

Семь парадоксов генезиса современного человечества в рамках традиционной парадигмы

Ю. И. Лобановский

Краткое содержание

В работе рассмотрено семь важных и весьма показательных парадоксов – противоречий, связанных с генезисом современного человечества, которые неразрешимы в рамках любого варианта традиционного описания этого процесса. Показано, что эти на первый взгляд парадоксальные его черты в соответствии с концепцией, представленной в работах [1 – 3], становятся не только естественными следствиями данного процесса, но и дополнительными доказательствами того, что именно так он и происходил.

Ключевые слова: *Плейстоцен – Сапиенсы – Неандертальцы – Денисовцы – Археология – Палеогенетика – Моноцентричность – Полицентричность – Выход из Африки*

I. Введение

В работах [1 – 3] с позиций системного анализа описан динамический процесс развития небольшой группы сапиенсов, вышедших из Африки около 130 тлн (тысяч лет назад), который привел к тому, что они, превратившись в современных людей – *Homo sapiens sapiens*, стали единственным человеческим видом, господствующим на Земле. Было показано, как в ходе этого процесса одна ветвь сапиенсов захватила у неандертальцев анклав в Леванте, а другая расселилась в Азии, в основном в Юго-Восточной. Как после взрыва стратовулкана Тоба 72 тлн погибли почти все азиатские сапиенсы, за исключением трех небольших групп, выживших после этой Катастрофы: в долине Хатлон среди гор Памира на севере, на острове Тимор на юге, а также на острове Большой Лусон на востоке, которые дали начало трем видам современных людей – северным, южным и восточным, и впоследствии – трем исходным расам: европеоидам, меланоидам и монголоидам. Далее северяне и люди востока (с отставанием в ~ 20 тл (тысяч лет)) заселили обезлюдившие территории в Азии, а южане – никогда ранее не знавшие человека земли Сахула. После этого северяне провели победоносную войну в Европе, в результате которой неандертальцы исчезли навсегда, и пережили новую, как минимум, всеевропейскую катастрофу, – взрыв стратовулкана Архифлегрео. Затем повторно расселились по обезлюдившим землям Европы и холодным северо-восточным азиатским территориям (из которых потом были вытеснены выходцами с востока), а на юге произошла встреча людей востока с южанами на так называемой линии Уоллеса. Группа северян в это же время вторглась в Африку, и постепенно почти полностью вытеснила там аборигенных архаичных сапиенсов, сформировав расу негроидов.

Все элементы этого процесса, описание которого получено вследствие использования системного анализа имеющейся информации, полностью согласуются с археологическими, антропологическими, палеогенетическими, палеоклиматическими, геологическими, физическими и другими известными нам данными. Более того, в работах [1 – 3] утверждалось также, что описанная концепция отвечает практически на все вопросы о возникновении и путях расселения современных людей и снимает те противоречия и проблемы, которые занимают научное сообщество, имеющее отношение к рассматриваемой теме.

Данная работа на примере семи принципиальных проблем генезиса современного человечества, которые превратились в парадоксы вследствие невозможности их решения в рамках имеющейся традиционной парадигмы, опирающейся на несистемное мышление, разорванное на отдельные, слабо связанные между собой смысловые кластеры, показывает, как они решаются на основе предложенной системной концепции.

II. Происхождение современного человечества: моно- или полицентричность?

Важнейшим вопросом генезиса современного человечества, в спорах о котором в свое время было сломано немало копий, является вопрос о моно- или полицентричности его происхождения, то есть, возникло ли оно в один момент в одном из районов нашей планеты, или в нескольких местах, одновременно или в разные периоды времени. Так как процесс приобретения гомининами комплекса морфологических характеристик, которые антропологи могут признавать (а могут и не признавать) признаками современных людей, происходил постепенно и нелинейно, даты этого перехода варьируются различными исследователями в диапазоне, как минимум, от 200 – 315 тлн до 30 – 40 тлн [4 – 6]. При такой временной неопределенности, естественно, возникает неопределенность и пространственная, и сам вопрос о месте возникновения современного человека, по существу, может вообще потерять смысл. Тем не менее, сторонники гипотез моно- и полицентричности происхождения продолжают спорить, минимум, уже в течение порядка сотни лет.

В последние десятилетия, благодаря успехам биологии и, особенно, палеогенетики (геномики) и ДНК-генеалогии, взгляды сторонников моноцентричности происхождения человека стали доминировать.

Действительно, в соответствии с современными научными воззрениями, мультирегиональное происхождение вида в животном мире – это явление практически невозможное. Нечто подобное может произойти только вследствие межвидовой гибридизации значительной части популяций близкородственных видов. Однако у млекопитающих даже и такое видообразование неизвестно, выявлены лишь отдельные случаи частичной гибридизации [7 – 9].

Самые последние палеогенетические и ДНК-генеалогические исследования ясно и вполне однозначно свидетельствуют о единстве происхождения всех современных людей. Еще свыше четверти века назад была сделана попытка объективно оценить близость (или удаленность) популяций людей, используя генетическую изменчивость в гипервариабельных локусах (полиморфных микросателлитах), которая ранее использовалась для индивидуальной идентификации и анализа родства людей. Было построено так называемое филогенетическое эволюционное дерево вида *Homo sapiens sapiens*, недвусмысленно продемонстрировавшее последовательное отделение различных человеческих популяций от единого ствола [10]. Исследования в области ДНК-генеалогии показывают качественно абсолютно подобное расщепление исходных Y-гаплогрупп, происходящих из единого центра [11]. Безусловно, можно и нужно уточнять времена и географические зоны появлений гаплогрупп (тем более что уже высказывалось мнение о необходимости ревизии используемых в расчетах времени скоростей мутаций [12]), но, по крайней мере, качественный вывод о единстве происхождения современных людей, сделанный на основании этих данных, сомнений вызывать не может.

Более того, изучение «архаичных фрагментов» ДНК у современных людей, которые трактуются как следы частичной гибридизации предков с неандертальцами, показывает, что суммарная длина этих фрагментов в геномах современных людей везде примерно одинакова. Так что и с этих позиций получается, что какие-то контакты с неандертальцами были у единой предковой группы всех современных людей до того, как они разделились сначала на отдельные популяции, а затем и на расы (денисовские примеси к геному человека будет описаны в разделе V данной статьи – при их рассмотрении в рамках общепринятой парадигмы также возникают парадоксы). Кроме того, можно отметить, что какой-либо гибридизации с более ранними гомининами («эректоидами» – различными подвидами *Homo erectus*) у наших предков не зафиксировано [13].

При этом в работах [14, 15], вышедших на несколько лет раньше, был обнаружен «комплекс фактов, указывающих на частичную репродуктивную несовместимость неандертальцев и сапиенсов. Судя по всему, большая часть привнесенного неандертальского генетического материала оказалась для сапиенсов не полезной, а вредной, ... за несколько сотен тысячелетий, в течение которых сапиенсы и неандертальцы жили изолированно в Африке и Евразии, они успели накопить множество несовместимых аллелей – «генов видообразования». Это затруднило последующую гибридизацию, сделав их фактически разными видами (а не расами или подвидами, как считали многие антропологи)» [16].

Трудно предположить, что старейший российский археолог академик А. П. Деревянко не знаком хотя бы с частью из описанных выше доказательств единства происхождения современного человечества – а ведь достаточно любого из них для однозначного вывода. Однако лет 10 назад он, по существу, возродил гипотезу Ф. Вейденрейха восьмидесятилетней давности о том, что вид *Homo sapiens* включил 4 подвида гоминин (как и указывал Вейденрейх): жившие в Африке около 200 тлн *Homo sapiens africanensis*, в Европе вплоть до 40 – 30 тлн *Homo sapiens Neanderthalensis*, в Северной и Центральной Азии до того же времени – *Homo sapiens altaensis*, а также неизвестный нам, но якобы существовавший в Юго-Восточной и Восточной Азии *Homo sapiens orientalis*, возникший в результате гибридизации сапиенсов с разными «эректоидами», то есть дожившими там до недавнего времени последними подвидами *Homo erectus* [6, 17, 18].

Надо полагать, что это упорное следование академика ставшей по существу маргинальной гипотезе вызвано не просто одним его упрямством. Хотя ощущение того, что палеогенетические данные явно противоречат его гипотезе, приводит А. П. Деревянко к попыткам трактовать в свою пользу любую информацию, даже не имеющую прямого отношения к делу. Например, в 2018 году он, комментируя действительно интересные данные о том, что «секвенирование» ... ДНК «денисовской» девочки из алтайской пещеры показало, что ее прапрабабушка была «неандерталкой», а прапрадедушка – «денисовцем», заявил: «опубликована статья, [которая] окончательно подтвердила возможность гипотезы, что человек современного вида сформировался из четырех этих подвидов» [19]. Таким образом, совершенно обычный для биологии единственный случай успешной гибридизации особей двух либо подвида, либо весьма близких видов – неандертальцев и денисовцев стал у него доказательством широкой сплошной гибридизации сапиенсов со значительно более далекими от них биологически и генетически неандертальцами, денисовцами и даже эректусами.

Однако есть и объективные чисто археологические основания для уже не менее чем десятилетнего игнорирования А. П. Деревянко всех аргументов, следующих из материалов, накопленных в биологии,

палеогенетике и ДНК-генеалогии. Он писал: «Принципиально иначе, чем в Африке и Западной Евразии шло развитие палеолитической культуры в Восточной и Юго-Восточной Азии, включая островной мир. Никаких внешних инноваций в каменных индустриях т. н. китайско-малайской зоны в период 80 – 30 тлн не прослеживается, что опровергает гипотезу о заселении восточной части Азии и Австралии людьми современного анатомического типа, пришедшими из Африки. В Восточной и Юго-Восточной Азии в течение более 1 млн. лет происходило развитие азиатского *Homo erectus*. ... Эти данные позволяют говорить об особой модели развития палеолитических индустрий в Восточной и Юго-Восточной Азии и о формировании на основе местной эректоидной формы *Homo* человека современного анатомического типа – *Homo sapiens orientalis*. ... Предложенные [см. выше] обозначения четырех подвидов и объединение их в единый вид *Homo sapiens sapiens sensu lato* для большинства коллег будут совершенно неожиданными, но этот вывод основан на большом количестве накопленных археологических данных» [6].

Надо сказать, что мнение крупнейшего российского археолога о малой изменчивости каменных индустрий в восточной части Азии и в Австралии, бесспорно, справедливо, и его нельзя просто игнорировать, как это неявно делают в своих построениях практически все палеогенетики, изучающие вопросы возникновения и миграций популяций предков современного человека. Как известно, в Европе, примерно со времени 45 тлн в утерянном тогда же исконными хозяевами ареале *Homo neanderthalensis*, происходило то, что принято называть верхнепалеолитической революцией или революцией позднего палеолита, или переходом MSA/LSA, или «внезапной заменой среднепалеолитических индустрий на верхнепалеолитические» [20] (несколько ранее, это происходило и в Леванте, см. ниже). «Что касается тех регионов, где в позднем палеолите неандертальцев не было и где, следовательно, некому было составить достойную конкуренцию расселяющимся *Homo sapiens*, то там верхнего палеолита либо нет вообще (Восточная и Юго-Восточная Азия, Австралия), либо он представлен только поздними памятниками (Индостан, большая часть Северной Азии)» [21].

Таким образом, намечается противоречие, или, если хотите, возникает парадокс: прямолинейная трактовка современных палеогенетических данных однозначно указывает на то, что происхождение современного человечества является моноцентричным, а такая же трактовка археологических данных заставляет исследователей, изучающих региональные каменные индустрии позднего плейстоцена, склоняться к полицентричности.

Понятие о моно- и полицентричности происхождения современного человечества одновременно (только с разных точек зрения) будет развернуто в следующем разделе данной статьи, а здесь кратко изложим объяснение отсутствия «внешних инноваций в каменных индустриях ... китайско-малайской зоны в период 80 – 30 тлн». Речь здесь явственно идет о сапиентных каменных индустриях. Из системного анализа миграций сапиенсов в этой зоне следует, что первое появление их передовых групп как раз и относится ко времени около 80 тлн. Спустя несколько тысяч лет, около 72 тлн произошла мировая Катастрофа – грандиозный взрыв стратовулкана Тоба, расположенного на западе субконтинента Сунда (сейчас это остров Суматра). Естественно, эта Катастрофа наиболее сильным образом повлияла на близлежащую «китайско-малайскую зону», и после гибели всего живого на огромных территориях, пока разумная жизнь теплилась на островах на крайнем востоке Сунды и к юго-востоку от нее, любые «инновации» любого типа в этой зоне стали принципиально невозможны вплоть до времени 45 – 40 тлн (хотя в анклавах на упомянутых выше окраинах Сунды наши предки явно достигли значительного прогресса в мореплавании и навигации) [1 – 3]. Кроме того, на северо-западной окраине «китайско-малайской зоны» внешние инновации – артефакты богуницкого типа появились все-таки несколько раньше, чем указывает А. П. Деревянко для этого региона, около 35 тлн (например, на стоянке Шуйдунгоу [22, 23]).

После возвращения в «китайско-малайскую зону» сначала жизни, а затем и жизни разумной, повторное распространение наших восточных предков по никем незаселенной, но снова ставшей благодатной земле, не требовало от них никаких новых («наземных», а не «морских») навыков и, следовательно, никаких «верхнепалеолитических революций» в каменных индустриях (артефакты, связанные с «морскими» инновациями не сохранились по вполне очевидным причинам). В этом проявилось принципиальное отличие развития данного региона от того, что происходило в то же самое время с северянами в Леванте и в перигляциальной зоне Евразии на фронте войны в неандертальском хоумленде [1 – 3]. В аналогичной ситуации с людьми востока (силанганами) оказались и южане, заселившие Сахул и близлежащие острова – и у них там не было соперников, и значительные инновации после высадки на материк им не требовались. Только «отец всего» по Гераклиту – жестокая война на уничтожение вызвала на Ближнем Востоке и в Европе верхнепалеолитическую революцию, волны от которой медленно, но верно распространились практически по всей ойкумене, чему сильно способствовала и следующая, как минимум, общеевропейская катастрофа – взрыв стратовулкана Архифлегрео около 39.3 тлн. После этого европейские инновации каменной индустрии вместе с их носителями достигли, например, пещеры Блемплас на крайнем юге Африки к сроку около 33 – 32.5 тлн [1 – 3], а крайнего запада Африки – к 21 – 11 тлн (см. далее). В связи с этим можно вспомнить и известный «закон вызова и ответа» А. Тойнби [24].

Следовательно, при системном анализе никаких противоречий между «моноцентричными» палеогеномными данными, а также результатов ДНК-генеалогии, и «полицентричными» археологическими данными нет, то есть парадокс, приведший к возрождению академиком Деревянко гипотезы Ф. Вейденрейха, существует не в реальности, а только в умозрительных несистемных построениях.

III. Сколько раз наши прямые предки (*Homo sapiens*) выходили из Африки?

Итак, несмотря на героические попытки академика Деревянко по археологическим основаниям воскресить гипотезу Ф. Вейденрейха о полицентричном происхождении современного человечества, тяжкая поступь современных палеогенетиков и представителей ДНК-генеалогии, стирая все альтернативы, доказывает генетическое единство предков современных людей с расщеплением их на современные гаплогруппы (роды) не ранее, чем 160 – 200 тлн [11]. В это время сапиенсы жили только в Африке, поэтому был необходим как минимум один их выход из Африки в Евразию и Сахул. При этом возникает вопрос, сколько этих выходов из Африки было на самом деле, и где они происходили? И вот тут-то и появляется любопытный феномен «мерцания геномных данных»: за последние 10 лет по мере получения все новых и новых палеогенетических результатов представления о числе успешных выходов сапиенсов из Африки в Азию периодически сменяются от одного к двум и более и снова к одному, чтобы затем опять вернуться к прежним представлениям. Буквально каждая заметная статья или группа статей на эту тему переворачивает базовый тренд с головы на ноги и обратно.

Довольно комично это выглядит, в принципе, в прекрасно написанных обзорах таких статей на русском языке на сетевом ресурсе «Элементы. Новости науки». Дело в том, что все эти обзоры писал один и тот же человек – весьма квалифицированный биолог, д. б. н. А. Марков, кратко и весьма ясно излагая квинтэссенцию этих работ. И эти краткость и ясность при изложении вопроса одним и тем же человеком особенно выпукло демонстрируют подобные перевороты тренда в среднем каждые 3 – 4 года, а то и чаще.

Начнем с 2011 года. В обзоре А. Маркова [25], включавшем работу [26] о южном пути расселения сапиенсов из Африки, говорится: «Многие эксперты полагают, что современное внеафриканское человечество в основном происходит не от той популяции, которая проникла в Азию «северным путем» по Нильскому коридору около 120 тысяч лет назад, а от другой группы выходцев из Африки, которая покинула родной материк «южным путем», то есть перебралась через Баб-эль-Мандебский пролив в Южную Аравию и затем расселилась вдоль побережья Индийского океана на восток. ... Хронология этого второго исхода из Африки остается дискуссионной и опирается в основном на косвенные данные. Некоторые эксперты полагают, что он состоялся около 85 тысяч лет назад, и уже вскоре после этого сапиенсы добрались до Индонезии и южного Китая». Таким образом, в 2011 году трендом был признание двух выходов сапиенсов из Африки: около 120 тлн через Синайский полуостров, и когда-то значительно позднее – через Аравию.

Спустя 5 лет, в 2016 году вышла статья о геномных исследованиях коренного населения Новой Гвинеи и Австралии [27]. В ней явно и вполне осознанно сравнивались «хорошо обоснованная гипотеза однократного исхода из Африки (one out-of-Africa event, 1 OoA)», в которой предполагается, «что неандертальская примесь, присутствующая в геномах европейцев, азиатов и австралийцев, имеет единое происхождение ... и ... вторая версия (two out-of-Africa events, 2 OoA), ... поддерживаемая некоторыми археологами и генетикам» [28]. Там было также написано, что в соответствии с версией 2 OoA «предки папуасов и австралийцев вышли из Африки раньше остальных». Однако исследования, описанные в этой статье, показали, что «неандертальская примесь в геномах папуасов и австралийцев явно имеет то же происхождение, что и неандертальская ДНК, унаследованная европейцами и азиатами». Отсюда следует, что предки папуасов и австралийцев сначала встретились с неандертальцами вместе с предками европейцев и азиатов, и только после этого отделились от них. «Если учесть это обстоятельство и внести соответствующие поправки, то получается, что более вероятным сценарием является все-таки однократный выход из Африки (1 OoA)» [28]. Итак, тренд 2016 года – выход из Африки был один.

Однако, уже в 2017 году выходов стало даже гораздо больше двух [29]. «Данные сравнительной геномики уверенно указывают на один эпизод выхода из Африки, имевший место примерно 60 тлн. ... Однако имеющиеся факты невозможно свести к простой модели однократного выхода из Африки. Слишком много накопилось данных, указывающих на присутствие сапиенсов в разных точках Азии задолго до 60 000-летнего рубежа. ... В целом, имеющиеся на сегодняшний день данные лучше всего согласуются с многократными древними (более 60 тлн) миграциями сапиенсов за пределы Африки, которые оставили мало следов в современных геномах (скорее всего, выходили небольшие группы), и однократной крупной миграцией примерно 60 тлн, которая внесла основной вклад в генофонд нынешнего внеафриканского человечества» [30].

Отметим сразу, что генофонд «внеафриканского и африканского человечества» (не считая малых реликтовых групп типа койсан или пигмеев) по самым последним данным является общим, несущим одни те же «неандертальские примеси» [31], см. далее раздел IV данной статьи. А в рамках нашего конкретного вопроса можно констатировать, что по данным статьи [29] выходов из Африки стало много.

Таким образом, первая же осторожная попытка при анализе чуть-чуть выйти за рамки исключительно генетической информации сразу же ломает предыдущий тренд и приводит к выводу, что выходов из Африки было больше одного, скорее всего, много. Правда, в работе нет ни малейшей попытки выяснить, а возможно ли это хотя бы в принципе из-за имеющихся природно-климатических ограничений на способности гоминин в условиях ледникового периода пересекать чрезвычайно засушливые пустыни, разделяющие Африку и Азию?

И, наконец, в 2021 году в обзорной статье [32] большая группа ученых, наконец, пришла к консенсусу: «Генетические и археологические данные, полученные в последние годы, в том числе данные по распределению неандертальских и денисовских примесей в сапиентных геномах, уверенно подтверждают сценарий недавнего (60 – 50 тлн) выхода из Африки группы сапиенсов, которая впоследствии заселила весь мир» [33]. Но при этом было неизвестное количество других выходов, не фиксируемое генетическими методами. «Генетические данные, однако, четко показывают, что все эти ранние выходы из Африки либо вообще не оставили следов в современных генофондах, либо эти следы незначительны» [33] (хотя, как показывает анализ, проведенный в разделе V данной работы, следы в геноме неандертальцев они как то и раз оставили). Кроме того, время этого «основного выхода из Африки» стало, минимум в 1.5 раза ближе к нам, чем ранее. Оно изменилось, примерно, «от 85 тлн» [26], «до 60 – 50 тлн» [32].

Так что вывод таков: наука не знает, были ли «дополнительные» выходы, и если были, то почему не оставили следов, если они были. Хотя на самом деле археологических следов более раннего присутствия сапиенсов в Евразии в действительности немало [1], в том числе и запечатленные в окаменевшем иле палеозера Алатар в современной пустыне Нефуд следы в самом буквально смысле этого слова – следы их ног с датировкой около 121 – 112 тлн [34]. Да и никакой выход любых гоминин из Африки был бы невозможен 50 тлн вследствие иссушения пустынь из-за усиления похолодания климата в это время ледникового периода [35]. Однако, вполне можно согласиться тем, что «генетические и археологические данные ... уверенно подтверждают сценарий» относительно сравнительно недавнего (65 – 50 тлн) выхода сапиенсов, только откуда? Все субклады, возникшие в результате четырех самых глубоких ветвей древнейших Y-гаплогрупп DE и CF, кроме одной, и давшие все существующие гаплогруппы от C и E до Q, T и R, являются неафриканскими, и при описании места их возникновения в это время указывается обычно Центральная Азия и ее окрестности [11]. К тому же, как представители этой самой группы сапиенсов, по статье [32] «вышедшей 60», а тем более, «50 тлн из Африки», к 55 тлн одновременно оказались у западного побережья Средиземного моря в пещере Манот и на озере Мунго в далекой Юго-Восточной Австралии [1 – 3]? Так что предлагаемое в этой статье лечение проблемы оказывается хуже самой болезни – выводы становятся просто абсурдными.

Анализ этих проблем позволяет заключить, что все эти колебания в выводах с фактической потерей их устойчивости и с выходами за пределы разумного не случайны, а обусловлены объективными причинами. В таком случае математик скажет, что неустойчивость решения рассматриваемой им задачи вызвана тем, что задача поставлена некорректно. В переводе на язык гуманитарных наук это означает, что формулировка «Выход сапиенсов из Африки при расселении по Евразии и Сахулу» настолько узка, что не позволяет получить результаты, которые в принципе можно было бы согласовать с данными археологии, геномики, ДНК-генеалогии, климатологии, геологии и физики взрыва. Поэтому правильная формулировка задачи не должна носить численных, географических и временных ограничений мест выходов, приводящих к неустойчивости ее решения, а должна быть сформулирована следующим образом: «Число выходов сапиенсов *argioi* не детерминировано и определяется только в ходе решения самой задачи вместе с выявлением места и времени каждого из них». Место возникновения сапиенсов, наших предков – безусловно, Юго-Восточная Африка, что однозначно определяется имеющимся на данный момент комплексом сложившихся археологических и генетических данных. Но кроме возникновения новых видов и популяций у гоминин происходит и их исчезновение, а в некоторых случаях – прохождение через так называемые «бутылочные горлышки» с резким падением численности во время кризиса. И число этих мест выживания, сохранения и нового подъема и их географическое расположение определяется уже в процессе решения задачи (если для этого хватает имеющихся данных, и задача может быть решена), а не постулируется до начала анализа этого процесса.

Стоит только так сформулировать постановку задачи, как все факты легко выстраиваются в единую пространственно-временную последовательность, описанную во введении: первоначально группа сапиенсов вышла из Африки, встретилась с неандертальцами, далее разделилась на несколько популяций. Затем, большинство из них погибло в разразившейся мировой Катастрофе, и только три небольшие группы –

северян, людей востока (силанган) и южан сохранились в трех территориально изолированных друг от друга анклавах-рефугиумах – в предгорьях Памира и на южно-азиатских островах [1 – 3]. Именно этот момент, качественно отделяющий одну сапиентную эпоху от другой, естественно принять за точку отсчета начала существования современного человечества, так как, насколько нам известно, это был единственный качественный скачок (разрыв) на более-менее плавной траектории превращения ранних африканских сапиенсов в вид *Homo sapiens sapiens*, то есть в современных людей. И уже послекатастрофное расселение наших предков по обезлюдившей Азии, ранее незаселенному Сахулу, неандертальской Европе и Африке из трех рефугиумов-прародин непротиворечиво описывает особенности всех процессов, происходивших с ними далее [1 – 3]. Таким образом, в строгой (узкой) формулировке никаких выходов современных людей из Африки не было вообще – они возникли в трех точках Азии после катастрофического извержения стратовулкана Тоба из сапиенсов, вышедших из Африки за 60 – 55 тл до этого. И при любом количестве предполагаемых выходов сапиенсов – наших предков прямо и исключительно из Африки любой вариант генезиса современного человечества не позволяет воедино связать весь комплекс имеющейся сейчас у нас информации.

Так что успешный выход сапиенсов из Африки был только один, и при этом оттуда вышли не сами современные люди, а только их предки. Современное человечество биологически и генетически едино, но при этом полицентрично, так как вышло после мировой Катастрофы из трех азиатских рефугиумов-прародин, образовав при этом три первоначальные расы: европеоидов, монголоидов (азиатов) и меланоидов (австралийских аборигенов, папуасов и меланезийцев).

IV. Сколько раз наши прямые предки (*Homo sapiens sapiens*) входили в Африку?

Следующий парадокс, наблюдавшийся течение около 12 лет и остающийся в общественном сознании и в настоящее время, заключается в том, что общепринятым стало представление о том, что известный палеогенетик Сванте Паабо и его коллеги доказали, что жители Африки не скрещивались с неандертальцами, и в их геноме абсолютно нет никаких следов ДНК этих аборигенов Евразии, которые есть в генах всех остальных жителей Земли. И это стало не просто мнением, но и руководством, прямо и непосредственно применяемым при построении методик геномных анализов. В качестве примера можно привести заявление одного из авторов работы [36], где он сказал: «Мы знаем, что современные неафриканцы имеют неандертальские следы, поэтому они [неафриканцы] не подходили нам в этом поиске. Вместо этого мы использовали геномы современных людей ... со всей Африки, чтобы идентифицировать мутации...» в геноме восточного неандертальца из алтайской пещеры Денисова, для поиска в нем примеси генома сапиенсов, «чистого» от неандертальцев (см. [37]).

Более того, это представление до сих пор продолжает оставаться не только на страницах многих средств массовой информации, но и в умах некоторых современных генетиков, что влияет на методы их работы, а, значит, и на их результаты. Самый свежий пример – это январская публикация 2022 года 13 соавторов [38] об исследовании «защитного гаплотипа, полученного от неандертальцев, ... в локусе риска OAS1/2/3 тяжелого течения COVID-19 среди лиц европейского происхождения». Как сообщают авторы этой работы: «вариант OAS1, который встречается у людей африканского происхождения, независим от потока неандертальских генов» и, поэтому, защитного гаплотипа у них быть не может. Далее они повторяют уже опровергнутое утверждение, «что гаплотип неандертальца практически отсутствует среди лиц преимущественно африканского происхождения», правда, осторожно, используя слова «практически» и «преимущественно», которые, по существу, устраняют возможность фальсифицирования этого утверждения, выводя его, таким образом, за границы метода научного познания. При этом они даже ссылаются на статью [31], в которой неандертальские геномные примеси у африканцев были найдены и описаны. Далее они пишут: «... такие варианты [локуса риска] существуют у современных людей порядка полумиллиона лет и, следовательно, совместно сегрегируются с другими аллелями, а не произошли от потока генов от неандертальцев к современным людям, который был около 60 000 лет назад», опираясь на данные работы Паабо с соавторами десятилетней давности. Хотя, как было показано не менее 6 лет назад, единственный значимый «поток генов от неандертальцев» случился примерно на 40 тл раньше (см. [36]). Надо полагать, что вся эта не вполне адекватная историческая картина генезиса современного человечества может повлиять на результаты анализа локусов риска на весьма горячем современном фронте борьбы с эпидемией COVID-19.

Данное мнение возникло вскоре после выхода в свет действительно выдающейся работы – полного секвенирования генома неандертальцев в 2009 году, выполненной группой ученых под руководством Сванте Паабо и Дэвида Райха [39]. «Неандертальцы по своему геному в чем-то подобны людям за пределами Африки», – сказал Паабо в интервью 2010 года [40]. Райх тогда же заявил про неандертальцев, что «...это небольшая, но вполне реальная доля предков сегодняшних неафриканцев». То есть оба они твердо исключили наличие генных неандертальских примесей в геноме современных африканцев. В совокупности с результатами анализа, проведенного в предыдущем разделе настоящей работы, это означает,

что палеогенетики, в рассуждениях о выходах сапиенсов из Африки вообще не замечали проблемы изоляции этого материка от Евразии из-за природно-климатических условий ледникового периода, и, одновременно с этим, были уверены в абсолютной изоляции Евразии от Африки даже в межледниковья. Трудно представить, как обе эти диаметрально противоположные мысли могли уместиться в одной голове, разве что если предположить, что североафриканская и аравийская пустыни обладали свойствами диодов, способных проводить потоки сапиенсов только в одном направлении.

При этом известно, что у подавляющего большинства представителей современной негрской расы Y-гаплогруппы те же, что и у жителей Евразии, например, основная и чрезвычайно распространенная в Африке среди людей негрской расы гаплогруппа E по последним данным возникла за пределами Африки [41]. И контакты людей между этими материками, по крайней мере, в голоцене были очевидны. Поэтому как в Африке не могло оказаться неандертальских генов – понять трудно. Ну, и наконец, в 2020 году вышла статья [31], в которой эти геномные примеси, наконец, были найдены и описаны. Ее авторы заявили: «Поразительно, но мы обнаружили, что африканские особи несут более сильный сигнал о неандертальском происхождении, чем считалось ранее». В действительности, поразительно только то, что у палеогенетиков это вызвало хоть какое-то удивление. Объяснение, почему ранее это не было обнаружено, сводится к тому, что ранее были неправильно выбраны «референсные сборки» африканских генотипов для выявления неандертальских следов в их геномах, а новый метод, использованный в работе [31], такие «сборки» не использует.

Этот случай показывает, что новые и не всегда в должной мере отработанные палеогенетические методики вполне могут давать неверные результаты, так что бездумное и некритическое отношение к ним всякий раз будет приводить к очередной цепи заблуждений не только генетиков, но и антропологов и археологов.

А в данном конкретном случае результат Паабо и Райха, как будто бы закрывал возможность входа сапиенсов в Африку из Евразии после контакта с неандертальцами. К счастью, мы сразу посчитали его ошибкой, и по археологическим данным описали вторжение в Африку из Европы кроманьонцев (гримальдийцев) около 36 тлн (после общеевропейской катастрофы 39.3 тлн), в основном заместивших аборигенное африканское население [1 – 3]. Следует отметить, что структура основной африканской гаплогруппы E и пространственное распределение ее главных субклад явно указывает на то, что после входа гримальдийцев в Африку этот материк надолго (до голоцена) снова оказался изолированным от Евразии, что полностью соответствует описываемой в работах [1 – 3] концепции.

Таким образом, в позднем плейстоцене наши прямые предки, по крайней мере, один раз входили в Африку, и в результате этого вторжения ее популяционная и генетическая карты были полностью перекроены.

V. Парадоксальные неандертальские и денисовские примеси к геному сапиенсов и сапиентные примеси к геному неандертальцев

Парадоксы, связанные со свойствами неандертальских и денисовских примесей к геному современных людей, которые можно назвать дисперсными, то есть связанными с закономерностями их рассеяния по Земле, пока еще, по существу, не были осознаны и явно не сформулированы научным сообществом из-за того, что более-менее показательный массив информации об этих характеристиках генома сапиенсов был сформирован буквально в самое последнее время. Однако, объективно, они существуют, и могут быть четко описаны.

Как известно, в соответствии с работами по палеогеномике распределение неандертальских примесей в геноме сапиенсов весьма простое: у всех современных людей [13, 42], в том числе и африканцев, они присутствуют, но их количество варьируется, максимально доходя до 2 % [31]. При этом «Низкое разнообразие гаплотипов неандертальцев, сегрегированных в современных популяциях, указывает на то, что, хотя генетический материал в геном современных людей должен был быть внесен более чем от одного неандертальца, вероятно, имел место только один серьезный эпизод смешения» [42], причем это произошло примерно 100 тлн [36]. Это означает, что контакты, оставившие заметный генетический след, у современных сапиенсов с неандертальцами происходили только однажды и задолго до заселения сапиенсами Европы.

На первый взгляд это кажется довольно странным. По любой модели расселения сапиенсов они тесно сходились с неандертальцами не менее 4 – 5 раз. По нашей концепции (см. ниже рис. 1) – сначала в горах Загроса или Иранского нагорья при движении сапиенсов на восток в Индию в интервале 120 – 95 тлн. Затем в Леванте с неандертальцами боролась за место под солнцем западная популяция сапиенсов, отколовшаяся

от основной группировки, в период примерно от 110 – 105 тлн до 72 – 70 тлн, пока после Катастрофы их следы там совершенно не исчезли.

Далее – новое «взаимодействие» с неандертальцами в Леванте в интервале от 55 до 48 – 47 тлн [1 – 3], которое по археологическим данным из пещеры Бокер Тахтит в пустыне Негев (самая южная синяя точка на рис. 1 среди грозди разноцветных «левантинских» точек) в период начального верхнего плейстоцена (IUP) 50 – 48 тлн переросло в «культурный скачок» [43] или, что то же самое, в «верхнепалеолитическую революцию», причем, естественно, раньше, чем в Европе. На этот раз «взаимодействие» закончилось бесследным исчезновением неандертальцев навсегда. После этого сапиентный каток верхнепалеолитической революции прокатился по всей перигляциальной Европе 45 – 41 тлн, и неандертальцы закончились навсегда и там. Был еще один, видимо, уже менее значимый эпизод контактов снова в Загросе около 37 – 35 тлн, когда были добыты последние остатки неандертальцев, возможно, потомки тех левантинцев, которым удалось уйти живыми после разгрома 48 – 47 тлн. И из всех этих эпизодов в геноме современных людей остался только первый – проход через Загрос и Иранское нагорье во время движения сапиенсов на восток.

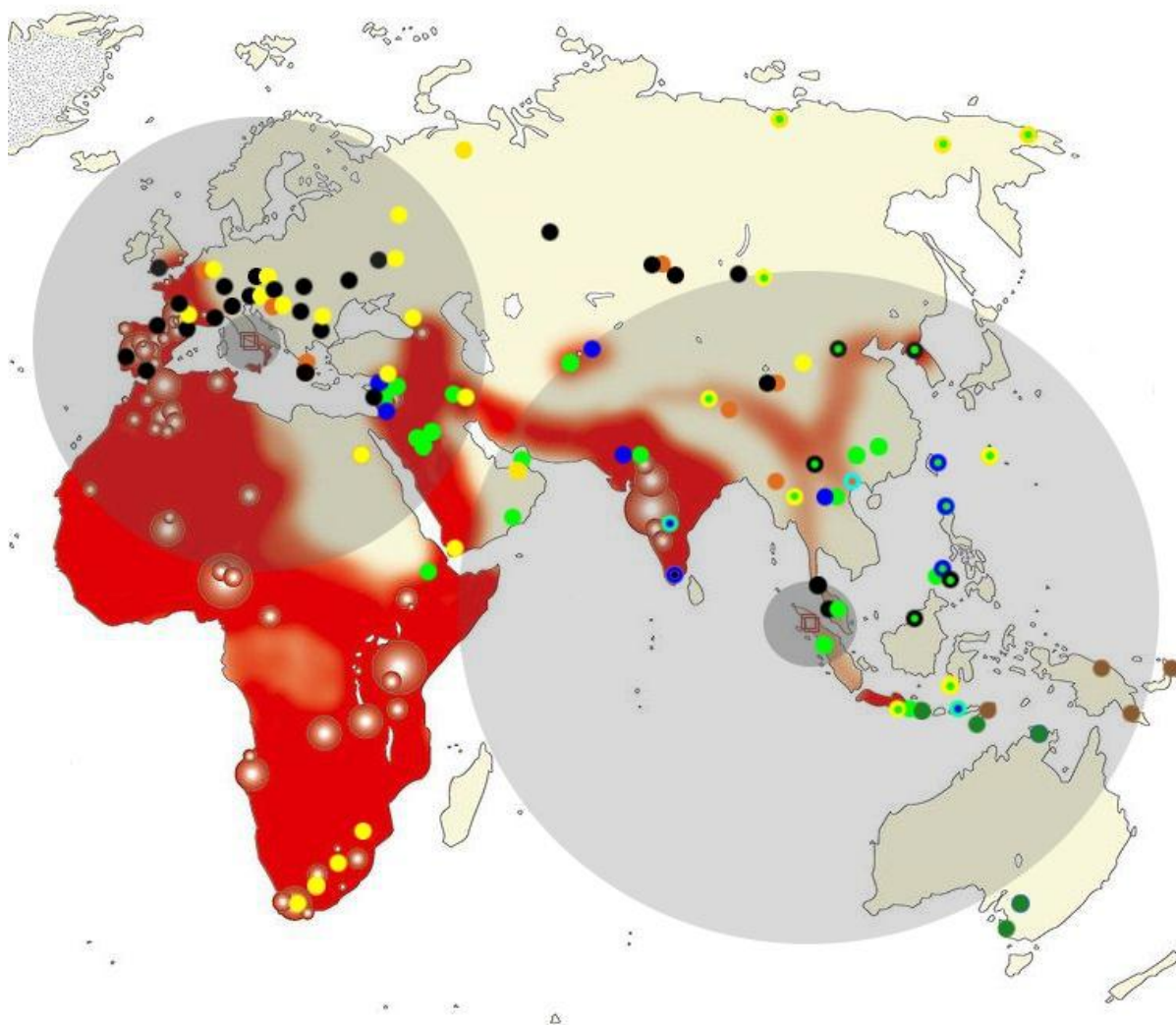


Рис. 1 – Места рассмотренных плейстоценовых стоянок и зоны воздействия катастрофических извержений двух вулканов на фоне распределения ашельских находок

Серые круги – примерные зоны поражения ударными волнами при взрывах стратовулканов Тоба (72 тлн) и Архифлегрео (39.3 тлн), внутренние с границей 10 кПа, внешние – 1 кПа, см. [1 – 3]. Светло-зеленые точки описывают стоянки сапиенсов в период 130 – 72 тлн; синие точки – 72 – 47.5 тлн для северян и силанган (для последних – с центральной светло-зеленой точкой), а для южан – темно-зеленые точки. Черные точки соответствуют периоду 47.5 – 39.3 тлн для северян и силанган (как и далее для последних – с центральной светло-зеленой точкой), а для южан – темно-коричневые точки. Желтые точки – период 39.3 – 30 тлн. Точки других цветов относятся к видам гоминин, не являющихся сапиенсами.

«Напротив, разнообразие денисовских гаплотипов отражает более сложную историю, включающую более одного эпизода смешения», см. [42]. Действительно, уже хорошо известно, что денисовские гаплотипы

отсутствуют у европеоидов – потомков северян, а у монголоидов – потомков силанган и, особенно, у меланоидов – потомков южан, их примеси встречаются, по крайней мере, не в меньшей степени, чем неандертальские [13, 27, 42, 44]. При этом денисовские гаплотипы существуют, по крайней мере, в трех линиях: D0, D1 и D2, очевидно, соответствующих трем значимым контактам сапиенсов с денисовцами, причем линия D0 (денисовцы с Алтая) прослеживается у жителей Восточной Азии, народов Сибири и индейских племен Америки. У современных аборигенов Австралии и папуасов Новой Гвинеи сохраняются следы линий D1 и D2. Кроме того, линия D2 имеется и у жителей Восточной Азии и Океании. Определено, что линия D1 отделилась от алтайской линии D0 около 365 тлн, а линия D2 – около 285 тлн [45].

Как известно, денисовцы являются сестринской группой неандертальцев, и их эволюционное расхождение произошло около 640 тлн [46]. Основной областью расселения неандертальцев была перигляциальная мамонтовая степь и, обычно, горные и предгорные районы южнее. Раскопанные стоянки денисовцев также относятся к холодным климатическим зонам: Денисова пещера лежит на Алтае [18] (пара из темно-оранжевой и черной точек западнее Байкала на рис. 1), причем Алтай в то время был накрыт ледником. Пещера Байшия находится дальше к югу, однако, на высоте ~ 3.3 км над уровнем моря [47] (такая же пара точек на рис. 1 на восточной окраине Тибета внутри светло-красной V-образной заливки, описывающей распределение ашельских находок). Так что это был весьма холодолюбивый вид гоминин, селившийся, как правило, около ледников, там, где была вода, и, поэтому, думать, что он доходил до Сахула и близлежащих тропических островов, как это предполагают некоторые палеогенетики для объяснения наличия денисовской примеси D1, имеющейся только за линией Уоллеса и только в Австралии, на востоке Новой Гвинеи и в Новой Ирландии [13], было бы довольно опрометчиво (сравните эту зону с расположением темно-зеленых и темно-коричневых точек на рис. 1, то есть с ареалом расселения южан). Близкие к денисовцам неандертальцы никогда южнее Леванта не появлялись, даже в Межледниковья, когда пустыни становились проходимыми.

Таким образом, первый парадокс из четырех, сформулированных в этом разделе статьи – это противоречие между значительным числом контактов между неандертальцами и северянами (и их предками), и низким разнообразием неандертальских гаплотипов у их потомков – европеоидов, и значительно бóльшим разнообразием денисовских гаплотипов в геноме азиатов и меланоидов при относительно малом числе контактов их предков с денисовцами. Действительно, сейчас известны всего 2 стоянки денисовцев, описанные абзацем выше, и есть еще две весьма вероятные такие точки – Кейсен на юге Тибета [48] и Нве Гве Хилл на севере Мьянмы [49] (две темно-оранжевые точки на рис. 1). В то же время неандертальских стоянок раскопаны, по крайней мере, десятки – в качестве примеров в Европе на рис. 1 темно-оранжевыми точками обозначены широко известные пещеры Гойе [50, 51], Виндия [52], а также Клисура [53]. Они расположены на пространстве от Северо-Западной Европы до Южной Греции, и это только примеры, так на рис. 1 просто невозможно отобразить сколько-нибудь соответствующее реальности число неандертальских стоянок в Европе, и, особенно, в Леванте. А в Азии ареалы неандертальцев и денисовцев смыкались хотя бы время от времени. И везде там могли быть контакты между нашими предками и неандертальцами.

Второй парадокс: явное наличие контактов северян с денисовцами – северо-восточными гомининами, и полное отсутствие их гаплотипов в геноме северян.

Третий парадокс, можно сказать, самый вопиющий: две крупнейшие Y-гаплогруппы современных европейцев R1a и R1b являются дочерними к гаплогруппе P. У аборигенной филиппинской популяции аэта (около полутора десятков родственных племен, в подавляющем большинстве, с острова Лусон) базальная гаплогруппа P* достигает 28 %, а также там обнаружены субклады P1* (M45) и P2 (P-B253). Это единственная популяция, где имеется такая концентрация этой гаплогруппы, материнской по отношению к тем двум основным гаплогруппам современных европеоидов. Только у тиморцев Индонезии можно наблюдать что-то более-менее подобное – базальная P* дает там долю около 10 %. Кроме того, остров Лусон является единственным местом на Земле где клады P*, P1* и очень редкая P2 встречаются вместе [54]. В то же время популяция аэта (племена магбукон, маниде, инди, амбала, лопес и антси) является мировым рекордсменом по денисовским примесям в геноме – денисовская часть доходит у них до 4.5 % (при экстраполяции на полное исключение поздних восточноазиатских примесей), что в 1.5 раза больше, чем у недавних «рекордсменов», папуасов Новой Гвинеи, и в 10 раз больше, чем у большинства жителей Азии [55]. И при этом бóльшая часть европеоидного населения Земли в соответствии с данными ДНК-генеалогии – прямые потомки по отцовской линии популяции, от которой аэта отличаются менее чем кто-либо, не имеет даже следов генома денисовцев, столь заметного у аэта.

Объяснить распределение неандертальских и денисовских примесей в геноме сапиенсов, приводящее к трем описанным выше парадоксам, в рамках любого варианта общепринятой парадигмы генезиса современного человека не представляется возможным. В первый момент после формулирования этих парадоксов нам также показалось, что непротиворечиво связать все описанные в этом разделе факты

единую цепь будет нелегко. Однако вскоре возникло понимание того, что это уже связь возникла в работах [1 – 3], причем совершенно без каких-либо направленных на это усилий и как будто бы вполне самопроизвольно. После некоторого размышления стало ясно, что построенная там по археологическим данным сеть из 88 точек и представленная в тех работах на рисунке, развитием которого стал рис. 1 этой статьи, после наложения на нее логистических, геологических, палеоклиматических, физических и некоторых других ограничений, превративших эту сеть в направленный граф, характеризующий процессы, происходившие с нашими предками в период 130 – 30 тлн, элементарно разрешает все эти противоречия.

В ходе более подробного рассмотрения этих «геномных парадоксов», а также проблем, рассмотренных далее в разделе VI, к тем 88 точкам было добавлено еще 20 – это упомянутые выше пещеры Бокер Тахтит, Денисова и Байшия (обе двумя точками – как пещеры денисовцев и как пещеры сапиенсов), Кейсен и Нве Гве Хилл, неандертальские Гойе (ставшая также потом и сапиентной), Виндия и Клисура. Кроме того, были рассмотрены стоянки сапиенсов Кара-Бом на Алтае, Шуйдунгоу в Китае и Салхит в Монголии, Златы Кунь в Чехии, Нья Деву на Тибете, Бадахлин в Мьянме, повторно лаосская пещера Там Па Линг, так как там было обнаружено раннее, докатастрофное заселение, и пещера Дуи Уай в Северном Вьетнаме. Также были рассмотрены 2 расположенные рядом в долине Ленггонг мастерские по изготовлению каменных орудий на современном Малаккском полуострове – до катастрофная Букит Буну и после катастрофная Кота Тампан, см. далее. В итоге здесь рассматривается уже 108 точек, показанных на рис. 1. И все, что на первый взгляд казалось неразрешимыми парадоксами, стало теперь только дополнительным подтверждением правильности предложенной в работах [1 – 3] концепции генезиса современного человечества.

В самом деле, разрешение первого парадокса следующее: после первых контактов с неандертальцами в Загросе или на Иранском нагорье выходцев из Африки, еще не разделенных на отдельные популяции (не считая исчезнувших сапиенсов-левантинцев), они получили некоторую долю неандертальских генов и передали им свою. По данным анализа генома алтайского неандертальца это произошло примерно 100 тлн [36], что совершенно согласуется со временем движения сапиенсов на восток по Азии после их выхода с севера Аравии около 120 тлн до прихода в Индию 96 – 95 тлн. После этого предки силанган и южан ушли дальше на восток и юго-восток, и больше никогда с неандертальцами не сталкивались. Популяция сапиенсов, захватившая анклав в Леванте, активно взаимодействовала с местными неандертальцами, но после Катастрофы погибла полностью не позднее 70 тлн, и свои неандертальские примеси в геноме потомкам передать просто не могла [1 – 3].

Внимательный читатель может, между прочим, заметить, что в предыдущем абзаце в рамках общепринятой парадигмы генезиса современного человечества практически сам собой возник новый, четвертый парадокс: выход сапиенсов из Африки был якобы 60 – 50 тлн, пусть даже 70, а их гены попали к неандертальцу, потомки которого ушли на Алтай, «примерно 100 тлн». Но в рамках предложенной концепции, естественно, никакого парадокса здесь нет.

Оставшиеся в Северной Индии сапиенсы еще до Катастрофы в поисках воды в иссыхающей степи/полупустыне ушли на север к леднику в предгорьях Памира в Хатлон и стали северянами-кроманьонцами. Начав оттуда новое расселение из центральной азиатской позиции по всем направлениям, они ко времени ~ 55 тлн снова столкнулись в Леванте с жившими там неандертальцами, развязав против них новую военную кампанию. И тут произошло то, что определило все дальнейшие отношения северян с гомининами всех других видов. Левантийская кампания вдруг пошла так, что ее можно описать лозунгами на современном языке: «Пленных не брать» и «Живыми не сдаваться». Кто первым начал эту войну на тотальное уничтожение противника, неясно. Либо северяне спустя 15 – 17 тл после гибели братьев их предков нашли материальные следы проведенного неандертальцами после Катастрофы геноцида сапиенсов, либо неандертальцы, если у них к тому времени уже возникло зачатки магического мышления, восприняли вновь прибывших пришельцев как восставших из под земли мертвецов, уничтоженных их предками, и которых надо снова всех поголовно убить, иначе покоя от них не будет никогда. Так или иначе, это произошло.

Другой необычной особенностью этой военной кампании, явно проявившейся далее в и Европейской войне, было то, что там сражались две популяции северян, которых известный советский антрополог Г. Ф. Дебец по раскопкам в Костёнках (обе они попали туда после европейской катастрофы) относил к двум «плейстоценовым расам», брно-пршедмостской и гримальдийской [1]. Обычно расселение видов неплохо описывает диффузная модель [56], но в ней обязательно происходит постепенное расхождение популяции, и никаких двух «рас», а вернее, двух популяций в одном месте в одно и то же время по этой модели быть не может. Тем не менее, война за небольшой район Леванта вблизи средиземноморского побережья длилась около 7.5 тл, а последовавший вскоре захват теми же популяциями сапиенсов-кроманьонцев всей большой перигляциальной Европы потребовал всего 4 тл [1 – 3]. По-видимому, единственно возможный вариант, объясняющий все эти особенности ведения боевых действий в то время, был представлен в работе [1]: первыми пришли в Левант и начали войну будущие гримальдийцы. Сразу после того как война стала

тотальной, они обратились за помощью на родину, в припамирский Хатлон, и к ним максимально быстро выдвинулись те, кого потом антропологи стали называть «брно-пршедмостской расой» или кратко брненцами, подоспевшие к концу Левантинской кампании и определившие быстрое ее завершение (введение резервов в критический момент развития операции – это азбука военной стратегии).

Типичная скорость расселения северян-кроманьонцев в то время составляла около 0.5 км/год, через несколько тысяч лет скорость захвата Европы у них была около 0.93 км/год [1 – 3]. Если брненцы выдвинулись в Левант с промежуточной скоростью ~ 0.7 км/год, то для преодоления расстояния по путям пешеходных переходов примерно в 4350 км им потребовалось бы около 6 тл. Так что времени порядка 0.5 тл или меньше на то, чтобы получить сведения о геноциде в Леванте и призыв о помощи небольшому передовому отряду, и участвовать в завершающей победной фазе войны не менее 1 – 1.5 тл, им вполне должно было хватить. Вести о том, что происходило в Леванте, около 54 тлн должны были узнать все припамирские северяне. И когда они вскоре после этого начали заселять перигляциальную мамонтовую степь [1 – 3], и на северо-востоке столкнулись с денисовцами, которых они, сами никогда не видевшие неандертальцев, вряд ли могли от них отличить, перенесли и на денисовцев свое резко негативное отношение к этому чуждому для них виду гоминин. Об этом свидетельствуют данные из алтайских пещеры Денисова (пара из темно-оранжевой и черной точек на рис. 1) [18] и стоянки Кара-Бом (черная точка рядом) [57], и китайских пещеры Байшия [47] (такая же пара точек, как и у пещеры Денисова), и стоянки Шуйдунгоу [22] (желтая точка немного северо-восточнее).

Так что можно считать, что после этого в геном северян-кроманьонцев никогда больше не попадали неандертальские и денисовские «примеси» в сколько-нибудь заметных количествах. Отдельные инциденты, видимо, все-таки, происходили. В Европе в болгарской, румынской и чешской пещерах Бачо Киро, Ку Оасе и Златы Кунь из останков кроманьонцев были извлечены обрывки ДНК с заметными неандертальскими примесями [58 – 60]. Находки относятся к самому первому появлению кроманьонцев в Восточной и Центральной Европе – к периоду 45 – 43 тлн. Однако, в останках из пещер Бачо Киро и Златы Кунь доля неандертальских примесей к геному составляла всего 3 – 3.8 %, что меньше, чем доля денисовских примесей даже у современного племени магбукон из народа аэта – до 4.5 % [55], и в общем-то сопоставима с максимальными показателями для современных людей – 2 % [31], так что это вполне мог быть след от раннего контакта предков кроманьонцев с неандертальцами на Ближнем Востоке около 100 тлн [36]. Только в пещере Ку Оасе неандертальские доли в геноме у останков двух людей составляют более значительную величину – 6 и 10 %. То есть, видимо, хотя бы женщин противника одна из противных сторон все-таки иногда оставляла в живых, а превратности войны иногда могли возвращать их к соплеменникам. Но заметных современными генетическими методами последствий этих инцидентов до сего дня не обнаружено – геном европеоидов, как и всех остальных современных людей, имеет только одну ближневосточную (из Загроса или его восточных окрестностей) неандертальскую примесь [42]. Возможно, это произошло из-за того, что носители этих примесей, если они еще существовали 4 – 6 тл спустя, погибли в общеевропейской катастрофе, вызванной взрывом вулкана Архифлегрео [60]. Таким образом, вслед за четвертым здесь разрешен и второй парадокс. Перейдем теперь к двум оставшимся.

Напротив, силангане, южане и их общие предки, видимо, никогда не подвергались геноциду со стороны каких-либо гоминин, и, поэтому, относились к тем значительно более толерантно, чем северяне. В геномах потомков силанган и южан (монголоидов и меланоидов) обнаружено по 2 линии денисовских гаплотипов, причем всего их имеется 3 [13, 27, 42, 45], несмотря на то, что по современным представлениям денисовцы были весьма немногочисленным видом, и контактов с ними сначала у неразделенных докатастрофных сапиенсов, а затем у силанган должно было быть немного. Южане вообще ушли в Сахул и полностью самоизолировались там на многие десятки тысяч лет.

Сопоставляя возможные, но вполне очевидные в некоторых допустимых пределах пути движения докатастрофных сапиенсов по Индии и Юго-Восточной Азии [1 – 3] с вероятным размещением денисовцев на юге Азии вблизи Тибетского ледника и в горах Индокитая наиболее близко к Тибету, но не на пути предков силанган, пришедших на восток Сунды в районе современного острова Палаван, получаем весьма вероятные выводы, что гены линии D2 сапиенсами были захвачены где-то на южных подступах к лежащему на севере Тибету около 95 – 85 тлн, а гены линии D1 только предками южан в спорадическом контакте с небольшой группой денисовцев чуть позже где-нибудь не слишком далеко от гор Ракхайн в современной западной Мьянме или на плато Шан, лежащего немного восточнее. Эти горы имеют ту же максимальную высоту, что и горы Ливана, окрестности которых облюбовали левантинские неандертальцы, также как те расположены рядом с морским побережьем и лежат всего на 12° – 13° южнее Ливанских гор, но зато почти примыкали к тогдашнему гигантскому Тибетскому леднику. А на плато Шан со средней высотой не менее 1 км, где в британские колониальные времена белая администрация Мандалая спасалась от жары бирманского лета [61], как выяснилось, имеется немало плейстоценовых стоянок, к сожалению датированных немного лучше, чем никак [49].

Стоит отметить, что спустя 10 дней после того, как были написаны эти строки о денисовцах, оказавшихся «где-то на южных подступах к лежащему на севере Тибету», была опубликована статья о следах гоминин, оставленных около 200 тлн в южной части Тибета недалеко в местечке Кейсен (Quesang) в теплых источниках на высоте около 4.3 км (темно-оранжевая точка на рис. 1). И весьма вероятно, что это были те самые денисовцы «с южных подступов к Тибету», посетившие этот «высокогорный термальный курорт» [48]. Кстати, это вполне коррелирует со временем отделения юго-западных денисовцев (линии D2) от северных 285 тлн. Сапиенсы поселились в тех местах уже значительно позже, 40 – 30 тлн на высокогорной приозерной стоянке Нья Деву (желтая точка с зеленым центром рядом с оранжевой на рис. 1) [62]. Кроме того, спустя еще две недели, после целенаправленного поиска археологических стоянок в Мьянме автору данной работы стала известна стоянка среднего плейстоцена Нве Гве Хилл между горами Ракхайн и плато Шан, обнаруженная около 40 лет назад (темно-оранжевая точка на рис. 1 к юго-востоку от Кейсена) и предположительно также возникшая около 200 тлн, примерно в то же самое время, когда и в Кейсене появились предполагаемые денисовцы. И приблизительно одновременно со стоянкой сапиенсов на Тибете не позднее 30 тлн появляется такая же стоянка и на плато Шан в пещере Бадахлин [49] (еще одна желтая точка с зеленым центром в Индокитае на рис. 1).

Учитывая вновь появившуюся информацию о том, что в известной пещере сапиенсов Там Па Линг, расположенной в Северном Лаосе (пара из светло-зеленой и синей точек на рис. 1), наряду с послекатастрофными слоями (см. [1 – 3]) был раскопан слой возрастом 70 ± 8 тлн [63], который может быть отнесен к докатастрофному времени («примерно на 20 тл старше», чем ранее найденные слои с окаменелостями), путь, по которому шли предки силанган вырисовывается достаточно ясно – от северной Индии вдоль Тибета, оставляя горы Ракхайн и плато Шан с юга, к восточному побережью Сунды и далее на юго-восток к Палавану. При этом расселение происходило и на север, и, похоже, что северовьетнамская пещера Дуи Уай, расположенная несколько северо-восточнее лаосской (сине-зеленая точка с темно-оранжевым центром на рис. 1) сохранила следы гибели людей и животных после Катастрофы, видимо из-за вулканического пепла. Она обозначена таким образом, так как пока не удалось определить, зубы каких гоминин (сапиенсов, денисовцев или эректусов) были там обнаружены [64]. А предки южан сразу от предгорий Тибета должны были идти на юг мимо гор Ракхайн примерно вдоль восточного побережья Сунды вплоть до южного окончания этого субконтинента. Это подтверждает и до катастрофная мастерская сапиенсов Кота Тампан, расположенная в долине Ленггонг рядом с западным побережьем полуострова Малакка (зеленая точка из пары с черной около вулкана Тоба на рис. 1; черная точка – аналогичная каменная мастерская Букит Буну в той же долине, но 30 – 35 тл спустя) [65].

Примесь линии D0, которую силангане передали жителям Восточной Азии, появилась позднее, около 45 – 40 тлн во время расселения силанган через Тайвань на северо-запад. В Монголии в Салхите (желтая точка с зеленым центром) в захоронении возрастом 35 – 34 тлн была найдена весьма архаичная женщина с сапиентной мтДНК, но со значительной денисовской примесью в геноме. Ее денисовские предки жили не менее чем за 6 тл до ее рождения [66, 67].

Наверное, в Юго-Восточной Азии были и другие популяции денисовцев, возможно передавшие свои гены расселяющимся там сапиенсам, однако все они и/или все их потомки погибли в Катастрофе и нигде не оставили своего генетического следа. Следовательно, и первый парадокс к этому моменту получил здесь свое разрешение.

Ну, и, наконец, рассмотрим вопрос о европеоидах с гаплогруппами R1a и R1b и их прямых предках по отцовской линии, от которых филиппинские аэта по Y-хромосоме отличаются меньше, чем кто-либо на планете. В соответствии с предложенной концепцией предки силанган получили примеси денисовской линии D2 где-то южнее Тибета, пережили Катастрофу 72 тлн на острове Палаван и к 67 тлн достигли лусонского рефугиума, откуда спустя ~ 20 тл уже силангане через полуостров ледникового периода Тайвань стали расселяться по просторам Восточной Азии, становясь монголоидами. И здесь они получили денисовскую линию D0, а затем стали интенсивно смешиваться с восточными европеоидами, одновременно вытесняя их из Восточной и Юго-Восточной Азии. Как правило, на жизнеспособность сапиенсов неандертальские и денисовские участки генов влияют отрицательно, и с течением времени происходит их вымывание из генотипа [42]. Чем крупнее были популяции людей, чем интенсивнее монголоиды скрещивались с европеоидами, тем быстрее происходила элиминация денисовских аллелей, в том числе и тех, что попали в геномы метисов в основном европеоидной морфологии. Ведь из фундаментальной теоремы естественного отбора Фишера следует, что скорость эволюции путем отбора пропорциональна эффективному размеру популяции [68, 69].

И в генах носителей «азиатских» Y-гаплогрупп R1a и R1b – «новых европеоидов», в значительной степени заменивших жителей Старой Европы и расселившихся уже в Новое время по Америке и Австралии, денисовские примеси остались в количествах, не выявляемых методами современной палеогенетики, если остались вообще. А прямые потомки силанган – аэта продолжали жить на острове Лусон в изоляции в своих

горах и джунглях десятки тысяч лет, и эффективный размер их локальных популяций был ничтожно мал по сравнению с тем, каким он был в «большом мире» (сейчас, с учетом дробления аэта на отдельные племена, он составляет не более 10^{-5} от эффективного размера популяций европеоидов [70]). Аэта редко вступали в контакты с внешним миром, и, таким образом, максимально законсервировали свой геном, сохраняя в нем явные следы денисовских генов линии D2. Тем более что в малых популяциях решающую роль играет генетический дрейф, с помощью которого случайным образом часто закрепляются нейтральные и даже вредные, но не летальные, мутации, тогда как в больших популяциях даже слабого негативного эффекта будет достаточно для элиминации соответствующей аллели [68].

Итак, очевидно разрешение и третьего парадокса, правда, только при условии признания того, что остров Лусон был рефугиумом для предков азиатов.

VI. Влияние метисации на генезис неандертальцев и современного человека

В завершение следует вернуться к «денисовской» девочке-метиске Denisova 11 из алтайской пещеры, о которой говорилось в ноябрьском 2018 года интервью А. П. Деревянко [19]. Как в более раннем сообщении института, в котором он работает (август 2018 года, см. [71]), так и в более позднем (декабрь 2019 года, см. [72]), сообщается о том, что она была не правнучкой, а дочерью пары из денисовца и неандерталки, что является гораздо более интересным и исключительно важным случаем непосредственной фиксации скрещивания двух человеческих видов. То же самое утверждается и в статье в Nature [73], в которой академик является соавтором. Как дочь в его интервью смогла превратиться в правнучку, «окончательно этим подтверждающая» «возможность гипотезы, что человек современного вида сформировался из четырех ... подвидов», мы понять не способны.

При этом важно то, что этот ребенок был девочкой, а правило Холдейна (Haldane's rule) утверждает: «Если в потомстве межвидовых гибридов один из полов встречается реже, полностью отсутствует или стерилен, то этот пол является обычно гетерогаметным» [68]. У млекопитающих гетерогаметным полом (с разными половыми хромосомами X и Y), как известно, является мужской. Поэтому из факта рождения девочки у неандертало-денисовской пары совершенно не следует возможность рождения у таких пар мальчиков. С этим утверждением согласуются и самые последние исследования: в тех в случаях, когда неандертальские матери вынашивали детей от сапиенсов и денисовцев, могли возникать гемолитические заболевания плода и новорожденного вследствие несовместимости крови плода и матери по резус-фактору [44, 74]. Ведь и алтайская девочка-метиска умерла рано – в 13 лет.

Была, однако, попытка идентифицировать так называемую «челюсть из Мещены» как результат метисации с отцом-сапиенсом и матерью-неандерталкой [75], хотя, как представляется, она не была достаточно убедительной. Обратная же ситуация с отцами-неандертальцами и матерями из других человеческих видов как будто бы совершенно (по крайней мере, пока) не просматривается, если ограничиться горизонтом рассматриваемого нами выхода предков современного человека из Африки 130 тлн.

Однако раньше, при значительно меньшем времени с момента разделения рассматриваемых видов гоминин, все могло быть совершенно иначе. Анализ ядерной ДНК [76] показывает, что неандертальцы и денисовцы относятся к сестринским группам, которые отделились от современного человека между 550 тлн и 765 тлн (таково время от последнего общего неандертало-денисовского и сапиентного предка – TMRCA). На 5 лет более поздняя работа [50] уменьшает это время приблизительно до 530 ± 30 тлн. Но время до TMRCA для неандертальцев и современных людей по результатам секвенирования митохондриальной ДНК (мтДНК) неожиданно оказалось гораздо ближе к современности – 470 – 360 тлн [77] или 485 – 365 тлн [50]. То есть по материнской линии неандертальцы ближе к сапиенсам, чем к денисовцам. Но при этом известно, что у ранних неандертальцев примерно до 430 тлн их мтДНК не имели признаков сапиентности, а были, как и следовало ожидать, родственны денисовским [78, 79]. Примерно то же самое, но с несколько меньшей точностью оказалось и при анализе Y-ДНК – расхождение линий неандертальцев и предков современного человека якобы случилось примерно 455 – 275 тлн [80].

По физико-географическим причинам попытка выхода предков сапиенсов из Африки, после которой могла бы произойти их встреча с неандертальцами, была возможна в интервале 420 – 395 тлн, когда сравнительно легко были преодолимы как североафриканская, так и аравийская пустыни [1]. Так что, в соответствии с комплексом всех этих данных, неандертало-сапиентное скрещивание произошло около 410 ± 15 тлн, когда их линии разошлись еще не слишком сильно (прошло порядка 120 тл после их разделения по данным источника [50]). Далее вследствие отбора ранние неандертальцы, имевшие общие с денисовцами гены, были вытеснены метисами, но никаких следов сапиенсов, участвовавших в том эпизоде, не осталось. При этом географически изолированные восточные неандертальцы сохранились под именем денисовцев. То есть, линии родителей девочки Denisova 11, жившей примерно 90 тлн, были разделены около 320 тл, так что

геномная совместимость ее родителей, хотя бы частичная (с потомками гомогаметного пола), была еще возможна. Примерно столько же времени прошло с момента переноса генов сапиенсов и неандертальцев ко времени 120 – 100 тлн, когда имел место «единственный серьезный эпизод смешения» [42] на рассматриваемом нами временном интервале 130 – 30 тлн. При этом в геномах поздних европейских неандертальцев не удалось обнаружить следов гибридизации с сапиенсами [50]. А от разделения линий сапиенсов и денисовцев до момента их контактов в Юго-Восточной Азии (90 – 80 тлн) прошло около 450 тл, но, тем не менее, денисовские примеси у современных монголоидов и меланоидов зафиксированы.

Однако следует помнить, что размеры популяций, как правило, росли примерно обратно пропорционально их удалению по времени от настоящего момента (см. [1]), и в соответствии с теоремой Фишера скорость эволюции путем отбора росла в том же темпе. Поэтому следует ожидать увеличения скорости эволюции гоминин на порядок от момента возникновения неандертальцев до момента их исчезновения. Следовательно, чем ближе к нашему времени, тем быстрее расхождение линий гоминин могло достичь точек частичной или полной половой несовместимости видов. И заметно бóльший (в 1.4 раза) интервал времени, прошедший от разделения предков сапиенсов и неандертало-денисовцев до гибридизации сапиенсов и денисовцев в окрестностях Тибета, чем интервал между разделением неандертальцев и денисовцев и их гибридизацией на Алтае, в реальности значил немного, так как скорость эволюции в моменты разделения была в 4 – 5 раз ниже, чем к моментам гибридизации.

В итоге, можно сказать, что наличие неандертальских и денисовских аллелей (в виде примесей) в геноме современного человека с теми особенностями, которые были описаны в предыдущем разделе статьи, уверенно установлено, однако, доказательства сколько-нибудь заметного их влияния на его формирование отсутствуют. В подтверждение этого тезиса можно указать то, что все известные нам линии как Y-ДНК, так и мтДНК гаплогрупп, восходят к сапиентным африканским предкам.

Заключение

В работе рассмотрено 7 парадоксов, связанных с генезисом современного человечества. Ими являются следующие противоречия, неразрешимые в рамках любого варианта современного описания этого процесса:

- генетическая моноцентричность и культурная (артефактная) полицентричность предков современного человечества – северян, южан и силанган;
- однократность выхода сапиенсов из Африки по данным геномики, и неоднократность их появлений в ряде регионов Азии по археологическим данным;
- якобы геномная не смешиваемость африканцев и неафриканцев, и, при этом, наличие у них общих гаплогрупп;
- противоречие, состоящее в значительном числе длительных и плотных контактов между неандертальцами и северянами, с низким разнообразием неандертальских гаплотипов у их потомков, и значительно бóльшее разнообразие денисовских гаплотипов в геноме потомков южан и силанган при относительно малом числе спорадических контактов их предков с денисовцами;
- явное наличие контактов северян с денисовцами – северо-восточными гомининами уже после Катастрофы, и полное отсутствие их гаплотипов в геноме европеоидов – потомков северян;
- полное отсутствие гаплотипов денисовцев в геноме европеоидов-метисов – носителей Y-гаплогрупп R1a и R1b, при том, что у ближайших родственников их предков по отцу – филиппинских аэта денисовская примесь в геноме максимальна среди всех ныне известных популяций на Земле;
- появление сапиентных примесей в геноме неандертальцев около 100 тлн, невозможное при выходе сапиенсов из Африки не ранее 70 – 50 тлн.

Показано, что все описанные выше черты генезиса современного человечества, проявляющиеся как неразрешимые парадоксы в рамках прежней парадигмы, становятся не только естественным следствием этого процесса в соответствии с концепцией, описанной в работах [1 – 3], но и дополнительными доказательствами того, что он именно так и происходил. Таким образом, в рамках предложенной парадигмы легко разрешаются все, даже имеющие застарелый характер, проблемы, противоречия и парадоксы, связанные с генезисом современного человечества. При этом отсутствуют доказательства сколько-нибудь заметного влияния на генезис современного человечества его метисации с другими видами гоминин.

Литература

1. Ю. И. Лобановский – Великая война и три прародины современных людей. *Synerjetics Group*, 15.04.2021, 72 с. // http://www.synerjetics.ru/article/3_ancestral_lands.pdf
2. Ю. И. Лобановский – Происхождение современного человечества в свете системного анализа. *Synerjetics Group*, 30.04.2021, 18 с. // http://www.synerjetics.ru/article/3_ancestral_homelands.pdf

3. Yu. I. Lobanovsky – Origin of modern humanity in the light of system analysis. *South Florida Journal of Development*, 2(3), 26 July 2021, pp. 1 – 29 // <https://southfloridapublishing.com/ojs/index.php/jdev/article/view/595>
4. J. G. Fleagle et al. – Palaeoanthropology of the Kibish Formation, southern Ethiopia: Introduction. *Journal of Human Evolution*, 55, September 2008, pp. 360 – 365 // <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0047248408000985>
5. S. P. McPherron et al. – The age of the hominin fossils from Jebel Irhoud, Morocco, and the origins of the Middle Stone Age. *Nature*, 546, 8 June 2017, pp. 293 – 296 // <https://www.nature.com/articles/nature22335>
6. А. П. Деревянко, М. В. Шульков – Сколько предков у современного человека? *В защиту науки*, N 9, 2011 // https://studylib.ru/doc/2069162/skol_ko_predkov_u_sovremennogo_cheloveka%3F
7. Н. Ф. Нестурх – Происхождение человека. Москва, «Наука», 1970, 440 с.
8. Э. П. Фридман – Приматы. Москва, «Наука», 1979, 208 с.
9. В. А. Остапенко – Случай гибридизации макака резуса и гамадрила, в сб.: *Вопросы прикладной приматологии*. Москва, Московский зоопарк, 2004, сс. 112 – 115 // <https://moscowzoo.ru/upload/iblock/739/739cc9b1a5a4f09049119f35eedf7ac5.pdf>
10. A. Bowcock et al. – High Resolution of human evolutionary Trees with polymorphic microsatellites. *Nature*, 368(6470), April 1994 // https://www.researchgate.net/publication/15687958_High_Resolution_of_human_evolutionary_Trees_with_polymorphic_microsatellites
11. Y-DNA Haplogroup Tree 2018 // https://isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html
12. A. Scally and R. Durbin – Revising the human mutation rate: implications for understanding human evolution. *Nature Reviews*, 13, 11 September 2012, pp. 745 – 753 // <https://www.nature.com/articles/nrg3295>
13. J. C. Teixeira et al. – Widespread Denisovan ancestry in Island Southeast Asia but no evidence of substantial super-archaic hominin admixture. *Nature Ecology & Evolution*, 5, 22 March 2021, pp.616 – 624 // <https://www.nature.com/articles/s41559-021-01408-0>
14. S. Pääbo et al. – The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature*, 505, 2014, pp. 43 – 49 // <https://www.nature.com/articles/nature12886>
15. D. Reich et al. – The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans. *Nature*, 507, 2014, pp. 354 – 357 // <https://www.nature.com/articles/nature12961>
16. А. Марков – Между сапиенсами и неандертальцами существовала частичная репродуктивная изоляция. *Элементы, Новости науки*, 03.02.2014 // https://elementy.ru/novosti_nauki/432184/Mezhdu_sapiensami_i_neandertaltsami_sushchestvovala_chastichnaya_reproduktivnaya_izolyatsiya
17. А. П. Деревянко – Верхний палеолит в Африке и Евразии и формирование человека современного анатомического типа. Новосибирск, Издательство Института археологии и этнографии СО РАН, 2011, 561 с. // <https://www.klex.ru/s6d>
18. А. П. Деревянко и др. – Кто такие денисовцы? *Археология, этнография и антропология Евразии*, 48, N 3, 2020.
19. Геном «денисовца» подтвердил гипотезу сибирских ученых о предках современного человека. *ТАСС*, Новосибирск, 09.11.2018 // <https://tass.ru/sibir-news/5774220>
20. D. S. Brose and M. H. Wolpoff – Early Upper Paleolithic Man and Late Middle Paleolithic Tools, *American Anthropologist*, 73(5), 1971, pp. 1156 – 1194 // https://www.researchgate.net/publication/227611808_Early_Upper_Paleolithic_Man_and_Late_Middle_Paleolithic_Tools
21. Л. Б. Вишняцкий – Культурная динамика в середине позднего плейстоцена и причины верхнепалеолитической революции. СПб, Издательство СПбГУ, 2008 // http://www.archeo.ru/izdaniya-1/vagnejshije-izdaniya/izdaniya-po-godam/pdf/Vishnjatskij_2008.PDF
22. А. Н. Чеха – История исследования палеолитической стоянки Шуйдунгоу. *Гуманитарные науки в Сибири*, N 2, 2013 // <https://www.sibran.ru/upload/iblock/aa9/aa9e9d7d89930b2d409dcf904f4a332c.pdf>
23. П. Шкрдла – Богунице на территориях Моравии и соседних регионов. *Археологи, этнография и антропология*, N 3 (55), июль – сентябрь 2013, сс. 2 – 13 // <https://journal.archaeology.nsc.ru/jour/article/view/28/29>
24. А. Дж. Тойнби – Исследование истории: Возникновение, рост и распад цивилизаций. Москва, АСТ, 2009, 670 с.
25. А. Марков – Найдено новое подтверждение раннего выхода сапиенсов из Африки «южным путем». *Элементы, Новости науки*, 02.02.2011 // https://elementy.ru/novosti_nauki/431505/Naydeno_novoe_podtverzhdenie_rannego_vykhoda_sapienso_v_iz_Afriki_yuzhnym_putem
26. S. J. Armitage et al. – The Southern Route "Out of Africa": Evidence for an Early Expansion of Modern Humans into Arabia. *Science*, 331, 6016, 28 January 2011, pp. 453 – 456 // <http://science.sciencemag.org/content/331/6016/453.full>

27. A.-S. Malaspinas et al. – A genomic history of Aboriginal Australia. *Nature*, **538**, 21 September 2016, pp. 207 – 214 // <https://www.nature.com/articles/nature18299>
28. А. Марков – Новые геномные данные позволили уточнить историю заселения Евразии и Австралии. *Элементы, Новости науки*, 28.09.2016 // https://elementy.ru/novosti_nauki/432841/Novye_genomnye_dannye_pozvolili_utochnit_istoriyu_zasele_niya_Evrazii_i_Avstralii
29. C. J. Bae et al. – On the origin of modern humans: Asian perspectives. *Science*, **358**, 6368, 8 December 2017 // <http://science.sciencemag.org/content/358/6368/eaai9067>
30. А. Марков – Данные археологии и генетики свидетельствуют о многократных попытках африканских сапиенсов заселить Евразию. *Элементы, Новости науки*, 12.12.2017 // https://elementy.ru/novosti_nauki/433164/Dannye_arkheologii_i_genetiki_svidetelstvuyut_o_mnogokratnykh_popytkakh_afrikanskikh_sapiensov_zaselit_Evraziyu
31. Lu Chen et al. – Identifying and Interpreting Apparent Neanderthal Ancestry in African Individuals. *Cell*, **180**, Issue 4, 20 February 2020, pp. 677 – 687 // <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0092867420300593>
32. A. Bergström et al. – Origins of modern human ancestry. *Nature*, **590**, 10 February 2021, pp. 229 – 237 // <https://www.nature.com/articles/s41586-021-03244-5>
33. А. Марков – Происхождение человечества в свете новых данных палеоантропологии и генетики. *Элементы, Новости науки*, 15.02.2021 // https://elementy.ru/novosti_nauki/433769/Proiskhozhdenie_chelovechestva_v_sвете_novykh_dannykh_paleoantropologii_i_genetiki2021
34. M. Stewart et al. – Human footprints provide snapshot of last interglacial ecology in the Arabian interior. *Science Advances*, **6**, no. 38, 18 September 2020 // <https://advances.sciencemag.org/content/6/38/eaba8940>
35. Historical Temperatures. *Use Due Diligence on... Climate*, 2020 // <https://www.use-due-diligence-on-climate.org/home/climate-change/temperatures/historical-temperatures/>
36. M. Kuhlwilm et al. – Ancient gene flow from early modern humans into Eastern Neanderthals. *Nature*, **530**, 7591, 17 February 2016, pp. 429 – 433 // <https://www.nature.com/articles/nature16544>
37. Neanderthals mated with modern humans much earlier than previously thought. *Phys.org, Cold Spring Harbor Laboratory*, 17 February 2016 // <https://phys.org/news/2016-02-neanderthals-modern-humans-earlier-previously.html>
38. J. E. Huffman et al. – Multi-ancestry fine mapping implicates OAS1 splicing in risk of severe COVID-19. *Nature Genetics*, 13 January 2022 // <https://www.nature.com/articles/s41588-021-00996-8>
39. S. Pääbo et al. – A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science*, **328**, 5979, 7 May 2010, pp. 710 – 722 // <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5100745/>
40. A. Anderson – Neandertal Genome Points to Human-Neandertal Interbreeding. *GenomeWeb News*, 7 May 2010 // <https://www.genomeweb.com/sequencing/neandertal-genome-points-human-neandertal-interbreeding#.YSvjLY4za00>
41. G. D. Posnik et al. – Punctuated bursts in human male demography inferred from 1,244 worldwide Y-chromosome sequences. *Nature Genetics*, **48**, 25 April 2016, pp. 593 – 599 // <https://www.nature.com/articles/ng.3559>
42. A. Bergström et al. – Insights into human genetic variation and population history from 929 diverse genomes – *Science*, **367**, 6484, 20 March 2020 // <https://science.sciencemag.org/content/367/6484/eaay5012>
43. E. Boaretto et al. – The absolute chronology of Boker Tachtit (Israel) and implications for the Middle to Upper Paleolithic transition in the Levant. *PNAS*, **118**(25), 22 June 2021 // <https://www.pnas.org/content/118/25/e2014657118.short>
44. S. Condemi et al. – Blood groups of Neandertals and Denisova decrypted. *PLOS ONE*, 28 July 2021 // <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0254175>
45. M. P. Cox – Multiple Deeply Divergent Denisovan Ancestries in Papuans. *Cell*, **177**, Issue 4, 10 April 2019, pp. 1010 – 1021 // [https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(19\)30218-1.pdf](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(19)30218-1.pdf)
46. D. Reich et al. – Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature*, **468**, 22 December 2010, pp. 1053 – 1060 // <https://www.nature.com/articles/nature09710>
47. Dongju Zhang et al. – Denisovan DNA in Late Pleistocene sediments from Baishiya Karst Cave on the Tibetan Plateau. *Science*, **370**, 6516, 30 October 2020, pp. 584 – 587 // <http://science.sciencemag.org/content/370/6516/584>
48. D. D. Zhang et al. – Earliest parietal art: hominin hand and foot traces from the middle Pleistocene of Tibet. *Science Bulletin*, 10 September 2021 // <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2095927321006174>
49. Tin Htut Aung et al. – Paleolithic Zooarchaeology in Myanmar. A Review and Future Prospects. *Journal of Indo-Pacific Archaeology*, **39**, 2015, pp. 50 – 56 // https://www.researchgate.net/publication/283220445_Palaeolithic_Zooarchaeology_in_Myanmar_A_Review_and_Future_Prospects

50. M. Hajdinjak et al. – Reconstructing the genetic history of late Neanderthals. *Nature*, **555**, 21 March 2018, pp. 652 – 656 // <https://www.nature.com/articles/nature26151>
51. H. Rougier et al. – Neanderthal cannibalism and Neanderthal bones used as tools in Northern Europe. *Scientific Reports*, 6 July 2016 // <https://www.nature.com/articles/srep29005>
52. T. Deviese et al. – Direct dating of Neanderthal remains from the site of Vindija Cave and implications for the Middle to Upper Paleolithic transition. *PNAS*, **114**(40), 3 October 2017, pp. 10606 – 10611 // <https://www.pnas.org/content/114/40/10606>
53. M. C. Stiner et al. – Klissoura Cave 1 and the Upper Paleolithic of Southern Greece in Cultural and Ecological Contexts. *Eurasian Prehistory*, 7(2), January 2010 // https://www.researchgate.net/publication/235767305_Klissoura_Cave_1_and_the_Upper_Paleolithic_of_Southern_Greece_in_Cultural_and_Ecological_Contexts
54. E. Heyer et al. – Genetic diversity of four Filipino negrito populations from Luzon: comparison of male and female effective population sizes and differential integration of immigrants into Aeta and Agta communities. *Human Biology*, **85**(1 – 3), Feb-Jun 2013, pp. 189 – 208 // <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24297226/>
55. M. Larena et al. – Philippine Ayta possess the highest level of Denisovan ancestry in the world. *Current Biology*, **31**(19), 12 August 2021, pp. 4219 – 4230 // [https://www.cell.com/current-biology/fulltext/S0960-9822\(21\)00977-5](https://www.cell.com/current-biology/fulltext/S0960-9822(21)00977-5)
56. A. Timmermann – Quantifying the potential causes of Neanderthal extinction: Abrupt climate change versus competition and interbreeding. *Quaternary Science Reviews*, 238, 15 June 2020 // <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0277379120302936>
57. Н. Е. Белоусова, Е. П. Рыбин – Новая схема культурно-стратиграфического членения ранневерхнепалеолитических отложений стоянки Кара-Бом (на основе пространственного анализа и данных ремонтажа). *Вестник НГУ, История, филология*, **12**(7), 2013, сс. 64 – 76 // <https://vestnik.nsu.ru/historyphilology/files/7ad7acba885560f4e6fc4ced003066ef.pdf>
58. M. Hajdinjak et al. – Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. *Nature*, **592**, 07 April 2021, pp. 253 – 257 // <https://www.nature.com/articles/s41586-021-03335-3>
59. J. N. Wilford – Fossil Teeth Put Humans in Europe Earlier Than Thought. *The New York Times, Science*, 2 November 2011 // <https://www.nbcnews.com/science/science-news/tooth-offers-evidence-modern-humans-reached-europe-earlier-previously-thought-n1204401>
60. K. Prüfer et al. – A genome sequence from a modern human skull over 45,000 years old from Zlatý kůň in Czechia. *Nature Ecology & Evolution*, **5**, 07 April 2021, pp. 820 – 825 // <https://www.nature.com/articles/s41559-021-01443-x>
61. Climate of Myanmar. *Britannica* // <https://www.britannica.com/place/Myanmar/Languages>
62. X. L. Zhang et al. – The earliest human occupation of the high-altitude Tibetan Plateau 40 thousand to 30 thousand years ago. *Science*, **362**, 6418, 30 November 2018, pp. 1049 – 1051 // <https://nplus1.ru/news/2018/11/29/Tibet-site>
63. L. Shackelford – Additional evidence for early modern human morphological diversity in Southeast Asia at Tam Pa Ling, Laos. *Quaternary International*, **466**, Part A, 1 February 2018, pp. 93 – 106 // <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1040618215302731>
64. A.-M. Bacon et al. – The Late Pleistocene Duoi U’Oi cave in northern Vietnam: palaeontology, sedimentology, taphonomy and palaeoenvironments. *Quaternary Science Reviews*, **27**, Issues 15 – 16, August 2008, pp. 1627 – 1654 // <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0277379108001145>
65. Lenggong Valley (Malaysia). *UNESCO World Heritage Centre – World Heritage List*, No 1396, 2010 // <https://whc.unesco.org/document/152564>
66. С. Дробышевский – Салхит – денисовец или сапиенс? *Антропогенез.РУ*, 02.02.2019 // <https://antropogenez.ru/single-news/article/761/>
67. D. Massilani et al. – Denisovan ancestry and population history of early East Asians. *Science*, **370**, 6516, 30 October 2020, pp. 579 – 583 // <https://www.science.org/doi/abs/10.1126/science.abc1166>
68. Е. Кунин – Логика случая. О природе и происхождении биологической эволюции. Москва, «Издательство Центрполиграф», 2014, 760 с.
69. R. A. Fisher – *The Genetical Theory of Natural Selection*. Oxford, Clarendon Press, 1930, 272 p.
70. 2010 Census of Population and Housing. Republic of the Philippines. National Statistics Office, Manila // https://psa.gov.ph/sites/default/files/PHILIPPINES_FINAL%20PDF.pdf
71. Отец – денисовец, мать – неандерталка. *Новости сибирской науки*, ИАЭТ СО РАН, 22.08.2018 // <https://archaeology.nsc.ru/otets-denisovets-mat-neandertalka/>
72. Через тысячелетия до нас дошел свет улыбки денисовской девочки. *Новости сибирской науки*, ИАЭТ СО РАН, 23.12.2019 // <http://www.sib-science.info/ru/institutes/cherez-tysyacheletiya-do-21122019>
73. V. Slon et al. – The genome of the offspring of a Neanderthal Mother and Denisovan father. *Nature*, **561**, 22 August 2018, pp. 113 – 116 // <https://www.nature.com/articles/s41586-018-0455-x>

74. B. Foster – Neanderthal and Denisovan blood groups deciphered – NovLink. *Packaging News Online*, 20 September 2021 // <https://packagingnewsonline.com/neanderthal-and-denisovan-blood-groups-deciphered-novlink/>
75. S. Condemi et al. – Possible Interbreeding in Late Italian Neanderthals? New Data from the Mezzena Jaw (Monti Lessini, Verona, Italy). *PLOS ONE*, **9**(1), 27 March 2013 // <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0059781>
76. K. Prüfer et al. – The complete Genome Sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature*, **505**, 18 December 2013, pp. 43 – 49 // <https://www.nature.com/articles/nature12886>
77. C. Posth et al. – Deeply divergent archaic mitochondrial Genome provides lower Time Boundary for African Gene Flow into Neanderthals. *Nature Communications*, **8**(16046) 04 July 2017 // <https://www.nature.com/articles/ncomms16046>
78. M. Meyer et al. – A mitochondrial Genome Sequence of a Hominin from Sima de los Huesos. *Nature*, **505**, pp. 403 – 406, 04 December 2013 // <https://www.nature.com/articles/nature12788>
79. M. Meyer et al. – Nuclear DNA Sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature*, **531**(735), March 2016, pp. 504 – 507 // <https://www.nature.com/articles/nature17405>
80. M. Petr et al. – The evolutionary history of Neanderthal and Denisovan Y chromosomes. *Science*, **369**, 6511, 25 September 2020, pp. 1653 – 1656 // <https://www.science.org/doi/10.1126/science.abb6460>

Москва,
20.01.2022

Ю. И. Лобановский