

Центральноазиатское происхождение предков первых американцев

И.А.Захаров 2003 г.

Когда Колумб, направлявшийся в Индию, а за ним другие мореплаватели, достигли Америки, они нашли новый материк заселенным людьми. Названные индейцами, аборигены Северной и Южной Америк были не похожи на известных испанцам и португальцам европейцев, азиатов и африканцев. Сами индейцы не могли сообщить, откуда пришли их предки, для европейцев их происхождение оказалось загадкой. За неимением других источников, обратились к Библии. Некоторые сочли индейцев потомками изгнанных (куда - было неизвестно) из Израиля десяти племен. Не говоря о других, таких же фантастических суждениях, упомянем догадку испанского патера Антонио Каланча (XVII век), утверждавшего, что предками индейцев были татары. Каланча оказался, как мы дальше увидим, не так уж далек от истины.

В XX веке антропологи показали сходство американских индейцев (америндов - как их обычно называют в зарубежной литературе, это название и мы будем употреблять дальше) с представителями азиатской расы. Геологи указали на тот путь, по которому могло происходить переселение предков америндов в Новый Свет - через Берингию, сушу, существовавшую на месте нынешнего Берингова пролива. Наконец, археологи определили время появления человека в Америке - наиболее древние археологические находки, относящиеся к эпохе палеолита, имели давность 40—25 тыс. лет тому назад.

Азиатский материк населен многими народами, существенно отличающимися по своему антропологическому типу. Ни один из них не показывает столь заметного физического сходства с америндами, чтобы его можно было бы считать если не предком, то хотя бы «двоюродным братом» америндов. Быстро развивающиеся и изменяющиеся языки (в Америке у туземных племен их около 3000) не могут быть использованы для поиска родства между отдельными племенами и народами Старого и Нового Света. Оказалось, что лишь в «генетической информации» - в ДНК человеческого генома, изменяющейся с течением времени достаточно медленно, можно пытаться искать сохранившиеся свидетельства более или менее близкого родства народов двух континентов, разошедшихся в своей истории несколько десятков тысяч лет тому назад.

В обоснование и развитие теории, согласно которой предками современных америндов были выходцы из Азии, заметный вклад внесли советские ученые - антрополог Г.Ф.Дебеч и генетик Ю.Г.Рычков. Последний, изучив полиморфизм (то есть разнообразие) по белкам и группам крови сибирских народов и сравнив его с полиморфизмом аборигенов Америки, пришел к заключению, что на территории Азии примерно 26 тыс. лет назад существовала единая прапопуляция, давшая начало как современным народам северо-восточной Азии, так и индейцам Америки.

Хотя достаточно давно предпринимались попытки установления родства и происхождения народов на основе данных генетики, они, однако, до начала 90-х годов были малопродуктивны: в распоряжении генетиков в то время не было расо- (или этно-) специфических маркеров, то есть четких наследственных признаков, которые были бы свойственны одной, но не остальным расам, одному, но не другим этносам.

В 80-е годы прошедшего века ученые приступили к прочтению генома человека, иными словами к установлению в нем последовательности элементарных химических единиц - нуклео-тидов (нуклеотидов четыре - А, Т, Г, Ц; только чередованием этих «букв» отличаются геномы разных организмов, разных индивидов одного вида, наконец, разные части одного генома).

Для дальнейшего изложения необходимо напомнить, что человеческий геном включает три части, которые совершенно по-разному передаются в поколениях. Первая - это те хромосомы, которые передаются потомству и от отца, и от матери. По хромосомным генам каждый человек - комбинация наследственных задатков и черт обоих родителей.

Вторая часть - половые хромосомы, обозначаемые X и Y, из которых для нас здесь интересна последняя. Y-хромосома имеется только у мужчин, в ней почти нет генов, но именно она определяет развитие зародыша в организм мужского пола. Y-хромосома передается от отца к сыну. Третья часть человеческого генома - это митохондриальная ДНК. Она находится не в ядре, как хромосомы, а в цитоплазме клеток и передается строго по женской линии - то есть от матери ее детям. Последующим поколениям мтДНК будет передана лишь дочерями, а сыновья, также получившие ее от матери, своему потомству материнскую мтДНК не передадут. Молекулы митохондриальной ДНК замкнуты в кольцо и клетка содержит несколько тысяч одинаковых молекул. Эти обстоятельства делают мтДНК особенно благоприятным объектом для исследований: ее в клетках много, а кольцевая форма обеспечивает ее хорошую сохранность (даже в костях, извлеченных археологами или палеонтологами). Именно при изучении мтДНК были получены первые генетические доказательства центральноазиатского происхождения америндов. В молекуле мтДНК в норме 16569 нуклеотидов. МтДНК была первой частью человеческого генома, которую удалось «прочитать» - определить полную последовательность 16569 «букв», это было сделано еще в конце 80-х годов XX века.

Когда стали сравнивать последовательность нуклеотидов мтДНК разных людей в пределах одной этнической группы и представителей разных народов, выяснилось, что эта последовательность очень изменчива: все люди, точнее, семьи по женской линии чем-то отличаются друг от друга. На этом основано использование анализа мтДНК в судебно-медицинской экспертизе. У некоторых людей обнаруживаются варианты мтДНК с добавленными несколькими нуклеотидами, или, наоборот, с утраченными - соответственно, со вставками или с делециями (потерями). У других некоторые из стандартных «букв» заменены на нетипичные.

Помимо индивидуальных различий обнаружились и расовые. Оказалось, что главные человеческие расы — африканская, европейская и азиатская, каждая характеризуется своим набором типов мтДНК, обозначенных буквами латинского алфавита (табл. 1). Компьютерный анализ последовательностей нуклеотидов, свойственных азиатским и европейским типам позволил вывести их происхождение из африканских. Была выдвинута хорошо обоснованная теория происхождения всего современного человечества из Африки, где, по совокупности как палеонтологических, так и генетических данных появился в свое время (примерно 150 тысяч лет назад) человек разумный - *Homo sapiens*. Теория происхождения населения всех материков из Африки получила название «Out of Africa» («Из Африки»).

Таблица 1

Типы митохондриальной ДНК у населения разных континентов

Континент	тип мтДНК	частота среди населения (%)
Африка	L	76
Европа	H	39
	I	7
	J	9
	K	8
	X	редкая
	Азия	A
B		4
F		4
M		57
C		21
D		14
Америка (америнды)	A	44
	B	22
	C	18
	D	16
	X	очень редкая

При изучении аборигенного населения Северной и Южной Америки выяснилось, что среди американских индейцев можно найти пять типов мтДНК. Четыре встречаются часто, это типы A, B, C, D (в сумме они составляют 97%); пятый, X, очень редок. Как было представлено в табл. 1, четыре преобладающих типа являются азиатскими, пятый был обнаружен в Европе.

Обнаружение общих для азиатов и америндов типов мтДНК естественно заставило исследователей обратиться к поискам тех народов Азии, которые, если сами и не могут считаться предками америндов, но сохранили с ними наиболее близкое генетическое родство. Интернациональная группа ученых, в которой участвовал новосибирский генетик Р.И.Сукерник, в середине 90-х годов представила результаты изучения многих народов северо-восточной Сибири (1).

Эти результаты оказались такими, что, вероятно, разочаровали самих авторов. Если у большинства племен америндов присутствуют все 4 главные группы, то у наиболее им территориально близких сибирских народов (эскимосы, чукчи, эвенки и др.) лишь 3, а то и 2 (и даже 1) (табл. 2). Очевидно, что эти народы не могут считаться ближайшими родственниками индейцев. Примерно в то же время другие группы американских исследователей опубликовали результаты изучения генофонда ряда народов Дальнего Востока (2). Оказалось, что в отличие от, например, корейцев и вьетнамцев среди тибетцев, китайцев (из северного Китая) и монголов обнаруживаются все 4 «американских» типа, хотя их суммарная частота оказывается менее 50%. Было сделано заключение о том, что вероятной прародиной америндов является не Сибирь, а Манчжурия или Монголия.

Таблица 2

Распространенность 4 «американских» типов мтДНК среди коренного населения Сибири и некоторых других народов Азии (13)

№	Народ	Число изученных людей	Типы мтДНК, %					Сумма 4 типов (А, В, С, D), %
			А	В	С	Д	другие	
1	Эскимосы	50	80.0	0.0	0.0	20.0	0.0	
2	Чукчи	46	23.9	0.0	21.7	8.7	45.7	
3	Коряки	107	0.4	0.0	28.0	0.2	71.4	
4	Нивхи	57	0.0	0.0	0.0	28.1	71.9	
5	Юкагиры	27	0.0	0.0	59.3	33.3	7.4	
6	Нганасаны	49	2.1	0.0	38.8	36.7	22.4	
7	Селькупы	20	0.0	0.0	35.0	0.0	65.0	
8	Кеты	23	0.0	0.0	21.7	0.0	78.3	
9	Эвены	43	0.0	0.0	58.1	7.0	34.9	
10	Эвенки	51	3.9	0.0	84.3	9.8	2.0	
11	Удэгейцы	54	0.0	0.0	17.8	0.0	82.2	
12	Алтайцы	28	3.6	3.6	35.7	14.3	42.8	57.2
13	Монголы	103	4.8	9.7	14.0	20.0	51.5	48.5
14	Тибетцы	54	11.1	5.6	3.7	16.7	62.9	37.1
15	Китайцы	20	10.0	25.0	5.0	5.0	55.0	45.0
16	Корейцы	13	7.7	15.4	0.0	23.1	53.8	
17	Вьетнамцы	28	0.0	14.3	0.0	0.0	85.7	
18	Буряты	105	5.7	4.8	17.1	24.8	47.6	52.4
19	Тувинцы	36	5.6	13.9	36.1	16.7	27.7	72.3

В 1997 г. мы провели первую экспедицию в Туву с целью сбора материалов для последующего лабораторного изучения митохондриального генофонда тувинцев.

Поскольку используемые нами современные методы анализа ДНК являются высокочувствительными, работа велась на ДНК клеток луковиц волос. Благодаря этому сбор материала (3-5 волос от каждого обследуемого человека) был прост, мог проводиться в полевых условиях, а ДНК-содержащий материал не требовал специальных условий для хранения.

Параллельно был изучен генофонд другого, также ранее не изучавшегося народа - бурят (Забайкалье). Полученные нами результаты, которые были представлены на съезд Американского общества генетиков человека в 1998 г. и опубликованы в развернутом виде в 1999 г. (3), оказались совершенно неожиданными и заставили по-новому поставить вопрос о корнях аборигенного населения Америки. У тувинцев, как и у бурят, были обнаружены все четыре «американских» типа мтДНК А, В, С, D, причем их суммарная частота у тувинцев оказалась рекордно высокой, около 70%. Почти сразу было получено подтверждение наших результатов - независимо работавшая группа исследователей из Томска под руководством проф. В.П.Пузырева на очень большом материале получила тот же результат (4).

Когда выяснилось, что именно тувинцы показывают наибольшее генетическое сходство по мтДНК с америндами, перед нами стала задача -изучить генофонды других тюркоязычных народов Центральной Азии, определив среди них не только частоту американских типов, но и европеоидных, в частности, постараться найти здесь тип X, который ранее был выявлен у европейцев и с малой частотой - у америндов.

Нами* был собран и изучен материал, характеризующий генофонд следующих тюркоязычных народов Сибири: алтайцев, хакасов, шорцев, сойотов (5). Последние - очень малочисленный народ, обитающий в Бурятии, западнее Байкала. Результаты представлены на рис. 1 и в табл. 3. В ней же для сравнения приведены данные, характеризующие генофонд русских. Данные этой таблицы показывают, что все тюркоязычные народы Сибири и Центральной Азии, как и буряты, имеют в своем генофонде типы А, В, С, D мтДНК. Суммарная частота этих типов наиболее высока у

тувинцев и сойотов. У них, как и у бурятов, наименьшая частота европеоидных типов. Наиболее смешанным, азиатско-европеоидным, генофондом среди изученных оказался генофонд шорцев.

* Когда мы говорим здесь о «наших исследованиях», имеются в виду работы, проведенные коллективом исследователей, включающим, кроме И.А.Захарова, сотрудников Института биологических проблем Севера РАН (Магадан) М.В.Деренко и Б.А.Малярчука, которые выполнили все тонкие биохимические анализы, Ч.М.Доржу и У.Н.Ондар (Тувинский гос. университет). Необходимо отметить также большую помощь в сборах материалов наших коллег, в частности И.К.Дамбуеву и покойного Е.А.Лотоша.

Принципиально важной находкой было обнаружение у алтайцев типа X (6), которого пока мы не нашли у тувинцев, и до нас никто не обнаруживал в Азии. Компьютерный анализ данной последовательности ДНК показал, что это не поздняя европейская примесь - алтайский вариант X оказался древним, который может быть сближен с предковой формой вариантов типа X современных европейцев и америндов.



Рис. 1. Распространение типов мтДНК среди народов Центральной Азии. Размер сектора соответствует частоте типов мтДНК в генофонде народа. Сектор 1 - европейские типы мтДНК, 2 - другие азиатские, 3 - «американские». Изучение генофонда монголов не завершено.

Итак, на значительной территории юга Сибири и Центральной Азии обитают народы, среди которых обнаруживаются носители всех четырех «американских» типов мтДНК. Наибольшая концентрация А, В, С, D типов приходится на тюркоязычные народы - тувинцев и сойотов. У алтайцев, также тюркоязычных, найден и не встречавшийся у других азиатских народов X-тип мтДНК, причем оказавшийся более древним вариантом, в сравнении с X европейцев.

Следует подчеркнуть, что все, о чем было здесь рассказано, относится к той части генома, которая передается по материнской линии и, соответственно, мы установили родство америндов и некоторых народов алтае-саянского нагорья именно по женской линии. В противоположность мтДНК маленькая Y-хромосома передается строго от отца сыновьям, то есть по мужской линии и, изучая изменчивость этой части генома, можно получить представление о происхождении мужской половины того или иного этноса. Сходство современных народов Центральной Азии по мтДНК с америндами не означает, что такое же сходство будет выявлено и при изучении Y-хромосомы. Действительно, в истории этих народов происходили неоднократные вторжения завоевателей, которые могли уничтожать в первую очередь мужское население на покоренных территориях, а потом брать в жены оставшихся туземных женщин. Имея это в виду, мы начали изучать изменчивость и Y-хромосомы у народов Центральной Азии. Был получен и частично опубликован значительный материал, который, однако, не позволяет пока нам сделать определенные выводы. Однако, еще в 1999 г. новосибирские генетики (Л.В.Осипова и ее сотрудники) совместно с учеными США, Бразилии и Австралии опубликовали два важных исследования по рассматриваемой здесь проблеме (7). Они изучили

изменчивость Y-хромосомы у ряда сибирских народов, в том числе бурятов, алтайцев, кетов, в сравнении с народами Северной и Южной Америки и других континентов. Оказалось, что наибольшее сходство с америндами показывают кеты - маленький народ, ныне живущий вдоль среднего течения р. Енисей, но происходящий, как предполагают антропологи, из Алтае-Саянского нагорья. Высокая частота одного из характерных для америндов варианта Y- хромосомы обнаруживается и у бурят. В результате проведенных исследований был сделан вывод (8), что территорией, откуда началась миграция азиатских предков америндов, была область от Алтая на западе до Забайкалья на востоке, включающая Саяны и северные районы Монголии. Таким образом, был сделан практически тот же самый вывод, к которому пришли и мы, изучая совсем другой генетический материал.

Итак, приведенные результаты доказывают, что из всех до сих пор изученных народов Азии именно народы, обитающие между Алтаем и Байкалом, вдоль Саянских гор, генетически наиболее близки америндам. Разумеется, их нельзя считать предками последних. Речь идет о том, что наряду с другими племенами, уже достаточно генетически разнообразными, 25—40 тыс. лет назад в Азии обитало племя, прародительницами которого были 4 или 5 женщин. Часть этого племени двинулась за отступающими ледниками через пространства незаселенной тогда Сибири к Берингии (суше на месте Берингова пролива).

Таблица 3
Распространенность различных идентифицированных типов мтДНК (%) среди народов Центральной Азии (14)

№	Этнос	Изучено образцов	А	В	С	Д	Другие азиатские	Европейские
1	Алтайцы	92	3.3	3.3	30.4	9.8	20.7	23.8
2	Хакасы	54	3.7	5.6	35.2	9.3	22.0	18.6
3	Шорцы	42	0.0	2.4	7.1	9.5	45.4	35.3
4	Тувинцы	36	5.6	14.0	36.1	16.7	21.9	5.6
5	Сойоты	34	8.8	2.9	17.6	50.0	9.0	5.9
6	Буряты	40	5.0	5.0	20.0	25.0	37.5	5.0
7	Русские	196	0.0	0.0	0.5	0.5	0.0	94.4

Это племя заселило сначала Берингию, прошло в Северную Америку, а потом и в благодатную Южную, где достаточно быстро дало начало сотням племен и народов, а в дальнейшем - великим цивилизациям Нового Света. Другая часть племени прототюрков (или протоамериндов) осталась в Центральной Азии. Здесь она дала начало нескольким этносам, постоянно взаимодействовавшим и смешивавшимся с окружающими их племенами и народами. В наиболее чистом виде исходный генофонд «прототюркоамериндов» сохранился у современных тувинцев и сойотов.

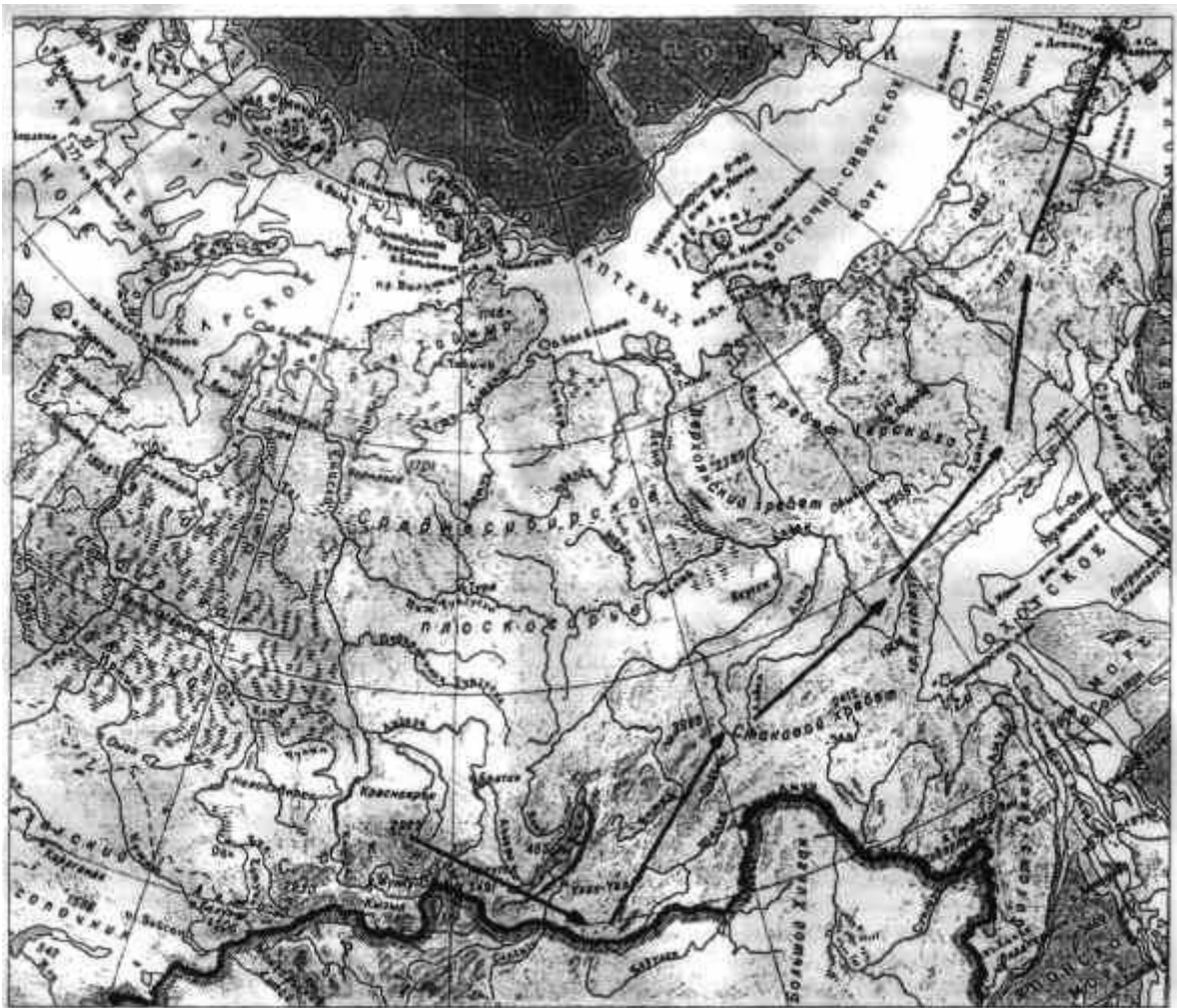


Рис. 2. Гипотетический путь из Алтае-Саян в Америку вдоль горных цепей.

Подобные нашим исследования проводились и на материале других рас и этносов. Недавно было признано, что все современные европейцы - потомки всего лишь 7 женщин (живших в совсем разных географических регионах). Этим 7 прародительницам английский генетик Брайн Сайкс дал имена Урсула, Ксения, Елена, Велда, Тара, Катрин и Жасмин. Несколько лет назад и мы, еще не зная о предложении Сайкса, дали имена четырем прародительницам прототюркоамериканцев: Анай (Anay - А), Борбак (Borbak - В), Чачый (Chachyu - С) и Дарый (Daryu - D). От этих 4 женщин происходит около 70% тувинцев и 97% индейцев Северной и Южной Америки.

Где жило племя прототюркоамериканцев, на каком языке объяснялись его люди? Археологи свидетельствуют, что Алтай был заселен человеком разумным 40-50 тыс. лет назад, наиболее древние палеолитические (древнекаменного века) находки, обнаруженные на территории Тувы, относятся ко времени 20 тыс. лет назад. Проще всего предположить, что именно на этой территории, то есть в Алтае-Саянском горном регионе сложилось племя прототюркоамериканцев. Конечно, можно допустить, что оно возникло где-то совсем в другом месте и позднее пришло в уже заселенные Саяны, вытеснило или уничтожило обитавшие здесь другие племена и осело здесь. За неимением фактических данных, однако, всегда лучше выбирать простейшую гипотезу. И пока нет фактов, говорящих против, будем считать именно Алтае-Саянский регион прародиной американцев.

Ни археологические, ни, разумеется, исторические свидетельства не говорят нам о том, каким путем двигались протоамериканцы к Берингии. Кажется, однако, вероятным, что обитавшие в горах и предгорьях охотники не выходили за пределы родного и привычного для них ландшафта, то есть двигались вдоль горных цепей. При взгляде на физическую карту северо-востока Азии ясно вырисовывается гигантская дуга хребтов, идущая от Алтая до Чукотки. Это Саяны, Хомар-Дабан, Яблонный хребет и параллельные ему хребты, тянущиеся вдоль восточного берега Байкала, Становой хребет, Джугджур, Колымское и Чукотское нагорья

- естественный маршрут к Аляске, а дальше - по Скалистым горам вдоль всей Америки (рис.2).

Если теория происхождения всего человечества из Африки получила название «Out of Africa», то и мы назовем представленную здесь нашу теорию центральноазиатского происхождения америндов - «Out of Sayan» («Из Саян»).

Нет ли каких-либо еще, кроме генетических, аргументов в пользу происхождения америндов из Центральной Азии? Такие аргументы дает археология. Наиболее ранние следы присутствия человека на Алтае (Денисова пещера) датируются 282±56 т.л.н., переход от среднепалеолитической к верхнепалеолитической индустрии — от 50-60 т.л.н. до 45-35 т.л.н. Древнейшая верхнепалеолитическая стоянка в Саянах (Малая Сая) имеет возраст 34500 ± 450 л.н. (9).

Важным является указание академика А.П.Деревянко о том, что сложившаяся на Алтае в эпоху верхнего палеолита устькаракольская индустриальная традиция распространялась именно из этого региона: «продвижение носителей этой культуры в бассейн Алдана ... и далее на северо-восток Азии и по Беренгийскому мосту в Америку положило начало... заселению Америки» (10).

Отделение праиндейцев от предков современных азиатских тюрков произошло примерно 40-25 тысяч лет назад. Язык и обычаи, которые развиваются и изменяются быстрее, чем элементы генома, могли и не сохранить свидетельств родства этих народов. Тем не менее укажем, что достаточно давно (с XVII века) отмечалось сходство языков некоторых племен Америки с тюркскими языками. Татарский филолог А.Г.Каримуллин, также собравший соответствующие языковые параллели, посвятил в 1995 г. этой проблеме небольшую книжку (11). Об убедительности приводимых автором материалов предоставляем судить специалистам.

Цитированная литература

- 1 Сукерник Р.И., Шур Т.Г., Стариковская Е.Б., Уоллес Д.К. Изменчивость митохондриальных ДНК у коренных жителей Сибири в связи с реконструкцией эволюционной истории американских индейцев. Рестрикционный полиморфизм // Генетика. 1996. Т.32. N.3. С.432-439.
- 2 Ballinger S.W., Schurr T.O., Torroni A. et al. Southeast Asian mitochondrial DNA analysis reveals genetic continuity of ancient mongoloid migrations // Genetics. 1992. V.130. P.139-152; Torroni A., Miller J.A., Moore L.G. et al. Mitochondrial DNA analysis in Tibet. Implication for the origin of the Tibetan population and its adaptation to high altitude // Am. J. Phys. Anthropol. 1994. V.55. P.760-776; Kolman C.J., Sambuughin N., Bermingham E. Mitochondrial DNA analysis of Mongolian populations and implications for the origin of New World founders // Genetics. 1996. V.142. P.1321-1334.
- 3 Деренко М.В., Дамбуева И.К., Малярчук Б.А. и др. Структура и разнообразие митохондриального генофонда коренного населения Тувы и Бурятии по данным о рестрикционном полиморфизме // Генетика. 1999. Т.35. №12. С.1706-1712.
- 4 Кучер А.Н., Голубенка М.В., Пузырев В.П. и др. Генетическое разнообразие тувинских популяций: полиморфизм классических маркерных систем и мито-хондриальной ДНК // Проблемы развития и сохранения тувинского генофонда. - Томск: STT. 2000. С.61-79.
- 5 Деренко М.В., Денисова Г.А., Малярчук Б.А. и др. Структура генофондов этнических групп Алтае-Саянского нагорья по данным о полиморфизме митохондриальной ДНК // Генетика. 2001. Т.37. №10. С.1402-1410.
- 6 Derenko M.V., Grzybowski T., Maiyarchuk B.A. et al. The presence of mitochondrial haplogroup X in Altaians from South Siberia // Am.J.Hum.Genet. 2001.V.69. P.237-241.
- 7 Santos F.R., Pandya A., Tyler-Smith C. et al. The central Siberian origin for native American Y chromosomes // Am. J. Hum. Genet. 1999. V.64. P.619-628; Karafet T.M., Zegura S.L., Posukh O. et al. Ancestral Asian source(s) of new World Y-chromosome founder haplotypes // Am. J. Hum. Genet. 1999. V.64. P.817-831.

8 Karafet T.M., Zegura S.L., Posukh O. et al. *Opit cit.* P.817-831.

9 Дервянко А.П. Переход от среднего к позднему палеолиту на Алтае // *Археология, этнография и антропология Евразии.* 2001. № 3 (7). С.73-103.

10' Дервянко А.П. *Указ. соч.* С.97.

11 Каримуллин А.Г. *Прототюрки и индейцы Америки.* -М.: Инсан. 1995. 80с.