

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИСТОРИЯ ЧЕЛОВЕЧЕСТВА ХОРОШО СОГЛАСУЕТСЯ С КРЕАЦИОННОЙ МОДЕЛЬЮ

Аннотация. В статье анализируется географическое распределение гаплогрупп (характерных мутаций) человечества и хронология их возникновения. Показывается, что эти данные хорошо согласуются с креационным сценарием истории человечества, но не согласуются с эволюционным.

Abstract. The article analyzes the geographical distribution of haplogroups (characteristic mutations) of the mankind and the chronology of their appearance. We show that these data are in a good agreement with the creationist scenario of man's history, but in a disagreement with the evolutionary one.

Чтобы сравнивать два сценария, коротко определим каждый из них.

Эволюционный сценарий истории человечества состоит в следующем: около 2,6-3 млн. лет назад на Земле возник род *Homo*, представленный видами¹ *Homo erectus*, *Homo ergaster* и *Homo heidelbergensis* (возник 600-400 тыс. лет назад). От них отделились виды *Homo sapiens neanderthalensis* (возник 500-350 тыс. лет назад) и *Homo sapiens sapiens* (200 тыс. лет назад).

Креационный сценарий истории человечества заключается в следующем: около 6-10 тыс. лет назад на Земле возник род *Homo*, представленный видами / подвидами *Homo erectus*, *Homo ergaster*, *Homo heidelbergensis*, *Homo sapiens neanderthalensis*, *Homo sapiens sapiens* и другими, в частности, видами гигантских людей.

Видно, что две модели отличаются как минимум двумя вещами: количеством видов/подвидов (в креационной модели видов больше) и временными рамками (в креационной модели рамки на 3 порядка короче). Чтобы рассудить две модели, взглянем на факты и проанализируем их по «номенклатуре» и хронологии.

«Номенклатурный» аспект: состав гоминидных видов/подвидов

По всему миру найдены останки и следы жизнедеятельности гигантских людей 3-х метрового роста, весом около 200 кг, с 57-м размером ступни [3; 4; 5]. В креационной модели это прямо предсказывалось, поэтому по составу гоминидных видов/подвидов выигрывает креационная модель.

Хронологический аспект: возраст наиболее ранней мутации

В обеих моделях истории человечества происходило регулярное накопление мутаций по двум независимым ДНК-линиям: от отца к сыну по Y-хромосомной ДНК (мужская линия, Y-ДНК) и от матери к дочери по митохондриальной ДНК (женская линия, мтДНК) через определённое число поколений новорождённый сын или дочь рождается с новой, ранее не существовавшей мутацией (гаплогруппа, группа однородных мутаций), которая далее наследуется всеми потомками этого сына/дочери.

Поскольку каждую характерную мутацию можно приблизительно датировать по определённым методикам, то история человечества может быть проанализирована по истории возникновения характерных мутаций. И принципиальным при этом является вопрос наиболее ранних мутаций, потому что по ним и можно будет рассудить две

¹ Вид *Homo habilis* (являющийся надревнейшим из перечисленных) тут не назван по той причине, что многие креационисты и эволюционисты считают этот вид ошибочно составленным из обезьяньих останков со всего лишь одним черепом *Homo* среди них, который попал туда по причине неправильной сборки из около 150 фрагментов [1, 175-184; 2, 47]. По сути, это не люди, а обезьяны (род *Pithecus*).

модели. Если в эволюционной модели древнейшая из мутаций, которые до сих пор могут содержаться в людях, могла возникнуть 2,6-3 млн. лет или позже, то в креационной – всего 6-10 тыс. лет назад или позже. Посмотрим, предсказание какой из моделей ближе к действительности.

Вот, как проходила реконструкция генетического дерева женщин. В 1980 году В. Браун, А. Вильсон и др. из Берклевского Университета в Калифорнии первыми предположили, что все современные женщины имели общего митохондриального предка [6, 6319-6323]. В 1987 году Р. Кан, А. Вильсон и др. сравнили мтДНК нескольких групп женщин из разных географических районов и обнаружили, что они обладают целым набором общих характерных мутаций, означающим происхождение их всех от общего женского предка («митохондриальной Евы»). [7: 31-36]

То, что общих мутаций не одна, а несколько (набор), означает, что митохондриальная «Ева» сама имела предков; т.е. это была не первая женщина (не библейская Ева), а какая-то из её прадочерей, от которой пошла ветвь, единственная выжившая в последствии на общем женском генетическом дереве (на рис. 1 видно, что осталась только одна ветвь от общего дерева женщин; остальные ветви исчезли вследствие какой-то катастрофы или подобных событий).

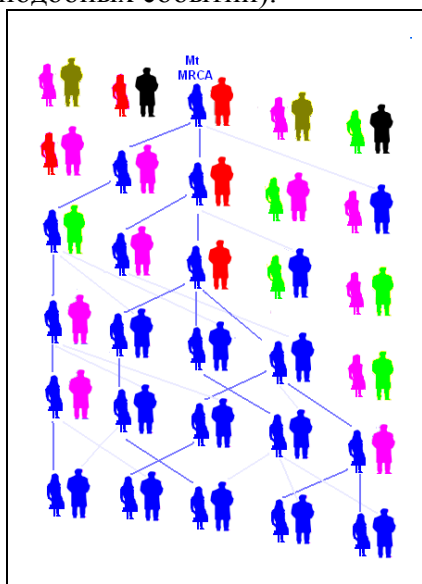


Рис. 1. Генетическое дерево женщин: «выжила» лишь одна ветвь

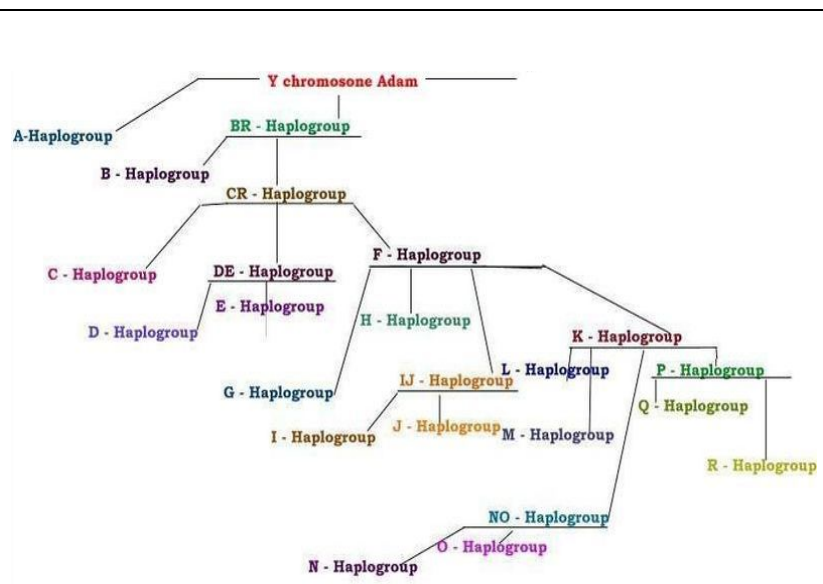


Рис. 2. Генетическое дерево мужчин: «выжила» лишь одна ветвь; ответвления – группы характерных мутаций (гаплогруппы) [8]

Аналогичным образом проходила и реконструкция генетического дерева мужчин. В 2003 году молодой генетик С. Уеллс, проанализировав Y-ДНК мужчин во всех регионах мира, тоже пришёл к выводу, что все живые сегодня мужчины являются потомками некоего одного человека (условное название «Y-хромосомный Адам») [9].

Получилось, что всё человечество произошло от одного мужчины и одной женщины. Но когда они жили? (Одновременно ли они жили или нет – не имеет значения ни для какой из двух моделей; см. далее.) Упомянутые исследователи являются эволюционистами (например, научным руководителем Спенсера Велза был ярый дарвинист Ричард Льювонтин), и они считают, что возраст наистарейших мутаций в ДНК-линиях как женщин, так и мужчин в 10-40 раз больше требуемого креационной моделью. Так, открыватели феномена митохондриальной Евы Р. Кан, А. Вильсон и др. в 1987 году считали, что «Ева» возможно жила 140-280 тыс. лет назад. А открыватель феномена Y-хромосомного Адама С. Уеллс считает, что «Адам» жил около 60 тыс. лет назад (причем жил именно в Африке) [13].

Но на каком основании они так считают? В обоих случаях – не на основании подсчёта среднего темпа мутаций у сегодняшних людей, а на чисто идеологическом основании – на

основании «необходимости согласованности» своих оценок с устоявшимися научными взглядами на антропологию и т.д. Их метод оценки темпа мутаций это вообще-то никакой не метод, т.е. не эмпирический, непосредственно генетический метод измерения, а некий идеологический метод под названием «филогенетический анализ», (идеологический – поскольку филогенез является постулатом теории эволюции, т.е. *идеологии*). Если же исследовать тему возраста «Адама» и «Евы» строго научными методами, то оказывается следующее.

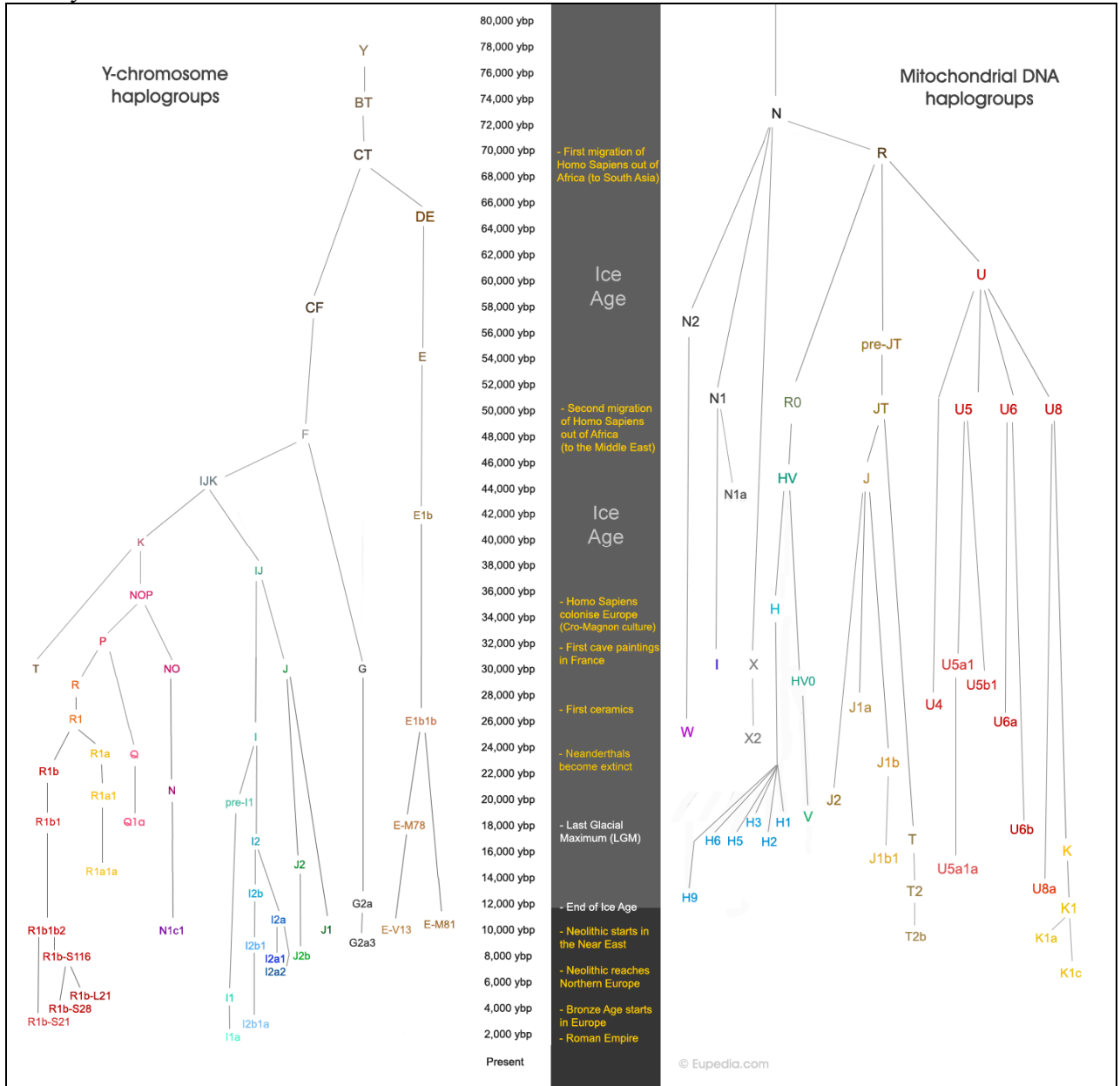


Рис. 3. Созданная эволюционистами хронология появления гаплогрупп для мужского (слева) и женского (справа) генетического деревьев Европы (не всего мира) [14]

В 1997 году Томас Дж. и др. опубликовали революционную статью в журнале *Nature Genetics*. Они эмпирически исследовали мтДНК многих пар мать-дочь «и обнаружили, что мутации в мтДНК происходят примерно в 20 раз быстрее, чем считалось ранее [т.е. чем рассчитывалось идеологическими «методами»]. На основании этих измерений, они подсчитали, что митохондриальная Ева жила всего лишь около 6,5 тыс. лет назад» [15, 363]. Авторы пишут: «Темп и характер замен [мутаций] в последовательности мтДНК контрольной области (КО), имеет важное значение для исследований человеческой эволюции и судебной экспертизы. Здесь мы приводим прямое измерение темпа замен между поколениями в человеческой КО. Мы сравнили последовательности ДНК из двух

гипервариабельных сегментов КО близких родственников по матери из 134 независимых мтДНК-линий общей протяженностью в 327 поколений. Было обнаружено десять замен, которые приводят к эмпирическому темпу в 1/33 замены на поколение, или 2,5 на один участок за миллион лет. Это примерно в 20 раз выше оценки, полученной филогенетическим анализом».

Подобную же цифру в 5 тыс. лет дают и исследователи Д. Ронде, С. Олсон и др. [16, 562-566]. (Что касается мужской линии, то подобных прямых измерений нам пока не известно.)

Важно отметить, что дата появления «Евы» в 5-6,5 тыс. лет принимается большинством генетиков и антропологов.

Но некоторое меньшинство, желающее по-прокрустовски примирить данные прямых измерений с идеологией, не принимают «слишком малых» цифр. Из следующей цитаты «непримиримых» эволюционистов М. Ингмана и др. видно, что для расчёта темпа мутаций ими используется предположение, что люди произошли от общего предка с шимпанзе: «Из среднего генетического расстояния между всеми людьми и одной последовательностью шимпанзе (которая составляет 0,17 замен на один участок (site)) и из предположения, основанного на палеонтологических и генетических показаниях, что время разделения человека и шимпанзе составляет 5 млн. лет, следует, что частота мутаций (μ) для митохондриальных молекул, за исключением D-петли, оценивается в $1,70 \cdot 10^{-8}$ замен на один участок в год» [17, 708-713]. – Но ведь то, что люди произошли от общего предка с шимпанзе само требует доказательства, – как же его можно использовать в качестве постулата при поисках подлинной истории человечества? Как можно постулировать, что имела место эволюция в расчётах, предназначенных для проверки того, имело место сотворение или эволюция? Это нарушение основ логики!

Перед нами пример того, как науку пытаются превратить из инструмента установления устройства и истории мира в инструмент отстаивания догмы. Это пример того, как эволюционисты постулируют эволюционные догмы при датировках, игнорируя при этом данные измерений, противоречащие их догме. Практика игнорирования результатов прямых измерений – это практика религиозных фанатиков, но не ученых! Одним словом, «непримиримым эволюционистам» характерно скрывать доказательства правдивости альтернативных сценариев истории человечества и игнорировать всё, что противоречит эволюции, и это антинаучный подход.

Как было сказано, для пар отец-сын пока не было выполнено измерений темпа мутаций Y-хромосомы. Но есть все основания полагать, что и здесь ситуация окажется подобной, то есть, окажется что «Адам» жил гораздо ближе к нашей эре. Впрочем, представим, что жизнь «Адама» таки действительно проходила 60 тыс. лет назад. Тогда всё равно возникает неразрешимый вопрос: «Почему вдруг вымерли все остальные представители *Homo sapiens* мужского пола, кроме одного индивидуума? Случалось ли нечто подобное когда-либо с другими видами организмов?» Неужели вся 3-миллионнолетняя история существования рода *Homo* вдруг оборвалась, и выжил только один человек! – Очень неправдоподобно. А ещё: неужели точно такое же произошло и с женской линией рода *Homo*?! – Архи неправдоподобно.

Напоследок, кем была эта первая женщина? По мнению креационистов «митохондриальная Ева» это в действительности не сама Ева, а её потомок женского пола, бывший последним общим предком трёх женщин – жён сыновей Ноя. А «Адам» был либо самим Ноем, либо одним из его недалёких предков. Жили же эти оба в период от 10 до 4,5 тыс. лет до н.э., причём мужчина чуть позже женщины (напомним, что у настоящих Адама и Ева было наоборот).

Генетическое дерево человечества: географический аспект

Хотя это и имеет второстепенную роль в данной теме, посмотрим всё же на распределение гаплогрупп по регионам/странам. Возьмём для примера страны Европы. Y-

ДНК мужчин Европы имеет 12 наиболее распространённых мутаций (условные названия: I1, I2a, I2b, R1a, R1b, G2a, J2, J1, E1b1b, T + L, Q, N1c1. [10]

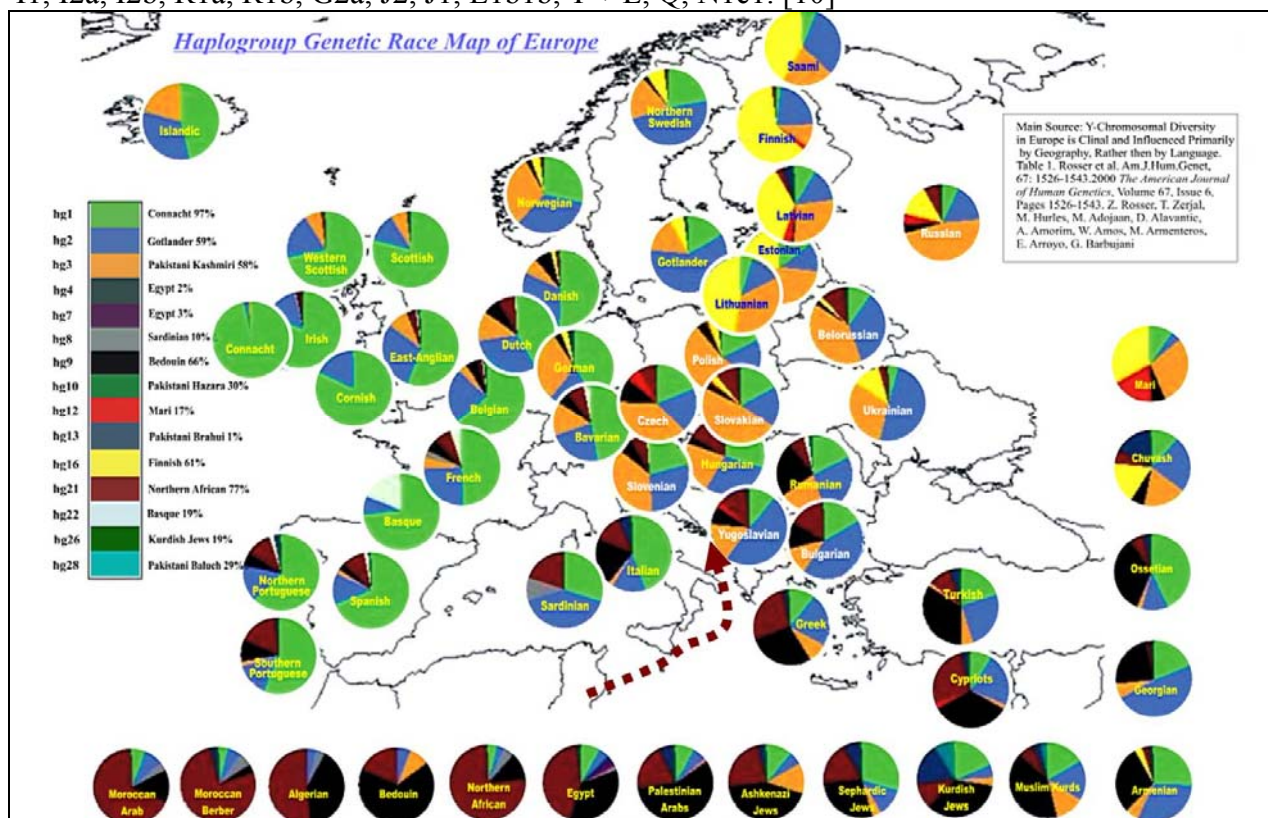


Рис. 4. Распределение 12 гаплогрупп Y-ДНК мужчин по странам Европы. [Http://freepages.genealogy.rootsweb.ancestry.com/~gallgaedhil/haplo_r1b_amh_13_29.htm]

Женщины Европы в своей мтДНК имеют 14 основных гаплогрупп (условные названия: H, H1 + H3, V, J, T, U, U2, U3, U4, U5, K, I, W, X2). Их распределение по нациям несколько отличается от распределения для мужчин, но это неважно в нашей статье [11].

Как интерпретировать эти данные? Попробуем следующий подход. На рис. 3 видно, что, например, поскольку зелёного цвета (соответствующего мутации «hg1») больше всего в ирландской местности Коннахт, то «hg1» (зелёный цвет) можно условно назвать «характерным признаком кельтов», и тогда по распространению зелёного цвета среди других народов становится возможным судить о распространении мужского кельтского генофонда в мире [12]. Черный цвет по этой логике означает присутствие арабо-еврейского генофонда, коричневый – берберского (алжирцы, мароканцы), желтый – финского, красный – марийского, а оранжевый – ирано-индийского (точнее Кашмирского) (возможно последние гены «путешествовали» через скифов, сарматов и некоторые из тюркоязычных народов, являющихся в сущности потомками скифов и сарматов, т.е. иранцев, а не алтайцев). Обращает на себя внимание, что современные греки в большинстве своем семито-берберы. Немцы оказываются преимущественно кельтами, – и неудивительно, ведь по всем летописям кельты и германцы являются «родными братьями» [18].

Выводы

Видно, что хронология возникновения гаплогрупп человечества хорошо согласуются с креационным сценарием истории человечества, но не согласуется с эволюционным. Вызывает беспокойство практика сокрытия некоторыми эволюционистами доказательств альтернативных сценариев истории человечества и отдания ими предпочтения догматам идеологии перед эмпирическими данными.

ЛИТЕРАТУРА

1. Бауден Малкольм. Обезьянообразный человек – факт или заблуждение? Симферополь: Крымское об-во креат. науки, 1996. – 224 с.
2. Рудий Б.А. Криза еволюціонізму. – К.: Четверта хвиля, 2003. — 116 с.
3. Козловський І. В Грузії знайдено скелет триметрової людини! / ж-л «Світова географія», Київ, №1, 2009.
4. Фильмы по книгам Э. фон Деникена: «Воспоминания о будущем», «Колесницы древних богов», тощо.
5. Серия книг В. Корлиса «Catalog of Anomalies»: Corliss William R. *Scientific Anomalies and other Provocative Phenomena*. 296 pages, 244 illus., Jan 2003. ISBN 0-915554-45-3; *Biological Anomalies: Humans I: A Catalog of Biological Anomalies*. 304 pages, 52 illus., 3 indexes, 1992. 548 references, LC 91-68541. ISBN 0-915554-26-7; *Biological Anomalies: Humans II: A Catalog of Biological Anomalies*. 297 pages, 40 illus., 3 indexes, 1993. 494 references, LC 91-68541, ISBN 0-915554-27-5; *Biological Anomalies: Humans III: A Catalog of Biological Anomalies*. 212 pages, 44 illus., 3 indexes, 1994. 311 references, LC 91-68541. ISBN 0-915554-29-1; *Incredible Life: A Handbook of Biological Mysteries*. 1018 pages, March 1981, ISBN: 0-915554-07-0; *Ancient Man: A Handbook of Puzzling Artifacts; Dark Days, Ice Falls, Firestorms*. 792 pages, 240 illustrations, index. 1978 references. LC 77-99243, ISBN 915554-03-8; *Archaeological Anomalies: Small Artifacts*. 319 pages, 3 indexes, 2003, ISBN 0-915554-46-1; *Neglected Geological Anomalies; A Catalog of Geological Anomalies*. 333 pages, 80 illustrations, 5 indexes, 1990. 1030 references, LC 90-60568, ISBN 915554-24-0; <http://www.science-frontiers.com/cat-biol.htm> (главы: «BHU UNRECOGNIZED HOMINIDS», «MAF FOSSILS, MUMMIES, CORPSES», «MME FOSSIL FOOTPRINTS AND TOOL MARKS», «MMB BONE ARTIFACTS»).
6. Ferris, SD; Brown, WM; Davidson, WS; Wilson, AC (October 1981), "Extensive polymorphism in the mitochondrial DNA of apes", *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **78** (10).
7. Cann, RL; Stoneking, M; Wilson, AC (1987), "Mitochondrial DNA and human evolution", *Nature* **325** (6099).
8. http://en.wikipedia.org/wiki/Y-Chromosomal_Adam
9. Wells S. The journey of man: a genetic odyssey. Princeton University Press, 2002, 240 p.
10. Distribution of European Y-chromosome DNA (Y-DNA) haplogroups by region in percentage, http://www.eupedia.com/europe/european_y-dna_haplogroups.shtml
11. Distribution of European mitochondrial DNA (mtDNA) haplogroups by region in percentage, http://www.eupedia.com/europe/european_mtdna_haplogroups_frequency.shtml
12. Тищенко К.М. www.langs.com.ua/data/IntProject/
13. Док. фільм «Search for Adam», National Geographic Channel, 2005.
14. http://www.eupedia.com/europe/european_haplogroups_timeline.shtml
15. Thomas J. Parsons, David S. Muniec, Kevin Sullivan, Nicola Woodyatt et al. A high observed substitution rate in the human mitochondrial DNA control region / *Nature Genetics*, Volume 15, No 4; <http://www.nature.com/ng/wilma/v15n4.861211442.html> (подчёрк. добавлено)
16. Rohde, DL; Olson, S; Chang, JT (September 2004), "Modelling the recent common ancestry of all living humans", *Nature* **431** (7008).
17. Ingman M., Kaessmann H. et al. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans / *Letters to Nature – Nature* 408, (7 December 2000). (подчёрк. добавлено)
18. Купер Б. После Потопа. – Симферополь: ХНАЦ, 2009. – 188 с.