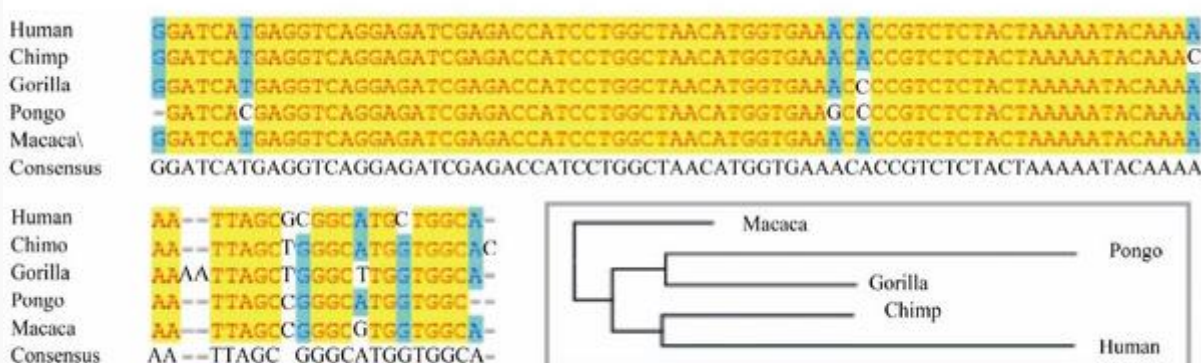


## От каких обезьян произошли люди?

21.05.2018 Источник: <https://zen.yandex.ru/media/id/5a8b32de3c50f7f27676c0e5/ot-kakih-obezian-proizoshli-liudi-5b023c8c4bf161a5aeb30746>

На самом деле люди произошли не от обезьян, или во всяком случае не от тех обезьян, которые в зоопарке, или которые сейчас резвятся на полянах в Африке или ходят по краям крыш в городах Индии. Те, которые в зоопарке, на поляне или на крышах – результат эволюционных ветвей, удаленных на миллионы лет от своих предков, которые были общими предками современных шимпанзе и человека, современных орангутана и человека, современных гориллы и человека, современных макаки и человека. По оценкам генетиков, общий предок современного шимпанзе и человека жил 4-6 миллионов лет назад; другие приматы, как мы их знаем, появились еще раньше, между 5 и 18 миллионами лет назад. Но ДНК современных приматов на удивление близки к ДНК современного человека, как показывает, например, диаграмма ниже для фрагмента из 97 нуклеотидов ДНК:

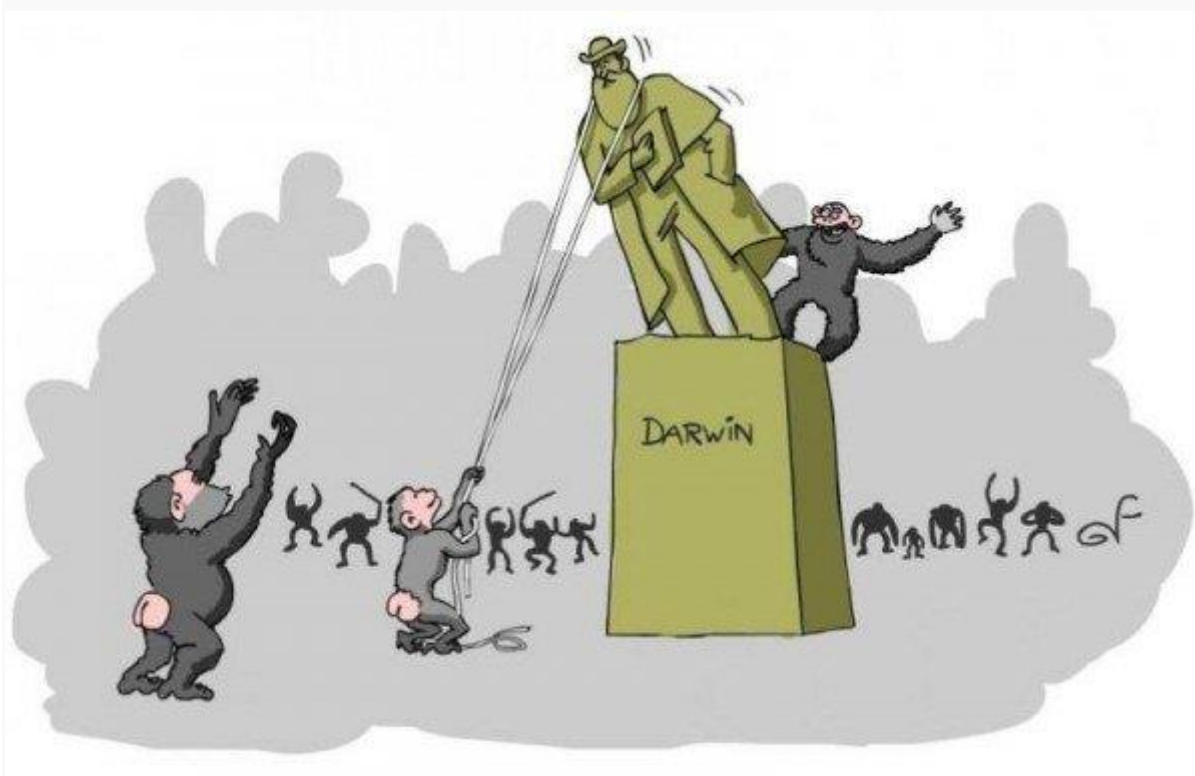


Как видно, из 97 нуклеотидов показанной последовательности Y-хромосомы у современного человека и шимпанзе не совпадают только пять, то есть совпадение наблюдается в 95% нуклеотидов. Совпадение с гориллой – в 94% нуклеотидов. Случайных совпадений до такой степени быть не может, мы – родственники, правда, весьма отдаленные. Тот шимпанзе, что сейчас в зоопарке, прошел свой эволюционный путь, видимо – не самый удачный с нашей точки зрения. Мы, современные люди, произошли от того же общего предка несколько более удачным образом, правда, не все, как показывает жизнь.

Многие, даже в научной литературе, педалируют тот факт, что мы не можем найти «пропущенные звенья» эволюции, и что это якобы ставит под сомнение теорию эволюции. Да, найти их было бы интересно, но приведенные выше данные по геному делают эти «пропущенные звенья» не такими уже и обязательными. Ясно, что они где-то лежат глубоко в земле, но всю землю пока не перекопали, и перекопают не скоро. Тем не

менее, новые находки не прекращаются, и каждый раз непредсказуемые. Появятся и пропущенные звенья.

По поводу тех, кто ставит под сомнение теорию эволюции. Беглый просмотр этой тематики в сети забавляет – массы малограмотных людей, которые слова без грубых ошибок не могут написать, с жаром отрицают теорию Дарвина. Откуда это? Из содержания их комментариев видно, что они понятия не имеют о теории эволюции, ничего конкретного они не сообщают, никакого анализа не проводят, научных фактов не представляют. Конечно, специалисты могут привести ряд наблюдений, которые трудно объяснить, исходя из существующих положений теории эволюции, но так и в любой области науки. Что, в канцерогенезе все можно объяснить? В наблюдениях за ростом раковой опухоли, в действии лекарственных препаратов все можно объяснить? В физической химии все можно объяснить? В поведении элементарных частиц? Если посмотреть вокруг, можно увидеть множество проявлений биологической эволюции, например, в том, как болезнетворные микроорганизмы в клинике быстро меняются, эволюционируют, становятся малочувствительными, или вовсе нечувствительными к антимикробным лекарственным препаратам. Понять надо, а не отрицать.



Кстати, и Дарвин ничего не писал о «происхождении человека от обезьяны», в его книге «О происхождении видов» (1859) на 400 страницах слово «monkey» (обезьяна) встречается всего один раз (на стр. 240 на языке оригинала), и то без всякого отношения к происхождению человека. К сожалению, мир заполнен «испорченными телефонами». А другие бездумно повторяют. В другой важной и объемной книге Дарвина «Происхождение человека и половой отбор» (1871) автор писал, что ему

«придется лишь слегка коснуться различий между человеком и человекообразными обезьянами». Опять, речи об обезьянах, как мы их знаем сейчас, не было. На самом деле об этом написал Ф.Энгельс, который в своей статье «Роль труда в процессе превращения обезьяны в человека» (1876, опубликована в 1896) весьма вольно и часто употреблял термин «обезьяна», постоянно сравнивая ее с обезьянами современными, хотя уже во втором абзаце статьи пояснил, что речь идет о «необычайно высокоразвитой породе человекообразных обезьян». А поскольку труды Энгельса были обязательны к изучению в СССР на протяжении многих десятилетий, фраза о «превращении обезьяны в человека» превратилась в клише. Теперь за это многие поносят Дарвина, совершенно не зная его работ.

Несколько отвлекаясь от основной темы, замечу, что часто спрашивают – а как относиться к Библии, которая сообщает, что человек был создан Богом, а не появился в результате эволюционного процесса. Относиться очень просто: Библия – не научный источник. И ничего в этом плохого нет, есть много ненаучных источников. Но в науке есть свои правила, и Библия им не соответствует. Бог – тоже вненаучный термин и вненаучное понятие. В науке основное правило – это правило верифицируемости, проверяемости и воспроизводимости. Бог не проверяем, не верифицируем. В его «существование» можно верить или не верить, но «вера» – тоже не научное понятие. В итоге мы приходим к тому, что наука и религия – это «перпендикулярные» сферы человеческой деятельности и восприятия. Их нельзя сравнивать, нельзя сопоставлять, и нельзя сравнительно аргументировать. В религии требуется другой характер восприятия. Не буквальный, а духовный, если угодно. В религии есть два важнейших принципа – этический и регламентационный, определяющий поведение человека в обществе. В науке нет ни того, ни другого. Если кто думает, что есть – так это не от науки, а от религии. Поэтому важно, чтобы общество, в котором заложены оба этих принципа, и заложены, как правило, под непосредственным историческим влиянием религии, регламентировало научную деятельность в тех направлениях, в которых возможно создание средств разрушения и уничтожения человечества. Поскольку в науке нет этики, этика «идет» только от общества, такая разрушительная научная деятельность вполне возможна, более того, она ведется порой от неограниченных амбиций ученого, порой от государственных заказов.

Возвращаемся к ДНК-генеалогии. Надо сказать, что показанный на рис. 5 фрагмент ДНК для сопоставления между шимпанзе и человеком выбран не совсем репрезентативно – в нем число мутаций несколько преувеличено по сравнению со средним числом мутаций в ДНК по прошествии нескольких миллионов лет. Иначе говоря, у него задача иллюстративная. Давайте посмотрим, сколько мутаций должно набежать в таком фрагменте ДНК, из 97 нуклеотидов, за пять миллионов лет, а также за 20 миллионов лет, для сравнения. Этим рассмотрением мы сделаем шаг вперед по направлению к ДНК-генеалогии, что и есть главный инструмент этой книги.

Снип-мутации – это практически необратимые мутации в ДНК (от английского сокращения SNP, что означает «однонуклеотидные вариации»). Однажды образовавшись, они застревают в ДНК навсегда, за крайне редким исключением, когда в том же нуклеотиде, который ранее мутировал, прошла еще одна мутация – либо в другой нуклеотид, либо возвращение в исходный. Действительно, мы видим, что, например, седьмой по счету нуклеотид в серии последовательностей на рисунке выше у всех современных гоминидов (кроме макаки, которая относится к семейству мартышковых, хотя отряд тот же - приматы), выбранных для этой иллюстрации, является тимином, и только у орангутана там цитозин. Иначе говоря, у большинства этих особей тимин сидит в том месте Y-хромосомы не менее 15-20 миллионов лет, и за это время из пяти «образцов» изменился лишь однажды. Скептик скажет, что он мог измениться в орангутанге за это время и сотню раз, и цитозин – просто последний в той серии изменений, но так не бывает. Уже накоплен большой массив экспериментальных данных, что мутации в ДНК происходят неупорядоченно, статистически, равновероятно по всем последовательностям, за исключением крайне редких случаев, когда отпадают или перестраиваются большие фрагменты ДНК, но здесь явно не тот случай. Вот давайте и посчитаем, какова средняя скорость мутации по этому простенькому примеру.

На диаграмме выше можно насчитать 15 мутаций для всех пяти приматов по 97 нуклеотидов в каждом случае, то есть среди 485 нуклеотидов, и это примерно за 20 миллионов лет. Получаем, что в среднем так называемая «константа скорости мутации» равна  $15/485/2 \cdot 10^7 = 1.5 \cdot 10^{-9}$  мутаций на нуклеотид в год.

На самом деле эта величина завышена примерно в два раза, поскольку, как мы заметили выше, пример был выбран не совсем репрезентативный. Большая серия экспериментальных данных, полученная и перекрестно проверенная разными коллективами исследователей, привела к средней величине константы скорости мутации в Y-хромосоме  $0.8 \cdot 10^{-9}$  на нуклеотид в год (более правильно – на пару нуклеотидных оснований в год). При такой скорости мутации за 5 миллионов лет, то есть до времени жизни общего предка шимпанзе и человека, в Y-хромосоме с ее 58 миллионов пар оснований набегит  $0.8 \cdot 10^{-9} \times 10 \cdot 10^6 \times 58 \cdot 10^6 = 464$  тысяч мутаций, что составит всего 0.8% от 58 миллионов нуклеотидов. Здесь в расчетах положено 10 миллионов лет, потому что 5 миллионов лет прошло от общего предка до современного человека, и столько же – до современного шимпанзе, то есть современники удалены друг от друга суммарно на 10 миллионов лет. Для 97 нуклеотидов это составит  $0.8 \cdot 10^{-9} \times 10 \cdot 10^6 \times 97 = 0.8$ , то есть примерно одна мутация между человеком и шимпанзе. А на диаграмме выше таких мутаций пять. Различие с гориллой там более реалистично. В целом же ДНК человека и шимпанзе совпадают на 98.7%.

Эти расчеты здесь приведены, чтобы наглядно показать, насколько редки снип-мутации в Y-хромосоме, и как ведутся подобные расчеты. А такие расчеты – мощный современный инструмент ДНК-генеалогии, они

позволяют выяснить, когда жили общие предки для популяций, очень удаленных во времени. Мы будем проводить подобные расчеты в настоящей книге довольно часто, и получать уникальную информацию об истории человечества.

Помимо практически необратимых снип-мутаций, которые затрагивают, как правило, один нуклеотид (намного реже сразу два-три нуклеотида, блоком), в ДНК происходят более сложные и намного более частые мутации, которые мы будем называть стир-мутации (от английского сокращения STR, что означает «короткие тандемные повторы»), по аналогии со снип-мутациями. Введение такого сокращения автору этой книги вполне позволительно, поскольку это он ввел в русскоязычную литературу сокращение «снип» в 2008 году, во втором выпуске Вестника Академии ДНК-генеалогии (статья «Основные положения ДНК-генеалогии»), и оно прижилось.

«Тандемные повторы» нуклеотидов называют так потому, что еще давно было обнаружено, что в Y-хромосоме некоторые нуклеотидные блоки, состоящие обычно из трех или четырех нуклеотидов, многократно повторяются («тандемом»), обычно от 7 до 45 раз подряд. Эти блоки повторов, достигающие в длину многих десятков, а порой и сотен нуклеотидов, очень стабильны, и в точности копируются при передаче Y-хромосомы от отца сыну, хотя в них происходят редкие мутации, в среднем раз в 12 тысяч лет. Но это в среднем, а в отдельных случаях мутации, те самые стир-мутации, случаются или относительно часто, например, раз в 3400 лет (в сегменте Y-хромосомы под названием DYS710), или очень редко, например, раз в 3 миллиона лет (DYS472).

Как мы видим, последняя стир-мутация настолько редкая, что сравнима по частоте со снип-мутациями, но она принципиально отличается от последних. Снип-мутации обычно однонуклеотидны, стир-мутации захватывают большие протяженности нуклеотидов. Например, у подавляющего числа мужчин на Земле DYS472 содержит 8 повторов нуклеотидного триплета ААТ (выделено цветом), обрамленного неупорядоченными последовательностями (так называемых фланкирующих последовательностей):

```
AGATTGTCCCACCTGCACTCCAGCCTGGCGACACAGGAAGGTTCCAT
СТСAAАТАGТААТААТААТААТААТААТААТGCCTCTTTGCTGA
ACACAGTGCCTC
```

А в Y-хромосоме шимпанзе таких повторов пять:

```
AGATTGTCCCACCTGCACTCCAGCCTGGCGACACAGGAAGGTTCCAT
СТСAAАТАGТААТААТААТААТGATAATAATAAGTAAATAАТА
АТААТААТААТGCCTCTTTGCTGAACACAGTGCCTC
```

Мы видим, что и человек, и современный шимпанзе явно произошли от одного общего предка, только в ходе эволюционных преобразований у человека произошло на три стир-мутации больше в данном сегменте Y-хромосомы (его еще называют маркером, «маркер DYS472»), но первая часть фланкирующей последовательности в точности сохранилась. Число повторов называют «аллели», и это важная индивидуальная характеристика любого обладателя Y-хромосомы. Всего таких маркеров в Y-хромосоме человека примерно 2500, из них в ДНК-генеалогии используют только часть, исходя из поставленной задачи и экспериментальных (технических) и финансовых возможностей. В итоге мы получаем, что каждый мужчина на планете, живущий сейчас или живший в прошлом, а также его далекие предки, включая гоминидов, может быть охарактеризован набором снип-мутаций и набором стир-мутаций, и чем больше маркеров выявлено, тем более точная индивидуальная характеристика. Во многих случаях для одного человека определяют десятки снип-мутаций (которые выявляют род, к которому относится человек, и синонимом понятия «род» в ДНК-генеалогии является гаплогруппа и ее субклады, о чем будет рассказано ниже) и десятки стир-мутаций (аллелей, совокупность которых называют «гаплотип»). Много конкретных примеров будут даны ниже.

Если поторопиться и попытаться рассчитать всего лишь по одному маркеру, когда жил общий предок современных шимпанзе и человека, исходя из разницы в три стир-мутации между их DYS472, скорость мутации которого известна (3 миллиона лет на одну мутацию), то получим, что между ними пролегает дистанция в 9 миллионов лет, и их общий предок жил примерно 4.5 миллионов лет назад. Хотя считать по одному маркеру явно недостаточно с точки зрения статистики, датировка получилась вполне разумной.

На самом деле у современного шимпанзе из полной хромосомной последовательности удалось определить 16 маркеров Y-хромосомы.[1] Они показаны рядом со значениями аллелей в тех же маркерах Y-хромосомы «усредненного общего предка» человека, и эта цепочка чисел и есть гаплотипы шимпанзе и человека:

8 15 10 4 5 9 10 5 10 4 4 7 4 4 8 9 (шимпанзе)

11 12 11 11 10 8 10 8 12 10 12 12 12 11 11 11 (человек)

Все эти значения аллелей были извлечены из Базы данных Европейского архива нуклеотидов и Банка Генов Национального Центра информации по биотехнологии. Чтобы не ограничиваться примером DYS472, показанным выше, приведем еще картину стир-мутаций для DYS426 (первое значение аллели в гаплотипах выше, 11 повторов триплета GTT для человека и 8 для шимпанзе):

СТСAAAGTATGAAAGCATGACCACTTCATTTATTGTGTTGTTGTTGTTGTTGT  
TGTTGTTGTTGTTGTTGACACAAAGTCTCGTCTTGTC ACC

CTCAAAGTATGAAAGCATGACCACTTCATTTAGTTGTTTTTTT**GTTGTTGTTG**  
**TTGTTGTTGTTGTTG**GACACAAAGTCTCGTCTTGTCCACC

и для DYS455 (четвертый слева маркер в гаплотипах выше, 11 повторов квадруплета AAAT для человека и 4 повтора для шимпанзе):

CTGAGCCGAGAGAATGATACTGCCTAAGCCCACAAGGTCAAGGCT  
GCAGTGAGCTGTGATCACCCGAGGGCACTCCAGCCTGGGCAACAC

TGTGAGACCATATATCT**AAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA**  
**ATAAATAAATA**ACGGAAGAACAACACTCGTTTCCACCCC

CTGAGCCGAGAGAATGATACTGCCTAAGCCCACAAGGTCAAGGCT  
GCAGTGAGTGTGATCACCCGAGGGCACTCCAGCCTGGGCAACAC  
TGTGAGAGCATATATCT**AAATAAATAAATAAATA**ACGGAAGAA

Для всех 16 маркеров разница между двумя показанными гаплотипами составляет 64 мутации, и это помещает общего предка шимпанзе и человека на глубину времен в 4.4 миллионов лет назад. В целом это же дают и антропологические оценки. Что важно — мы видим, что эти 16 маркеров (то есть сегментов Y-хромосомы) одни и те же у человека и шимпанзе (из зоопарка), и аллели (числа в гаплотипах, показывающие число повторов в маркерах) хоть и отдаленно, но в принципе похожи на те, что есть у всех нас. Следовательно, общий предок был один и тот же, только очень древний. И действительно, геномный анализ показывает, что шимпанзе из зоопарка и любой современный человек, мужчина или женщина, имеют более 98% совпадений в составе их ДНК (см. также выше), или в числе и положениях мутаций, как ни считать.

Счет вручную для всех 16 маркеров шимпанзе и человека задача почти нерешаемая, так как надо учитывать поправки на возвратные мутации в каждом маркере, а они для миллионов лет множественные. Поэтому воспользуемся калькулятором Килина-Клёсова, который считает датировки и поправки автоматически. Ниже – результат вывода результатов счета на дисплей. Калькулятор показывает, что общий предок жил округленно 4.4 миллионов лет назад.

STR	Age of haplotypе	DYS426	DYS388	DYS392	DYS455	DYS454	DYS438	DYS321	DYS378	DYS393S1a	DYS393S2b	DYS390	DYS441	DYS425	DYS594	DYS436	DYS490	DYS480	DYS417	DYS560	DYS640	DYS492		
F <sub>st</sub> (mutation rate correction)		0.00009	0.00022	0.0004	0.0001	0.0003	0.00095	0.0009	0.00043	0.0004	0.0004	0.00034	0.00017	8E-06	4.2E-05	0.00017	0.00004	0.00007	0.00011	0.0005	0.00005	0.00015	0.00018	0.00019
Variance/F		138889	36384	9000	180000	172857	0	0	0	0	0	11765	562900	11905	188235	612900	178971	64000	640000	30000	13393			
Average/ValueSTR		11	13	11	7	11	9	9	9	7	50	8	8	50	8	8	50	8	8	50	10	10		
		-0.17	-0.63	-0.77	0.01	-0.02	-0.80	-0.74	1.72	-0.74	0.05	1.94	0.00	-0.51	2.07	-0.66	-0.74	0.38	3.60	-0.17	-0.07			
		0.78	0.50	0.08	1.01	0.97	-0.00	0.07	3.16	0.07	1.06	3.44	1.00											

А.А. Клёсов