316>
11. Сломинский П.А. Об употреблении слова «гены» в популярной литературе и в СМИ. URL: <http://antropogenez.ru/article/386/>
12. Sriram Sankararaman, Nick Patterson, Heng Li, Svante Paabo, David Reich. The date of interbreeding between Neandertals and modern humans. URL: [arxiv.org/abs/1208.2238v1](http://arxiv.org/abs/1208.2238v1)
13. Марков А. В. Выступление на заседании Клуба Антропогенез.Ру, 26 февраля 2011 года, Дарвиновский музей. URL: <http://antropogenez.ru/article/240/>
14. Сванте Паабо. Интервью Лента.Ру, ноябрь, 2012. URL: <http://academ.info/news/17676>.
15. Уилсон А. К., Канн Р. Л. Недавнее африканское происхождение людей // В мире науки. – 1992. – N 6.
16. Расшифрован геном человека из Атапуэрки, возрастом 400 тысяч лет. URL: <http://antropogenez.ru/single-news/article/362/>.
17. Eriksson Anders, Manica Andrea. Effect of ancient population structure on the degree of polymorphism shared between modern human populations and ancient hominins. PNAS August 14, 2012. URL: <http://www.pnas.org/content/early/2012/08/14/1200567109.abstract?etoc>
18. Боринская С. Ну вот, опять... Неандертальцы НЕ скрещивались с сапиенсами??? // Антропогенез.Ру. 14.08.2012. URL: <http://antropogenez.ru/single-news/article/229/>
19. URL: [http://www.biogen.pro/images/%D0%9B%E2%84%964\\_%D0%9F%D0%93%D0%AD.pdf](http://www.biogen.pro/images/%D0%9B%E2%84%964_%D0%9F%D0%93%D0%AD.pdf)
20. Гвоздев В. А. Подвижная ДНК эукариот. – Ч. 2: Роль в регуляции активности генов и эволюции генома // Соросовский образовательный журнал. – 1998. – № 8. URL: <http://nature.web.ru/db/msg.html?mid=1157652&uri=1.html>.
21. Горизонтальный перенос генов и его роль в эволюции. URL: <http://evolbiol.ru/latgentrans.htm>.
22. Раутиан А. С. Могут ли обмениваться свойствами далекие виды? // Экология и жизнь. – 2002. – № 1.
23. Линн. Роль симбиоза в эволюции клетки. – М., 1983.
24. Протоиерей Николай Иванов. «И сказал Бог...» Толкование первых глав Книги Бытия. – Клин, 1997.

## RECONSTRUCTION OF THE ORIGIN OF MAN IN THE LIGHT OF NEW ANTHROPOLOGICAL FINDS

**G.L. Muravnik**

The article provides an overview of several paleo-anthropological finds discovered over the last decade, in particular, the Man of Flores (*Homo floresiensis*) and the Man of the Denisova Cave (*Homo altaiensis*), whose discovery has substantially changed the notions of the course of anthropogenesis. Works on the sequencing and comparative genetic analysis of the nuclear and mitochondrial DNA of these species, and also the Neanderthal Man (*Homo neanderthalensis*) and the DNA of ancient and modern representatives of the species Man the Wise (*Homo sapiens*) are discussed. An explanation of the findings is proposed within the framework of the African monogenetic model ruling out the possibility of interbreeding between different species of the genus Man (*Homo*) in the course of anthropogenesis.

**Key words:** anthropogenesis, paleogenetics, genome, mitochondrial DNA, nuclear DNA, DNA sequencing, parallelism, mobile genetic elements, interbreeding.