

# Структура русского генофонда

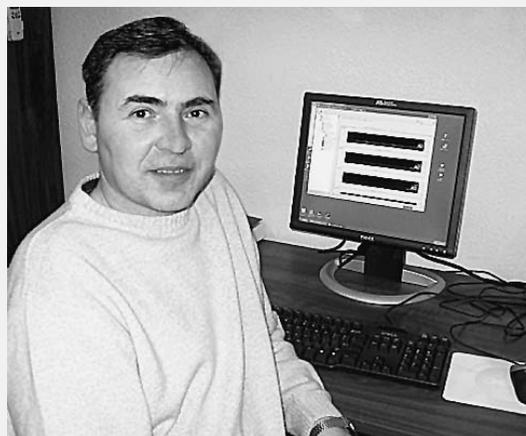
Б.А.Малярчук, М.В.Деренко

## Немного славянской истории

Прежде чем рассказать о результатах исследования структуры русского генофонда, напомним — буквально в нескольких словах — историю славян. Эту самую многочисленную группу народов в Европе принято делить на западных славян, южных и восточных. К западным относят поляков, чехов, словаков и лужичан; к южным — болгар, сербов, хорватов, словенцев, македонцев, боснийцев, черногорцев, а к восточной — русских, украинцев и белорусов. Вполне естественно, что вопросами происхождения славян занимаются многие ученые разных специальностей: историки, археологи, языковеды, этнографы, антропологи и др. Делаются попытки восстановить этническую историю народов по предметам материальной культуры, на основании языка и письменности, по физическим типам людей.

Совокупность полученных данных приводит исследователей к разным гипотезам, которые можно разделить на две диаметрально противоположные по смыслу группы. По гипотезам одной группы, славянские народы произошли от общих предков; в соответствии с гипотезами другой группы, предки у нынешних славянских народов были разные, т.е. они не связаны общностью происхождения.

Сейчас в славянской группе народов, как, впрочем, и любых



**Борис Аркадьевич Малярчук**, доктор биологических наук, заведующий лабораторией генетики Института биологических проблем Севера Дальневосточного отделения РАН (Магадан). Область научных интересов — методы молекулярной генетики в решении проблем происхождения народов, этногенез славян, молекулярная филогеография.



**Миромила Васильевна Деренко**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник того же института. Научные интересы включают методы молекулярной генетики в решении проблем происхождения народов, этногенез народов Сибири, молекулярную филогеографию.

© Малярчук Б.А., Деренко М.В., 2007

**АНТРОПОЛОГИЯ**

других, виден результат их длительной истории. Поэтому и не удивительно, что современные славяне антропологически неоднородны и даже принадлежат к разным ветвям европеоидной расы. Признаки, характеризующие отдельные славянские группы, проявляются и у соседних народов. Причину тому исследователи видят в расселении древних славян на обширных территориях Европы, интенсивнее всего проходившем в VI—VII вв. [1]. В новых местах они контактировали с разными народами: с германцами на западе, с фракийцами, кельтами, иллирийцами на юге, с иранцами и финно-уграми на востоке, с балтами на севере. Естественно, что инородцы воздействовали на славян и со временем внесли собственные черты в их антропологический облик.

По археологическим и лингвистическим данным, прародиной славянских народов был Северокарпатский регион, включавший Галицию, Волинь и Подолье, откуда и началось продвижение по Европе. В VII—VIII вв., по мнению В.О.Ключевского, славяне восточной ветви, занимавшие северо-восточные склоны Карпат, стали продвигаться на восток и северо-восток Европы под натиском аваров [2].

Уже ко времени переселения славян в Восточную Европу соотношение исходных антропологических компонентов в их группах могло отличаться. По мере же освоения восточноевропейских территорий в разных направлениях все более проявлялся полиморфизм (разнообразие сочетаний антропологических признаков), обусловленный смешением с местным населением. Например, по комплексу расово-диагностических признаков белорусы и русские сходны с северо-западными народами (т.е. сказывается финно-угорское и летто-литовское влияние), а украинцы — с южными (из-за иранского и романского влияния) [3].

Становление государственности на Руси, очевидно, в небольшой степени способствовало межэтническим взаимодействиям в пределах европеоидной расы. Свой вклад в метисацию внесло и освоение новых земель на востоке Евразии, где славянское население соприкасалось с монголоидным. В Восточной Европе Русь расширялась за счет колонизации северо-восточных территорий; там строились русские города и заставы, заселяемые восточными славянами «из разных мест, из разных племен». Поэтому славянское население Руси издревле различалось антропологически. Продвигаясь из Руси древней, юго-западной, в Русь новую, северо-восточную, оно смешивалось с автохтонным балтским и финно-угорским населением.

Историки полагают, что в Восточной Европе до IX в. существовали два территориальных массива славян — юго-западный и псковско-новгородский, объединение которых привело к созданию Древнерусского государства [4]. Таким образом, исторические сведения, археологические и лингвистические данные свидетельствуют об антропологической гетерогенности исходного населения, ставшего основой русского народа. Действительно, обобщенный картографический анализ антропологических данных выявляет в составе русского населения три «ядерные структуры» — восточную, центральную и западную. Первая сформировалась на основе дославянского субстрата, вторая — за счет длительной метисации, третья — за счет исходного заселения славянским народом [5].

Такой, в весьма кратком изложении, вырисовывается история славянских народов, и русского в том числе, на основе археологических, лингвистических и антропологических сведений. Подтверждается она, подвергается исправлениям или вовсе отвергается результатами генетических исследований, активно про-

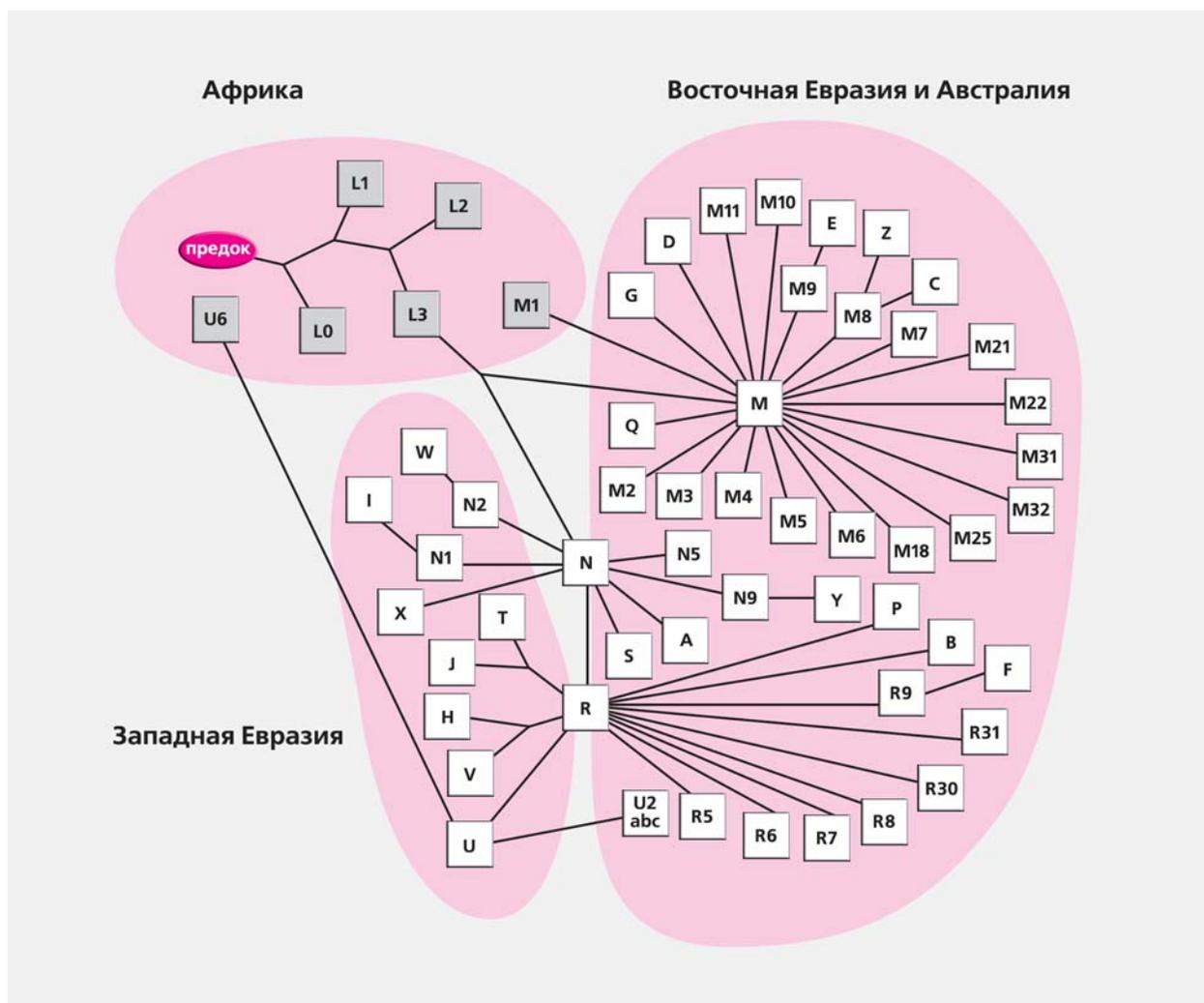
водимых в последние десятилетия? Чтобы ответить на этот вопрос, приведем здесь собственные сведения по молекулярной антропологии русского народа.

**Родительские линии ДНК в генофонде русских**

Этническое своеобразие любого народа обусловлено генетическими процессами, которые сиюминутно внешне себя ничем не проявляют. Но о них можно узнать, оценив сходства и отличия в детальном строении ДНК — митохондриальной (мтДНК), которая, напомним, наследуется по материнской линии, и Y-хромосомы, наследуемой по отцовской линии. Сейчас в мире уже существуют богатые базы данных, содержащие сведения о последовательности нуклеотидов в этих молекулах, на их основе строятся филогенетические деревья. Относительно недавно, в последние 10—20 лет, возникла даже самостоятельная научная дисциплина — молекулярная антропология. Ее объектами и служат мтДНК и Y-хромосома, а конечной целью — генетическая история того или иного народа. Число исследований такого рода растет с каждым годом, мы тоже применяем молекулярно-генетический подход для изучения структуры геномов разных этносов, чтобы узнать их истоки [6].

Реконструировать процессы, которые приводят к формированию генофондов популяций, этнических групп и этнорасовых общностей, выяснить, как они распределялись пространственно за время их истории, можно с использованием больших массивов данных об изменчивости ДНК. Что касается евразийских народов, то в современный анализ филогеографической изменчивости\* ДНК во-

\* Филогеографическая изменчивость — это распределение вариантов ДНК этноса (популяции, группы) за время существования в определенном географическом пространстве.



Филогенетическое дерево митохондриальной ДНК человека.

влечены много тысяч человек из различных стран и регионов. По этим вполне представительным статистическим выборкам в линии мтДНК удалось выделить монофилетические группы и подгруппы, а затем реконструировать последовательность ее эволюционных изменений.

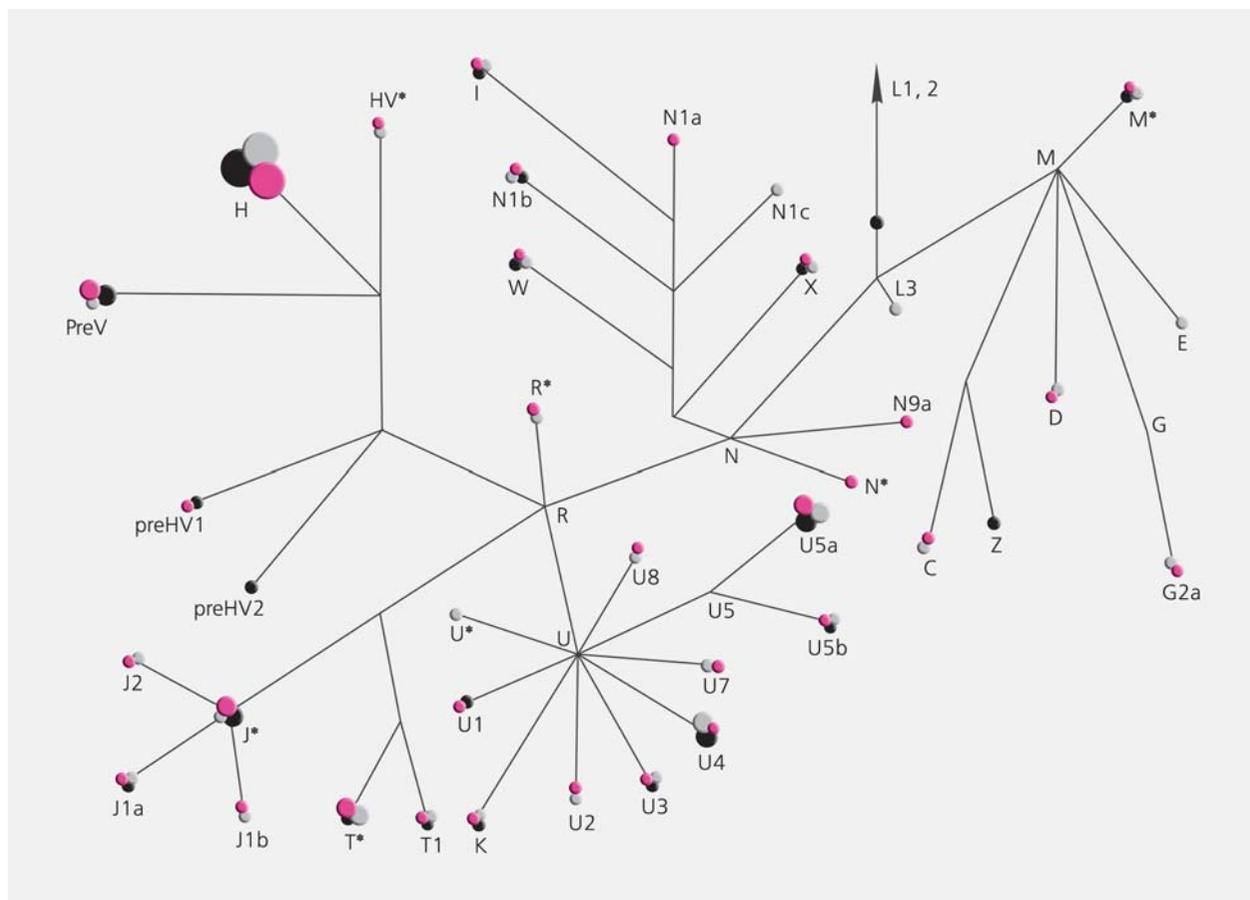
На сегодня уже установлено, какие митохондриальные линии присущи населению Западной и Восточной Евразии, Африки, Австралии и Америки. По современным представлениям, все евразийские группы мтДНК входят в состав трех макрогрупп — М, N и R, которые произошли примерно 65 тыс. лет назад из африканской ми-

тохондриальной группы L3. Важно, что распределение линий мтДНК в генофонде населения Евразии характеризуется выраженной этнорасовой специфичностью. Например, генофонды народов западной и восточной частей Евразии различаются кардинально. Почти все линии мтДНК корейцев и бурят относятся к набору восточно-евразийских групп — А, В, С, D, F, G, M7, M8a, M9, M10, M11, Y, Z, N9a, R9. Европейцам же свойственны группы Н, HV\*, pre-V, T, J, K, U2, U3, U4, U5, U8, N1a, I, W и X. В другой части Евразии, в северной, судя по полученным к настоящему времени данным, лишь в краевых попу-

ляциях почти полностью преобладают митохондриальные линии одного этнорасового происхождения — монголоидного или европеоидного. Огромная же по протяженности территория (от Алтае-Саянского нагорья до Восточно-Европейской равнины) представляет собой древнюю контактную зону. Именно в ней проходил расогенез за счет межрасового смешения.

В начале 90-х годов мы занялись исследованием этнической истории русского народа, для чего изучали вариативность материнских и отцовских линий ДНК, т.е. мтДНК и Y-хромосомы. Чтобы выявить измен-

## АНТРОПОЛОГИЯ



Структура митохондриального генофонда русских и еще двух славянских народов — поляков и боснийцев. Кластеры (группы и подгруппы) мтДНК обозначены буквами; розовыми кружками (их размер пропорционален частоте гаплотипа мтДНК) даны кластеры русских, серыми — поляков, черными — боснийцев.

чивость мтДНК в популяциях, использовали комбинированный прием: анализировали рестриционный полиморфизм\* фрагментов кодирующих районов и изменчивость нуклеотидных последовательностей некодирующих гипервариабельных участков. В результате выяснилось, что митохондриальный генофонд русского населения характеризуется высоким разнообразием, но встречались и общие группы. Наиболее частыми из них были H, U, T и J — те же группы, которые широко распространены в генофондах дру-

\* Имеются в виду различия в наборах участков мтДНК, возникающих при ее расщеплении (рестрикции) специальными ферментами. В данном случае расщеплению подвергали не всю мтДНК, а только кодирующие участки.

гих европейских народов. Монголоидная примесь у русских оказалась незначительной — около 1.5%, причем ее составляли группы мтДНК (C, D, M\*, G2a, N9a) восточноевразийского происхождения.

Необходимо было попытаться выяснить истоки разнообразия мтДНК у русских, понять, не следствие ли это особенностей формирования славянского этноса. Поэтому мы посмотрели, как распределяются гаплотипы мтДНК в европейских популяциях: русских, поляков, боснийцев, словенцев, финнов, французов, немцев. Судя по результатам этого филогеографического анализа, митохондриальные генофонды европейцев имеют общие черты. Маркеры же, которыми одни этнические

группы и общности отличаются от других, представлены, как правило, комбинациями редких подгрупп и отдельных гаплотипов мтДНК. Следовательно, существует единый генетический субстрат, на основе которого развивались генофонды западных и восточных славян, а также их соседей — германцев и западнофинских народов (эстонцев и финнов) [7]. Отдельные митохондриальные линии этого субстрата попали и в генофонд народов, населявших юг Европы и Балканы (по-видимому, в основном в процессе славянских миграций). Об этом можно судить, приняв во внимание тот факт, что южнославянские популяции отличаются генетически от их соседей — греков, албанцев и итальянцев [8].

Основываясь на данных об изменчивости мтДНК, мы попытались выяснить, что стало с этой молекулой при дифференциации славян на восточных, западных и южных [9]. Кроме того, посмотрели, как оказалось такое разделение на генофондах соседних популяций Европы и Западной Азии. Оказалось, что между разными группами славян существуют не только антропологические, но и генетические различия. Их сила определяется в значительной мере степенью метисации с тем дославянским населением, которое существовало в пределах современного этнического ареала славян. Кроме того, сказывается и интенсивность, с которой они взаимодействовали с соседними народами. Последний вывод следует из того, что соседи русских, западнофинские популяции, характеризуются относительно высоким генетическим сходством с русскими, германские популяции — с западными славянами, а балканские — с южными. Проще говоря, в молекулах мтДНК соседей запечатлены характерные славянские черты — признак тесного взаимодействия пришлых и местных народов. Из всех этих результатов напрашивается вывод о единстве происхождения славян, центральное положение среди которых принадлежит западным группам. Иначе говоря, генофонд западных славян включает максимальное число типов мтДНК, встречающихся как у восточных, так и у южных славян, хотя между этими двумя группами нет высокого генетического сходства. По всей видимости, можно предположить, что генофонд западных славян ближе к исконно славянскому, но это пока всего лишь предположение.

Другая генетическая система, изменчивость которой теперь активно изучается в филогеографических исследованиях, — это нерекombинирующая часть Y-хромосомы. С ее помощью можно составить представ-

ления о распространенности в популяциях тех или иных маркеров, которые, как и в мтДНК, несут информацию о генетической истории этнорасовых групп человека.

В своих исследованиях мы тоже анализировали изменчивость Y-хромосомы, изучая разнообразие ее линий в русских популяциях. Для этого использовали биаллельные SNP-локусы\* ее ДНК, так как вариантами их полиморфизма определяется топология филогенетического дерева Y-хромосомы. Было проведено исследование около 400 индивидуальных препаратов ДНК русского населения из восьми областей — Белгородской, Орловской, Тульской, Калужской, Владимирской, Нижегородской, Ярославской и Псковской.

В результате выяснилось, что мужской генофонд русских представлен 14 группами Y-хромосомы (P\*, R1\*, R1a, N\*, N3, BR\*, C, F\*, G, I, J, H, E, K\*). Однако большинство линий (80%) относятся лишь к трем из них — R1a, I и N3. Наиболее интересными представляются группы R1a и N3, поскольку в Европе первая маркирует славянские народы, а вторая распространена с наибольшей частотой (более 50%) у финно-угорского и балтского населения Северной и Восточной Европы и практически отсутствует в генофондах западных и южных европейцев, включая славян [10]. Там, где славяне соседствуют с другими этническими общностями, в ДНК Y-хромосомы последних резко снижается частота встречаемости R1a [10, 11]. Так, например, характеризуются немцы, живущие в приграничных с поляками или с сорбами (лужицкими сорбами, или лужичанами) районах.

В генофонде русских частота встречаемости N3 варьирует

\* SNP (Single Nucleotide Polymorphism — однонуклеотидный полиморфизм)-локусы — это участки ДНК, которые отличаются один от другого единичной нуклеотидной заменой, например: GTAC и GCAC.

в широком диапазоне: от 5% в Калужской обл. до 35% в Псковской. Это свидетельствует об отличающейся степени взаимодействия между славянским и финно-угорским/балтским населением в разных частях восточноевропейского ареала русских. Из проанализированных нами образцов Y-хромосомы лишь в псковской и поморской (этнографической группы русского населения Архангельской обл.) популяциях частота гаплогруппы N3 оказалась сопоставимой с той, что характеризует финно-угров и балтов [12].

Примечательно, что более тонкими исследованиями полиморфизма Y-хромосомы можно различить две группы в N3 — «балтскую» и «финно-угорскую» [13]. Нам удалось это сделать по результатам анализа 12 STR-локусов\*\*, которые эволюционируют с более высокой скоростью, чем упомянутые биаллельные SNP-локусы. Оказалось, что высокая частота гаплогруппы N3 в псковской популяции обусловлена преимущественно «балтскими» вариантами Y-хромосомы (их доля составляет 64%). В генофондах русского населения центральных и южных областей европейской части России преобладают (в среднем до 80%) N3-варианты Y-хромосомы, характерные для финно-угорского населения Восточной Европы.

Итак, у славянских народов набор маркеров в ДНК Y-хромосомы сходен. Но, что важно, существующие отличия славян от соседей (германцев на западе Европы; греков, албанцев и итальянцев на юге; финно-угорского населения на востоке Европы) по Y-хромосоме гораздо заметнее, чем по линиям мтДНК [10, 12].

\*\* STR-(Short Tandem Repeats — короткие тандемные повторы)-локусы — это относительно короткие (до 6 пар нуклеотидов) участки ДНК, расположенные в молекуле в виде блоков из повторяющихся последовательностей. Иначе STR-локусы называют микросателлитными последовательностями ДНК.

## Дифференциация родительских линий ДНК

Наиболее информативен для исследований судьбы этносов анализ генетической дифференциации популяций по данным об изменчивости мтДНК и Y-хромосомы. Результаты такого рода анализа позволяют составить представление о том, как распространялись материнские и отцовские линии ДНК в процессе экспансии народов. Хороший пример в этом отношении — русские, освоившие за последние почти полторы тысячи лет обширные пространства Евразии.

Мы изучили мтДНК и Y-хромосомы в 10 популяциях русского населения Восточной Европы: от Ставропольского края на юге до Псковской обл. на севере и от Орловской обл. на западе до Нижегородской на востоке. Кроме собственных результатов, мы привлекли в анализ данные о поморской, костромской, ростовской и курской популяциям, полученные другими научными коллективами.

В итоге выяснилось, что по отцовским линиям русское население отличается в значительно большей степени, чем по материнским. Так, коэффициент дифференциации  $F_{ST}^*$  Y-хромосомы составляют 3.1%, в то время как мтДНК — лишь 0.42%, т.е. различаются почти на порядок. Примечательно в этих коэффициентах еще одно: по Y-хромосоме у русских они существенно ниже, чем в Европе в целом (там их величина достигает 7.04%), а по митохондриальным линиям не отличаются (0.42% и 0.41%).

Хотя в популяциях русского населения различия в распределении материнских линий ДНК не очень высоки, статистическим анализом нам удалось вы-

явить две ветви — юго-западную и северо-восточную. Каждая из них образует кластер с другими европейскими популяциями. Так, юго-западная ветвь мтДНК входит в кластер материнских линий, свойственных народам Центральной Европы, — как западнославянским (например, полякам), так и балтским (литовцам), а также некоторым финно-угорским (эстонцам). Северо-восточная ветвь мтДНК русских проявляет сходство с мтДНК финно-угорских и других народов Восточной Европы (финнов, карелов, марийцев, татар, адыгейцев).

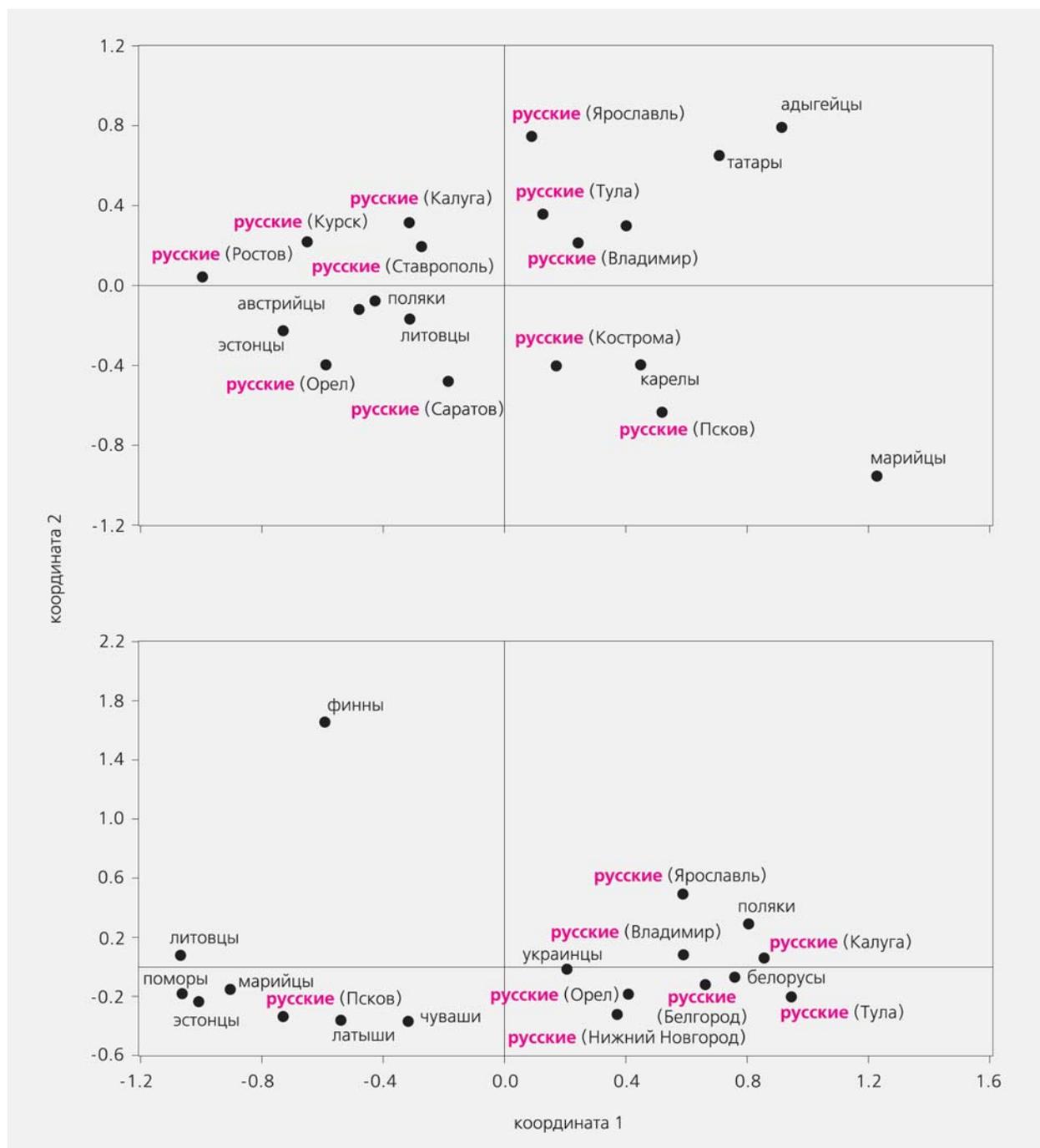
Результаты анализа  $F_{ST}$ -дистанций, полученных на основании полиморфизма биаллельных локусов Y-хромосомы, также свидетельствуют о гетерогенности русских популяций. Однако картины дифференциации по мтДНК и Y-хромосоме не совпадают. В сравнительном анализе использовались литературные данные [10] об изменчивости Y-хромосомы украинцев, белорусов, литовцев, латышей, эстонцев, финнов, марийцев и чувашей, т.е. соседних с русскими этнических групп. Собственные сведения о полиморфизме Y-хромосомы русского населения в Восточной Европе мы дополнили также данными об изменчивости этой хромосомы у поморов [14]. Из анализа всей совокупности ее характеристик следует, что лишь псковская и поморская популяции проявляют выраженное сходство с финно-угорскими и балтскими народами Северной и Восточной Европы. Подавляющее же большинство русских популяций по особенностям генетических структур образуют единый кластер вместе с такими славянскими народами, как поляки, украинцы и белорусы. У всех у них высока частота группы R1a, а группа N3 встречается с умеренной или даже низкой частотой. Эти же группы Y-хромосомы в псковской и поморской популяциях встречаются в обратной пропорции

(как у финно-угорских и балтских народов): частота N3 повышена, а R1a — понижена.

Таким образом, результаты комбинированного анализа позволяют заключить, что в русских популяциях центрально-европейский генетический компонент как материнского, так и отцовского происхождения выражен по-разному. Этот компонент преобладает лишь в южной и западной частях восточноевропейского ареала русских. В центре и на востоке ареала начинают доминировать восточноевропейские линии мтДНК. И только в некоторых популяциях северной части ареала русских комбинация линий мтДНК и Y-хромосомы та же, что у финно-угорского населения. Выявленная картина генетической дифференциации современных русских, по-видимому, отражает процессы, обусловленные межэтническим взаимодействием в ходе формирования русского народа начиная с эпохи средневековья.

Итак, мы выяснили молекулярно-генетическую структуру русского генофонда, правда, пока лишь в считанном количестве популяций. В целом она согласуется с результатами картографического анализа антропологических данных, ставшими основой гипотезы об истории формирования русского народа. Судя по всему, лишь на западе этнической территории русские представляют собой генетических потомков славян, в центральной части русский этнос сформировался за счет смешения славян и дославянского финно-угорского населения, а на востоке и в северной части ареала произошло только замещение дославянских языков и культуры славянскими [5]. Между тем молекулярно-генетические данные позволили глубже понять причины наблюдаемых генетических и антропологических различий. Исходя из распределения линий мтДНК и Y-хромосомы в русских попу-

\*  $F_{ST}$  — это коэффициент локальной генетической дифференциации, мера генетической подразделенности популяции и одновременно эквивалент инбридинга субпопуляции (S) относительно всей популяции (T).



Расположение европейских популяций в пространстве двух координат. «Карты» построены на основании результатов многомерного шкалирования (одного из методов многомерной статистики) межпопуляционных  $F_{ST}$ -расстояний по данным об изменчивости мтДНК (вверху) и Y-хромосомы. Для анализа использованы также литературные данные [10, 19, 20]. Видно, что по мтДНК русские, живущие в разных областях, не очень значительно отличаются друг от друга, но все же разделяются на юго-западную и северо-восточную зоны. В первой, кроме русских, оказываются некоторые народы из западных славян (поляки), балтов (литовцы) и финно-угров (эстонцы). Во вторую зону вместе с русскими популяциями попадают несколько финно-угорских народов, а также татары и адыгейцы. Расположение популяций по Y-хромосоме отражает своеобразие их мужского генофонда, определяемого, главным образом, высокой частотой группы N3 (61%) и очень низкой (10%) — R1a. Если сравнить обе «карты», становятся очевидными генетические различия между генофондами популяций по мтДНК и Y-хромосоме. Особенно это касается финнов: в первом случае они располагаются среди русских Ярославской, Владимирской и Тульской областей, а по Y-хромосоме занимают обособленное положение [10].

## АНТРОПОЛОГИЯ

ляциях, становится очевидным, что наблюдаемая «трехзональная» картина их дифференциации обусловлена различным участием мужчин и женщин в освоении восточноевропейских территорий. По всей видимости, лишь начальный этап колонизации осуществлялся как мужчинами, так и женщинами (видимо, племенными группами, родами, семьями), а более поздние — преимущественно мужчинами, которые женились на аборигенках.

\* \* \*

Полученная в нашей работе картина генетической дифференциации русского населения Восточной Европы нуждается, конечно, в уточнениях. В связи с этим нужно изучить в дальнейшем изменчивость мтДНК и Y-хромосомы в тех русских популяциях, которые еще не охвачены такими исследованиями. Кроме того, необходимо узнать, каким было генетическое разнообразие древнего восточноевропейского населения в разные периоды его истории, начиная от дославянского.

Как показывают результаты анализа ДНК, генетическая преемственность между древними и современными народами соблюдается отнюдь не всегда, ведь одни народы могли сменяться другими. Например, генофонды неолитического и нынешнего населения Прибайкалья имеют мало общего [15]. На возможную смену этносов в некоторых европейских регионах — Тоскании (Италия) и Стране басков (Испания) — указывают результаты генетических исследований древнего и современного населения [16]. Более того, уже имеются примеры существенных противоречий между наблюдаемыми и ожидаемыми распределениями маркеров мтДНК в палеопопуляциях. Так, у неолитического населения Страны басков не обнаружена митохондриальная группа V. А ведь именно ей придается большое значение, когда, основываясь на распределении групп мтДНК у современных европейцев, моделируют процесс послеледникового заселения Европы выходцами из пиренейского «убежища» [17].

Выявлено и еще одно серьезное несоответствие. У неолитического населения Центральной Европы, ведущего происхождение от «первых европейских фермеров» (носителей переднеазиатской технологии агрокультуры), митохондриальная группа N1a встречается с неожиданно высокой частотой. Современным же европейцам эта группа практически не свойственна и потому никак нельзя было предсказать ее высокую распространенность среди неолитического населения [18].

Приведенные примеры показывают, насколько важна проверка этноисторических моделей, если выявленное генетическое разнообразие современных народов переносится в их прошлое. Выходит, экстраполяции не всегда надежны. Каким был генофонд далеких предков, безошибочно можно судить по результатам исследований ДНК непосредственно древнего населения. И такой анализ вполне возможен, ведь археологами найдено множество останков неолитического времени, пригодных для выделения ДНК. ■

**Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проекты 00-06-80448, 03-04-48162).**

## Литература

1. Алексеева Т.И., Алексеев В.П. Антропология о происхождении славян // Природа. 1989. №1. С.60—69.
2. Ключевский В.О. Сочинения: В 9 т. Т. I. Курс русской истории. Ч.I. М., 1987.
3. Алексеева Т.И. Этногенез восточных славян (по данным антропологии). М., 1973.
4. Янин В.Л., Алешковский М.Х. // История СССР. 1971. №2. С.32—61.
5. Рычков Ю.Г., Балановская Е.В. // Вопр. антропол. 1988. Вып.80. С.3—37.
6. Деренко М.В., Мальярчук Б.А. Генетическая история коренного населения Северной Азии // Природа. 2002. №10. С.69—76.
7. Malyarchuk B.A., Grzybowski T., Derenko M.V. et al. // Ann. Hum. Genet. 2002. V.66. P.261—283.
8. Malyarchuk B.A., Grzybowski T., Derenko M.V. et al. // Ann. Hum. Genet. 2003. V.67. P.412—425.
9. Мальярчук Б.А. // Генетика. 2001. Т.37. №12. С.1705—1712.
10. Rosser Z.H., Zerjal T., Hurler M. et al. // Am. J. Hum. Genet. 2000. V.67. P.1526—1543.
11. Bebar D.M., Thomas M.G., Skorecki R. et al. // Am. J. Hum. Genet. 2003. V.73. P.768—779.
12. Malyarchuk B., Derenko M., Grzybowski T. et al. // Hum. Biol. 2004. V.76. P.877—900.
13. Zerjal T., Beckman L., Beckman G. et al. // Mol. Biol. Evol. 2001. V.18. P.1077—1087.
14. Wells R.S., Yuldasheva N., Ruzibakiev R. et al. // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 2001. V.98. P.10244—10249.
15. Moorer K.P., Schurr T.G., Bamforth F.J. et al. // Am. J. Phys. Anthropol. 2006. V.129. P.349—361.
16. Alzualde A., Izaguirre N., Alonso S. et al. // Ann. Hum. Genet. 2005. V.69. P.665—679.
17. Torroni A., Bandelt H.-J., D'Urbano L. et al. // Am. J. Hum. Genet. 1998. V.62. P.1137—1152.
18. Haak W., Forster P., Bramanti B. et al. // Science. 2005. V.310. P.1016—1018.
19. Orekhov V., Poltoraus A., Zbivotovsky L.A. et al. // FEBS Letters. 1999. V.445. P.197—201.
20. Richards M., Macaulay V., Hickey E. et al. // Am. J. Hum. Genet. 2000. V.67. P.1251—1276.

## Охрана природы

### Перелетных птиц становится все меньше

Королевское общество защиты птиц (Великобритания) и международная организация «Bird Life» сообщают, что перелетных птиц в небе Африки и Европы стало значительно меньше, а некоторые виды уже исчезли. Всестороннее изучение накопленных с 1970 г. материалов по зимующим и перелетным птицам Европы показало, что это касается более 60 видов.

Вероятнее всего, столь бедственное положение объясняется изменениями окружающей среды в Африке, которые вызваны засухами, расширением площадей под сельскохозяйственную деятельность, использованием пестицидов, опустыниванием территорий. Ситуация усугубляется тем, что в последнее время из-за более раннего прихода весны в Европе период обилия насекомых не совпадает со временем появления птенцов, что приводит к их гибели.

Специалисты призывают Европейский Союз принять срочные меры по защите птиц в соответствии с Конвенцией об охране мигрирующих видов диких животных.

Science et Vie. 2006. №1067. P.30 (Франция).

## Вулканология

### Новый тип вулканизма

«Малое пятно» («Petit spot») — такое название дано новому типу вулканизма, который открыла группа исследователей под руководством Н.Хирано (N.Hirano; Токийский технологический институт, Япония). Речь идет о подводных кратерах, находящихся на глубине 6000 м и удаленных на 800 км к востоку от побережья Японских о-вов. Какими-либо признаками вулканической активности

эта океанская впадина ранее не была отмечена, однако между 2003 и 2005 г. там обнаружены микровулканы, возраст которых оценивается в 8 млн лет. Вероятнее всего, они возникли в результате магматических излияний на поверхность дна океана.

Согласно теории тектоники плит, твердая земная кора (литосфера) перемещается по пластичному слою — астеносфере. Однако в тех случаях, когда вязкая магма астеносферы доходит до состояния плавления, она изливается через трещины в океанической коре и порождает вулканизм «малого пятна».

До настоящего времени были известны три крупных типа вулканизма: аккреционный, когда магма изливается при раздвижении двух плит (как, например, в Исландии); субдукционный, когда одна плита проскальзывает под другую (как в Андах), и вулканизм горячей точки, когда магма поднимается с больших глубин (например, о.Реюньон).

Science et Vie. 2006. №1069. P.32 (Франция).

## Химия

### Косметика Древней Греции

Рецепт, найденный в одном греко-римском документе, свидетельствует: с античных времен греки использовали для окраски седых волос в черный цвет косметические средства, изготавливаемые на основе свинца. Химики Центра исследований и реставрации музеев Франции и исследовательская лаборатория фирмы «L'Oréal Recherche», крайне заинтересованные одной удивительной прописью, которая содержится в записях знаменитого греческого врача К.Галена (II в. н.э.), провели химические анализы и установили, что греки принимали во внимание токсичность этого металла.

Французские исследователи сообщают, что около 2000 лет назад древние греки стали красить волосы смесью из оксида свинца (PbO), гашеной извести (Ca(OH)<sub>2</sub>) и воды. Анализы, проведенные на фармацевтическом факультете Шатне-Малабри (департамент Верхняя Сена) на искусственной коже, показали, что свинец из античной смеси диффундирует из волос очень слабо, в допустимых для здоровья пределах.

Ограничение высвобождения свинца, как оказалось, связано с тем, что кератин (основной белок волос) ставит заслон проникновению металла, способствуя образованию нанокристаллов свинцового блеска (сернистого свинца). Методом электронной микроскопии установлено, что рост нанокристаллов PbS внутри волос во время их окрашивания обусловлен надмолекулярной структурой белка. Анализ позволил понять, как это происходит.

Sciences et Avenir. 2006. №718. P.20 (Франция).

## Экология

### «Инвентаризация» острова

На о.Эспириту-Санто (о-ва Новые Гебриды, юго-западная часть Тихого океана), принадлежащий государству Вануату, недавно высадили «десант» из 160 ученых — представителей 25 стран мира. Они намерены провести биологическую и этнографическую описи этого небольшого острова (по площади равного примерно половине о.Корсика). Планируется детально изучить самые богатые и одновременно самые уязвимые его экосистемы — коралловые рифы и тропические леса. Для этого будут соответственно использоваться океанографический корабль и специальный летательный аппа-