

УДК 577.213/215:17.021.4“712”

В. М. Помораїбо, Н. О. Власенко, О. І. Березан, А. В. Петрушов, І. С. Беседина, Є. А. Починюк, М. М. Мельничук, Я. М. Макаренко  
 Полтавський національний педагогічний університет ім. В. Г. Короленка, м. Полтава

## ДНК-ГЕНЕАЛОГІЯ СУЧАСНОГО ЛЮДСТВА

Результати досліджень структурних особливостей ДНК людей різних регіонів планети підтвердили гіпотезу про африканське походження сучасного людства, яка до цього базувалася лише на палеонтологічних і археологічних даних. Показано, що сучасне людство походить із популяції розміром від 2000 до 10000 особин, яка існувала на території Південно-східної Африки близько 190 тис. років тому. Протягом 100-50 тис. років тому здійснювалася міграція наших далеких предків із Африки та поступове заселення всієї планети. Виявилось також, що неандертальська людина та людина сучасного біологічного типу – споріднені види, які походять від спільного предкового виду. Сучасне людство – єдиний біологічний вид, який складається з великих рас, що виникли на різних континентах під дією різних біологічних, географічних та погодно-кліматичних факторів.

**Ключові слова:** геном, ДНК-маркери, мтДНК, Y-хромосома, автосоми, заміна нуклеотидів, повтори, частота мутацій, популяція, неандертальська людина, раса.

*Робота є фрагментом НДР «Удосконалення природничої та математичної підготовки студентів психолого-педагогічних факультетів вищих педагогічних навчальних закладів України».*

Порівняння геному людини з геномами інших організмів показало, що найбільш спорідненими з нами є людиноподібні мавпи – шимпанзе, горила та орангутанг. Серед них за подібністю геномів найближчим до людини є шимпанзе. За нуклеотидною структурою геному ми відрізняємося лише на 1,2-1,4% [5, 44]. Різні індивідууми сучасної людини теж генетично різняться між собою, але в середньому всього на 0,1% [19, 24]. Виявилось, що за цими показниками представники навіть різних великих рас людини менше різняться між собою, ніж особини однієї популяції шимпанзе (0,24%) [11]. Цікаво, що більшість цих геномних відмінностей не мають пристосувального характеру, тобто, не відіграють ніякою ролі в еволюції людини. Це має місце внаслідок того, що її геном на 98% складається із некодуєчої ДНК [10]. Однак, геномні відмінності дають змогу прослідкувати етапи її еволюції та шляхи розселення по нашій планеті. При цьому беруться до уваги лише ті фрагменти ДНК, за якими відмінності між різними індивідуумами виражені значніше, ніж в середньому по геному. Ці фрагменти можуть відрізнятися за нуклеотидним складом при постійній довжині або за довжиною при випаданні чи вставлянні нуклеотидів. Вони дістали назву ДНК-маркерів. Виявлено два типи мінливості таких маркерів. Перш за все, це заміни поодиноких нуклеотидів (точкові мутації), коли один нуклеотид в ланцюгу ДНК замінюється на інший. Крім того, досить поширеними є тандемні повтори, коли короткі послідовності ДНК (від 2 до понад 10 нуклеотидних пар) багаторазово повторюються підряд. Ці повтори, як правило, наявні в некодуєчих ділянках хромосом. Виявилось, що кількість таких повторів у різних людей досить мінлива. В певному локусі геному однієї людини таких повторів може бути 4, у інших – 20, 40 і більше, внаслідок чого інформативність таких маркерів досить висока [9, 16]. Аналіз ДНК-маркерів дозволяє не лише виявити різьчю мінливість геному людини, а й визначити історичний час появи нових варіантів мінливості на основі швидкості їх здійснення. Так стало відомо, що протягом одного покоління відбувається одна точкова заміна на 10-100 млн. нуклеотидів у залежності від типу ДНК [21]. Такі мутації в ДНК мітохондрій відбуваються швидше, ніж в ДНК ядра – 2-3 на 10 млн. нуклеотидів [13]. Частота мутацій у вигляді тандемних повторів виявилася ще більшою – одна мутація на 1-10 тис. нуклеотидів за покоління [29, 32, 43].

Кожен із цих типів мінливості має свої особливості, які можна пов'язати зі шкалою історичного часу. Мінливість ДНК внаслідок заміни окремих нуклеотидів відбувається досить рідко і тому свідчить про більш віддалені події популяційної історії. Мутації ДНК у вигляді тандемних повторів відбуваються частіше, і тому на їх основі можливий аналіз ближчих до нашого часу етапів еволюції людини [16]. На основі даних про швидкість здійснення мутацій спочатку визначається ступінь відмінностей між геномами людей із різних популяцій, а потім і час їх відмежування від спільного предкового пагона. Рухаючись від геному сучасної людини в зворотному напрямку, можна побудувати філогенетичне дерево *Homo sapiens*, яке дає змогу уявити генетичну історію людства.

Для дослідження використовують різні види ДНК-маркерів, серед яких найбільш вживаними є ДНК-маркери мітохондрій [3] та Y-хромосоми [18], оскільки вони дають змогу прослідкувати історію людини сучасного біологічного типу окремо по жіночій та чоловічій лінії.

Мітохондріальна ДНК (мтДНК) є невеликою молекулою кільцевої форми, яка передається лише по материнській лінії, оскільки мітохондрії наявні тільки в цитоплазмі клітини, а цитоплазма нащадка визначається цитоплазмою яйцеклітини, бо в сперматозоїді цитоплазма практично відсутня. Якщо дві людини мають спільного далекого предка по жіночій лінії, то ступінь відмінностей між їх мтДНК засвідчить, скільки поколінь їх віддаляє від нього. Оскільки Y-хромосома передається лише від батька синам, то дослідження її ДНК дозволяє визначити еволюційний ланцюг по чоловічій лінії. Мутації, які виникли в цій хромосомі, зберігаються і передаються єдиним блоком з покоління в покоління. На відміну від мтДНК Y-хромосома має значно більші розміри, характеризується значнішим поліморфізмом, внаслідок чого може дати більше генетичної інформації. З позицій антропогенезу важливим є також вивчення ДНК, яка зосереджена в решті хромосом і успадковується як по материнській, так і по батьківській лініях, бо вона містить маркери комбінативної мінливості [2].

Походження та розселення людини сучасного біологічного типу. Молекулярно-генетичні дослідження аборигенів різних регіонів світу показали, що найзначніша різноманітність мтДНК спостерігається в Південній Африці. До того ж, там були виявлені такі типи ДНК, які більше ніде не зустрічаються, і за нуклеотидним складом є найбільш давніми. МтДНК аборигенів інших континентів виявила меншу різноманітність, а порівняння її з мтДНК аборигенів Південної Африки засвідчило, що ці популяції виникли в результаті мутаційних змін африканців по мірі розселення людства за межі Африки [8, 12, 31, 39, 41, 45].

Дослідження ДНК-маркерів дало змогу відтворити міграційні процеси не лише далеких тисячоліть, а й останніх століть. Наприклад, здійснення великих географічних відкриттів у середині минулого тисячоліття сприяло метисації між європейцями та аборигенами інших континентів. Оскільки тоді на кораблях мандрували тільки чоловіки, то у сучасних аборигенів, наприклад Полінезії, виявлено 27% типів Y-хромосоми, характерної для європейців [14, 17]. Найбільш зручною для молекулярно-генетичних досліджень, а у випадку наявності лише кісткових решток викопних людей і єдино можливою, є мтДНК. По-перше, різні за набором генів її типи не здатні до рекомбінації в процесі гаметогенезу. По-друге, кожна клітина містить велику кількість копій мтДНК (від кількох сотень до кількох тисяч) порівняно з поодинокими копіями хромосомних генів. По-третє, мтДНК характеризується високим ступенем мутабільності. По-четверте, вона забезпечує материнський тип успадкування. І нарешті, кільцева форма її молекули забезпечує стійкість до руйнування, яке найчастіше починається з вільного кінця молекули [30]. Все це дає підстави з великою достовірністю стверджувати, що всі сучасні різновиди мтДНК є похідними від одного єдиного давнього її прототипу, який був характерним для невеликої групи вихідців із Африки (рис. 1). Можна припустити, що в прадавній популяції цих людей кілька жінок мали більше дітей, ніж решта. Тоді в наступному поколінні якраз їх мтДНК зустрічалася частіше. Дочки та внучки цих жінок своїм дітям теж передавали ці типи мтДНК, внаслідок чого із покоління в покоління популяційна частота цих типів мтДНК зростала, а частота інших типів – зменшувалася. Нарешті, внаслідок такого дрейфу генів, міг настати момент, коли в популяції залишилися лише нащадки певної єдиної жінки (рис. 2) [23]. Звичайно, мтДНК сучасних людей, внаслідок мутацій протягом тривалого часу, суттєво відрізняється від мтДНК тієї початкової жінки. Крім того, інші жінки та чоловіки цієї первинної популяції, в результаті рекомбінації хромосом у процесі утворення гамет, здійснили свій внесок в генофонд своїх нащадків, бо геном людини, крім мтДНК, містить ДНК хромосом. До того ж кількість мтДНК мізерно мала порівняно з усією ДНК геному людини. Вона містить всього 16,5 тис. нуклеотидів, тоді як ДНК хромосом – близько 3 млрд [6]. Таким чином, геном кожної сучасної людини є мозаїкою генів більшості членів первинної популяції мігрантів із Африки [25]. За кожним таким геном можна побудувати генеалогічний ланцюг в далеке минуле, але вони приведуть до різних предків [1, 34, 42]. Подібні закономірності характерні і для Y-хромосоми, більша частина якої, як і мтДНК, не здатна до рекомбінації, внаслідок чого мінливість ДНК цієї хромосоми теж зазнає впливу стохастичних процесів. Цікаво, що наш початковий предок по чоловічій лінії теж африканець, але виявився за історичним часом ближче до нас, ніж жіночий предок [37]. Пояснюється це тим, що протягом історії людства кількість чоловіків була завжди менша порівняно з жінками через більшу чоловічу смертність та усунення фізично слабкіших чоловіків від процесу розмноження. Африканське

походження сучасного людства було підтверджено також результатами аналізу мінливості маркерів інших хромосом [36, 42].

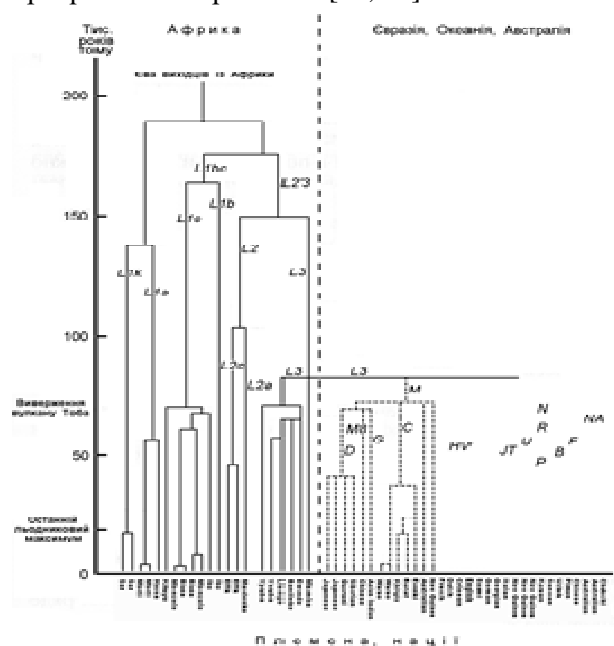


Рис. 1. Фрагмент генеалогічного дерева людства на підставі аналізу мінливості мтДНК (за С. Оппенгеймером [23]; латинськими літерами та цифрами позначені лінії основних варіацій мтДНК-маркерів).

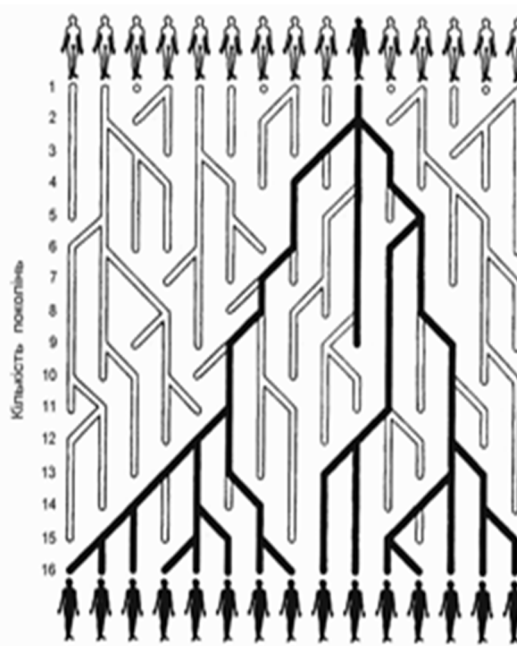


Рис. 2. Дрейф генів у первинній популяції вихідців із Африки (за С. Оппенгеймером [23]).

Результати дослідження мтДНК кісткових решток понад 20 неандертальців також свідчить на користь гіпотези африканського походження людства і про те, що неандертальці не є предками людей сучасного типу, як вважалося на підставі морфологічного порівняння цих двох видів. Різні зразки неандертальської мтДНК мають спільні структурні відмінності від мтДНК людей сучасного типу, які виходять за межі внутрішньовидової різноманітності цих останніх [20]. Крім того виявилось, що геноми неандертальців та людини сучасного типу ідентичні на 99,5% [22]. Це свідчить про те, що неандертальська людина є окремим, хоча і спорідненим з нами видом через спільного предка, який існував приблизно в період 800-300 тис. років тому. Лінії людини неандертальської та людини розумної виокремилися близько 370 тис. років тому, ще до появи людини сучасного біологічного типу, яке відбулося близько 190 тис. років тому. При цьому наші первинні предки залишилися в Африці, а предки неандертальців мігрували до Європи та Західної Азії [22].

Еволюція людини неандертальської та людини сучасного типу відбувалася одночасно, але незалежно один від одного, хоча останні приблизно 13 тис. років свого існування неандертальці жили у Європі одночасно з нашими далекими предками і зникли близько 28 тис. років тому [22, 28].

Порівняння результатів секвенування ядерного геному неандертальців та сучасної людини показало, що кілька процентів геному всіх представників сучасного населення за межами Африки має неандертальське походження. Це свідчить про вклад людини неандертальської в наш генофонд внаслідок можливої гібридизації [27, 33, 41].

Таким чином, результати дослідження мінливості мітохондріальних, Y-хромосомних і автосомних ДНК-маркерів підтверджує гіпотезу недавнього африканського походження сучасної людини та свідчить про те, що неандертальці не є її предками.

Дослідження різноманітності ДНК сучасних етносів дало змогу визначити приблизну чисельність тієї прапопуляції, яка дала початок усьому людству. Вона виявилася зовсім невеликою і нараховувала від 2000 до 10000 осіб. На підставі порівняння ДНК-маркерів аборигенів Південної Африки було визначено, що саме тут близько 150-70 тис. років тому почалася інтенсивна генетична диференціація первинної популяції на ряд нових популяцій.

А протягом 100-50 тис. років тому відбувалася поступова міграція частини африканських популяцій спочатку на південну частину Євразії, а згодом і на інші континенти. Аналіз ДНК сучасного населення усіх континентів та островів Тихого океану з урахуванням особливостей та швидкості природного мутаційного процесу в ДНК-маркерах дав змогу прослідкувати шляхи та час розселення наших далеких африканських предків по планеті.

Ці генетичні розрахунки підтверджуються археологічними даними. Наприклад, структура ДНК свідчить, що люди сучасного фізичного типу заселили Європу в період 40-35 тис. років тому. Це підтверджується результатами радіометричного аналізу хімічного складу знахідок в місцях існування цих людей на континенті. Те саме можна сказати і про заселення людьми решти регіонів планети – Азії, Австралії, Північної та Південної Америки [15, 23, 31].

Історія рас сучасного людства. Генетиків, як і антропологів, продовжують цікавити механізми виникнення сучасних людських рас та рівень генетичних відмінностей між ними. Дослідження численної кількості ДНК-маркерів показало, що мінливість людей структурована географічно внаслідок довготривалої дії дрейфу та потоку генів в умовах часткової ізоляції. При цьому індивідууми в межах популяції мають більшу подібність, ніж представники різних популяцій.

Виявлено також, що цілі генні кластери тісно корелюють або з географічним походженням, або із спільним предком. [19, 35]. Припускається, що саме таким чином на різних материках виникли різні раси людей. Сучасна генетика спроможна на підставі аналізу кількох сотень автосомних ДНК-маркерів досить точно ідентифікувати ту чи іншу расу [26]. Однак раси не можуть бути видами, бо генетичні відмінності між ними складають всього не більше 10%, що знаходиться в межах природної мінливості популяцій одного виду організмів [4]. Оскільки генетична мінливість індивідуумів у межах раси чи великого географічного регіону значно менша, ніж між расами, то для визначення етнічної приналежності певної людини необхідно значно більше ДНК-маркерів – принаймні кілька десятків тисяч [7]. Однак у зонах міжрасових і міжетнічних контактів, унаслідок змішування генофондів, цей метод не дасть результатів.

Раси розвивалися незалежно одна від одної, кожна в своїй географічній та погодно-кліматичній зоні. Однак, незважаючи на чіткі генетичні, анатомічні, фізіологічні та інші біологічні відмінності між расами, все сучасне людство з'явилося із єдиного спільного джерела, і до того ж, відносно зовсім недавно.

#### Висновки

1. Етапи виникнення та розселення людини сучасного біологічного типу вдалося прослідкувати за допомогою порівняльного аналізу так званих ДНК-маркерів сучасних людей. Такі маркери є фрагментами ДНК некодуєчої частини геному, яка не має пристосувального значення. При цьому використовують лише такі фрагменти, які за нуклеотидним складом мають індивідуальні відмінності значніші, ніж в середньому по геному. Аналіз ДНК-маркерів дозволяє не лише виявити різочу мінливість геному людини, а й визначити історичний час появи нових варіантів мінливості на основі швидкості їх здійснення. Для дослідження використовують різні види ДНК-маркерів, серед яких найбільш вживаними є ДНК-маркери мітохондрій та Y-хромосоми, оскільки вони дають змогу прослідкувати історію людини сучасного біологічного типу окремо по жіночій та чоловічій лінії.
2. Результати досліджень структурних особливостей ДНК-маркерів людей різних регіонів планети підтвердили гіпотезу про африканське походження сучасного людства, яка до цього базувалася лише на палеонтологічних і археологічних даних. Показано, що сучасне людство походить із популяції розміром від 2000 до 10000 особин, яка існувала на території Південно-східної Африки близько 190 тис. років тому. Протягом 100-50 тис. років тому здійснювалася міграція наших далеких предків із Африки та поступове заселення всієї планети. Результати дослідження мтДНК кісткових решток неандертальців показали, що вони не є предками людей сучасного типу, як вважалося на підставі морфологічного порівняння цих двох видів. Виявилось, що це споріднені види, які походять від спільного предкового виду.
3. Дослідження численної кількості ДНК-маркерів також показало, що раси не можуть бути видами, бо генетичні відмінності між ними знаходяться в межах природної мінливості популяцій одного виду організмів. Раси розвивалися незалежно одна від одної, кожна в своїй географічній та погодно-кліматичній зоні. Однак, незважаючи на чіткі генетичні, анатомічні, фізіологічні та інші біологічні відмінності між расами, все сучасне людство з'явилося зовсім недавно із єдиного спільного джерела і тому належить до одного виду.

#### Список літератури

1. Alonso S. A highly variable segment of human subterminal 16p reveals a history of population growth for modern humans outside Africa / S. Alonso, J.A.L. Armour // Proc. Nat. Acad. Sci USA. – 2001. – Vol. 98. – No. 3. – P. 864-869.
2. Ayub Q. Reconstruction of human evolutionary tree using polymorphic autosomal microsatellites / Q. Ayub, A. Mansoor, M. Ismail // Amer. J. Physic. Anthropol. – 2003. – Vol. 122. – No. 3. – P. 259-268.

3. Accetturo M. Human mtDNA site-specific variability values can act as haplogroup markers / M. Accetturo, M. Santamaria, D. Lascaro [et al.] // *Human Mutation*. – 2006. – Vol. 27. – No. 9. – P. 965-974.
4. Brown R. A. Apportionment of racial diversity / R.A. Brown, G.J. Armelagos // *Evol. Anthropol.* – 2001. – Vol. 10. – No. 1. – P. 34-40.
5. Britten R. J. Divergence between samples of chimpanzee and human DNA sequences is 5%, counting indels / Roy J. Britten // *PNAS*. – 2002. – Vol. 99. – No. 21. – P. 13633-13635.
6. Ballard J. W. The incomplete natural history of mitochondria / J.W. Ballard, M.C. Whitlock // *Mol Ecol*. – 2004. – Vol. 13. – No. 4. – P. 729-744.
7. Bolnick D. A. The science and business of genetic ancestry testing / D.A. Bolnick, D. Fullwiley, T. Duster [et al.] // *Science*. – 2007. – Vol 318. – No. 5849. – P. 399-400.
8. Cann R.L. Mitochondrial DNA and human evolution / R.L. Cann, M. Stoneking, A.C. Wilson // *Nature*. – 1987. – Vol. 325. – No. 6099. – P. 31-36.
9. Dib C. A comprehensive genetic map of the human genome based on 5,264 microsatellites / C. Dib, S. Fauré, C. Fizames [et al.] // *Nature*. – 1996. – Vol. 380. – No. 6570. – P. 152-154.
10. Elgar G. Tuning in to the signals: noncoding sequence conservation in vertebrate genomes / G. Elgar, T. Vavouri // *Trends Genet*. – 2008. Vol. 24. – No. 7. – P. 344-352.
11. Fischer A. Evidence for a Complex Demographic History of Chimpanzees / A. Fischer, V. Wiebe, S. Pääbo [et al.] // *Mol. Biol. Evol.* – 2004. – Vol. 21. – No. 5. – P. 799-808.
12. Gonder M. K. Whole-mtDNA genome sequence analysis of ancient african lineages / M.K. Gonder, H.M. Mortensen, F.A. Reed [et al.] // *Mol. Biol. Evol.* – 2007. – Vol. 24. – No. 3. – P. 757-768.
13. Horai S. Recent African origin of modern humans revealed by complete sequences of hominoid mitochondrial DNAs / S. Horai, K. Hayasaka, R. Kondo [et al.] // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 1995. – Vol. 92. – No. 2 – P. 532-536.
14. Hurler M. E. European Y-chromosomal lineages in Polynesia: a contrast to the population structure revealed by mitochondrial DNA / M.E. Hurler, C. Irven, J. Nicholson // *Amer. J. Hum. Genet.* – 1998. – Vol. 63. – No. 6. – P. 1793-1806.
15. Henn B.M. The great human expansion / B.M. Henn, L.L. Cavalli-Sforza, M.W. Feldman // *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*. – 2012. – Vol. 109. – No. 44. – P. 17758-17764.
16. Jorde L.B. Using mitochondrial and nuclear DNA markers to reconstruct human evolution / L.B. Jorde, M. Bamshad, A.R. Rogers // *BioEssays*. – 1998. – Vol. 20. – No. 2. – P. 126-136.
17. Jobling M.A. European Y chromosome diversity: population movement, geography and language / M.A. Jobling // XV Congreso de Estudios Vascos: Basque science and culture, and telematic networks. – Donostia: Eusko Ikaskuntza, - 2002. - P. 171-176.
18. Jobling M.A. The human Y chromosome: an evolutionary marker comes of age / M.A. Jobling, Ch. Tyler-Smith // *Nature Reviews: Genetics*. – 2003. – Vol. 4. – No. 8. – P. 598-612.
19. Jorde L.B. Genetic variation, classification and 'race' / L.B. Jorde, S.P. Wooding // *Nature Genet. Suppl.* – 2004. – Vol. 36. – No. 11. – P. 528-533.
20. Mellars P. Neanderthals and the modern human colonization of Europe / P. Mellars // *Nature*. – 2004. – Vol. 432. – No. 7016. – P. 461-465.
21. Nei M. *Molecular Evolutionary Genetics* / M. Nei // – N.Y.: Columbia University Press, -1987. – X+512 p.
22. Noonan J. P. Sequencing and analysis of neanderthal genomic DNA / J.P. Noonan, G. Coop, S. Kudaravalli [et al.] // *Science*. – 2006. – Vol. 314. – No. 5802. – P. 1113-1118.
23. Oppenheimer S. *Izgnanie iz Edema* / S. Oppenheimer / per. s angl. – M.: Eksmo, -2004. – 640 p.
24. Przeworski M. Adjusting the focus on human variation / M. Przeworski, R.R. Hudson, A. Di Rienzo // *Trends Genet.* – 2000. – Vol. 16. – No. 7. – P. 296-302.
25. Pääbo S. The mosaic that is our genome / S. Pääbo // *Nature*. – 2003. – Vol. 421. – No. 6921. – P. 409-412.
26. Rosenberg N. A. Genetic structure of human populations / N. A. Rosenberg, J. K. Pritchard, J.L. Weber [et al.] // *Science*. – 2002. – Vol 298. – No. 5. – P. 2381-2385.
27. Reich D. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia / D. Reich, R.E. Green, M. Kircher [et al.] // *Nature*. – 2010. – Vol. 468. – No. 7327. – P. 1053-1060.
28. Smith F. H. Direct radiocarbon dates for Vindija G1 and Velika Pećina Late Pleistocene hominid remains / F. H. Smith, E. Trinkaus, P. B. Pettitt [et al.] // *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* – 1999. – Vol. 96. – No. 22. – P. 12281-12286.
29. Schlötterer C. Evolutionary dynamics of microsatellite DNA / C. Schlötterer // *Chromosoma*. – 2000. – Vol. 109. – No. 6. – P. 365-371.
30. Scheffler I.E. *Mitochondria*. 2nd ed. / I.E. Scheffler // – N.Y.: John Wiley & Sons, Inc., - 2008. – 490 p. – P. 417-436.
31. Sanchez-Mazas A. Genetic Diversity in Africa / A. Sanchez-Mazas, E.S. Poloni // *eLS*. – 2008. – URL: <http://www.els.net>.
32. Sun J. X. Microsatellites are molecular clocks that support accurate inferences about history / J.X. Sun, J.C. Mullikin, N. Patterson [et al.] // *Mol. Biol. Evol.* – 2009. – Vol. 26. – No. 5. – P. 1017-1027.
33. Sankararaman S. The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans / S. Sankararaman, S. Mallick, M. Dannemann [et al.] // *Nature*. – 2014. – Vol. 507. – No. 7492. – P. 354-357.
34. Tishkoff S.A. Global pattern of linkage disequilibrium at the CD4 locus and modern human origins / S.A. Tishkoff, E. Dietzsch, W. Speed [et al.] // *Science*. – 1996. – Vol. 271. – No. 5254. – P. 1380-1387.
35. Tishkoff S.A. Implication of biogeography of human populations for "race" and medicine / S.A. Tishkoff, K.K. Kidd // *Nature Genetics Suppl.* – 2004. – Vol. 36. – No. 11. – P. 521-527.
36. Tattersall I. Human origins: Out of Africa / I. Tattersall // *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*. – 2009. – Vol. 106. – No. 38. – P. 16018-16021.
37. Underhill P.A. Y-chromosome sequence variation and the history of human populations / P.A. Underhill, P. Shen, A.A. Lin [et al.] // *Nature Genetics*. – 2000. – Vol. 26. – No. 3. – P. 358-361.
38. Underhill P.A. The phylogeography of Y chromosome binary haplotypes and the origins of modern human populations / P.A. Underhill, G. Passarino, A.A. Lin [et al.] // *Ann. Hum. Genet.* – 2001. – Vol. 65. – No. 1. – P. 43-62.
39. Vigilant L. Mitochondrial DNA Sequences in Single Hairs from a Southern African Population / L. Vigilant, R. Pennington, H. Harpending [et al.] // *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*. – 1989. – Vol. 86. – No. 23. – P. 9350-9354.

40. Van Oven M. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation / M. van Oven, M. Kayser // Hum. Mutat. – 2008. – Vol. 30. – No. 2. – P. E386-E394.
41. Vernot B. Resurrecting Surviving Neandertal Lineages from Modern Human Genomes / B. Vernot, J.M. Akey // Science. – 2014. – Vol. 343. – No. 6174. – P. 1017-1021.
42. Wainscoat J. S. Evolutionary relationships of human populations from an analysis of nuclear DNA polymorphisms / J. S. Wainscoat, A.V.S. Hill, A.L. Boyce [et al.] // Nature. – 1986. – Vol. 319. – No. 6053. – P. 491-493.
43. Weber J. L. Mutation of human short tandem repeats / J. L. Weber, C. Wong // Hum. Mol. Genet. – 1993. – Vol. 2. – No. 8. – P. 1123-1128.
44. Wildman D. E. A map of the common chimpanzee genome / D.E. Wildman // BioEssays. – 2002. – Vol. 24. – No. 6. – P. 490-493.
45. Witas H. W. Mitochondrial DNA and human evolution: A review / H.W. Witas, P. Zawicki // Przegląd Antropologiczny – Anthropological Review. – 2004. – Vol. 67. – No. 1. – P. 97-110.

### Реферати

#### ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ СОВРЕМЕННОГО ЧЕЛОВЕЧЕСТВА

Помогайбо В. М., Власенко Н. А., Березан А. И., Петрушов А. В., Беседина И. С., Починок Е. А., Мельничук М. М., Макаренко Я. М.

На основании исследования структурных особенностей ДНК людей из различных регионов планеты была подтверждена гипотеза об африканском происхождении современного человечества, которая до этого базировалась на палеонтологических и археологических данных. Установлено, что современное человечество произошло из популяции размером от 2000 до 10000 человек, которая существовала на территории Юго-Восточной Африки около 190 тыс. лет назад. В течение 100-50 тыс. лет назад осуществлялась постепенная миграция наших далеких предков из Африки и последующее заселение всей планеты. Оказалось также, что неандертальский человек и человек современного биологического типа являются родственными видами, которые произошли от общего предка. Современное человечество представляет собой единый биологический вид, состоящий из больших рас, которые возникли на разных континентах под действием различных биологических, географических и погодно-климатических факторов.

**Ключевые слова:** геном, ДНК-маркеры, мтДНК, Y-хромосома, аутосомы, замены нуклеотидов, повторы, частота мутаций, популяция, неандертальский человек, раса.

Стаття надійшла 26.05.2016 р.

#### DNA-GENEALOGY OF PRESENT-DAY HUMANS

Pomogajbo V. M., Vlasenko N. A., Berezan A. I., Petrushov A. V., Besedina I. S., Pochinok E. A., Melnichuk M. M., Makarenko J. M.

Results of the DNA researches concerning structural peculiarities of people living in different parts of the world have confirmed the hypothesis of the African origin of contemporary humanity that had been based only on the archaeological and paleontological data before. It was shown that the present-day humans had come from the population, numbering 2 000 to 10 000 individuals, that existed on the territory of South-East Africa about 190 thousand years ago. Migration of our remote ancestors from Africa and their succeeding colonization of the planet had been taking place within the period of 100 – 50 thousand years. It was also found out that the Neanderthal man and the man of the present-day anatomical type are related species that had come from the common ancestor. Contemporary humanity is the common biological species consisting of large races that had originated in different continents under the influence of different biological, geographic, weather and climatic factors.

**Key words:** genome, DNA markers, mt DNA, Y-chromosome, autosome, base substitution, repeats, mutation frequency, population, Neanderthal man, race.

УДК 616-089+617.5

С. В. Малюк, В. С. Дробовський

ВДНЗ України «Українська медична стоматологічна академія» м. Полтава

### ШЛЯХИ УДОСКОНАЛЕННЯ РЕЗУЛЬТАТІВ ПЛАСТИЧНО-РЕКОНСТРУКТИВНИХ ОПЕРАЦІЙ НА ПЕРЕДНІЙ ЧЕРЕВНІЙ СТІНЦІ

У статті наведено аналіз і огляд даних літератури з проблеми лікування хворих з дефектами та деформаціями передньої черевної стінки. Докладно розглянуто види оперативних втручань при даній патології, показання, наведені шляхи удосконалення технічних, діагностичних лікувальних аспектів, описані найпоширені післяопераційні ускладнення.

**Ключові слова:** абдомінопластика, біомеханіка, деформації та дефекти, передня черевна стінка.

*Робота є фрагментом НДР «Морфологічні і функціональні порушення органів та систем організму при гострій та хронічній хірургічній патології, оптимізація діагностики та лікувальної тактики, прогнозування, профілактика та лікування післяопераційних ускладнень» (№ держреєстрації 0112U006302).*

В останні роки зацікавленість до пластичної хірургії, в тому числі до реконструктивних операцій на передній черевній стінці значно виріс [7, 16, 30].

Сучасне життя створює умови для людини бути стрункою і виглядати привабливо, мати природні контури і форму тіла. У той же час, продовжує зростати число хворих, що мають деформації передньої черевної стінки (ПЧС), зумовлені дряблістю шкіри в цій ділянці, фартухом живота, діастазом прямих м'язів, наявністю вентральних гриж і різними деформуючими післяопераційними рубцями, що потребують хірургічного лікування [9]. Незадоволення виглядом