

*Ultima ratio*

**Вестник Российской  
Академии  
ДНК-генеалогии**

**Том 2, № 1**

**2009 январь**

**Российская Академия ДНК-генеалогии**

ISSN 1942-7484

**Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии.** Научно-публицистическое издание Российской Академии ДНК-генеалогии. Издательство Lulu inc., 2009.

*Авторские права защищены. Ни одна из частей данного издания не может быть воспроизведена, переделана в любой форме и любыми средствами: механическими, электронными, с помощью фотокопирования и т. п. без предварительного письменного разрешения авторов статей. При цитировании ссылка на данное издание обязательна.*

Составитель  
*Российская Академия ДНК-генеалогии*

Оформление издания  
*Михаил Темош*

© Авторские права статей принадлежат их авторам, 2009.

© РА-ДНК, 2009.

# СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление .....	1
Секлеры Восточной Европы и их гаплогруппы и гаплотипы <i>А. Клёсов</i> .....	2
Обсуждение статьи «Путь Y-хромосом гаплогруппы N из Юго-Восточной Азии в Европу против часовой стрелки» (Rootsi с соавт., Eur. J. Human Genetics, 2007). <i>А. Клёсов</i> .....	52
Обсуждение статьи «В поисках происхождения гагаузов: Y-хромосомный анализ» (Varzari с соавт., Amer. J. Human Biology, 2009). <i>А. Клёсов</i> .....	69
Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть I. Теоретический подход. <i>Д. Адамов и А. Клесов.</i> .....	81
Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть II. Погрешности расчетов. <i>Д. Адамов и А. Клесов.</i> .....	93
АЗБУКА ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ	
От простого к сложному, и наоборот. <i>Е. Березовская</i> .....	104
ДИСКУССИИ	
Арии, осетины, «индоевропейцы» и иранские языки .....	114
Гагаузы – происхождение, ДНК-генеалогия .....	152
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК - генеалогии. Часть 5. <i>А. Клёсов</i> . . . . .	177

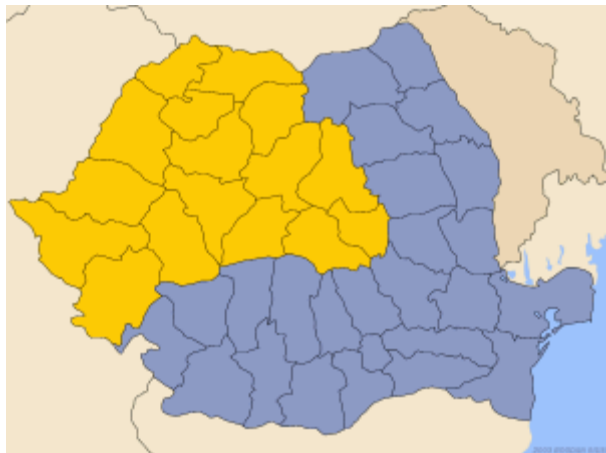
# Секлеры восточной Европы и их гаплогруппы и гаплотипы

*Анатолий Клёсов*

*<http://aklyosov.home.comcast.net>*

## Введение. Кто такие секлеры

Начнем с того, что секлеры (Szekely на венгерском, Szeklers на немецком) – это отдаленная аналогия российских или запорожских казаков, перенесенных на венгерскую и румынскую почву, а точнее – на восток и северо-восток Трансильвании. Это – стык Венгрии, Румынии и Сербии, который за период новейшей истории многократно переходил из рук в руки. Вот как выглядит Трансильвания на карте Румынии (цит. по Википедии, «Трансильвания»).



А положение Румынии, Венгрии и других стран, о которых у нас пойдет речь, показано на следующей карте Европы 1942 года (ссылка та же). О тех недавних временах у нас тоже пойдет речь.



Самые ранние сведения о секлерах относятся к первым векам нашей эры. По преданиям, они пришли с разноплеменными войсками гуннов под предводительством Атиллы в пятом веке нашей эры, в ходе Великого переселения народов. Сами гунны как племя, или племена, сложились примерно в II-IV вв нашей эры, преимущественно из хунну, угров и сарматов, в Приуралье и Средней Азии.

Пришли они, естественно, не на пустое место. Эти горные районы были заселены с древних времен. Во времена Римской империи там находилась Верхняя Дакия, население которой считается фракийско-гетским племенем. В третьем столетии туда стали активно переселяться германцы. Потом, как было упомянуто, гунны, сменяемые (или входившими в их состав) племенами германского и праславянского происхождения.

И до этого Трансильвания была оживленной. Сколько-нибудь осмысленная история края началась в 9-м веке до нашей эры, когда римляне завоевали западную часть Карпатских гор. По легендам, туда бежал персидский царь Ксеркс I после разгрома его флота греками в битве при Саламине. В свите царя прибыли евреи, как повествуют еврейские источники. Согласно тем же источникам, евреи жили там и во времена поздней римской империи.

Первые секлеры, осевшие, согласно преданиям, на востоке и северо-востоке Трансильвании после смерти Атиллы и рассеяния гуннов, оказались на границе государства, и приняли на себя роль пограничников, поскольку постоянно подвергались нападениям извне.

В 9-м веке нашей эры туда прибыли мадьяры, говорившие на уральских языках угро-финской группы. В 10-м веке это было Трансильванское княжество, в 11-12-х веках им владели венгры, в 13-м веке оно пострадало от вторжения татаро-монголов, в 16-м веке княжество было под протекторатом турецкого султана, в 17-м веке оно вошло в состав империи Габсбургов. Затем, после создания Австро-Венгерской монархии, Трансильвания вошла в состав Венгерского королевства.

Постепенно секлеры стали феодалами, и приобрели дворянский статус. Они делились на три дворянских сословия – знатные секлеры, всадники и простые дворяне, и отстаивали свои привилегии с оружием в руках. Как известно, дворяне – это потомственные (элитные по сравнению с крестьянами, ремесленниками и простыми чиновниками) военнотружущие, получающие привилегии от правительства (в том числе земельные наделы) за службу.

В начале 17-го века, а именно в 1602 году прошел первый воинский ценз секлеров, и благодаря нему фамилии тех секлеров сохранились в архивах.

Во второй половине 17-го века у секлеров начались проблемы, которые продолжались до середины 20-го века. Началось с того, что правители Габсбургской империи начали ущемлять дворянские привилегии секлеров. Собственно, этот же процесс пошел и в России с конца 17 - начала 18-го века, когда сословие дворян и детей боярских начало в своей значительной части садиться на землю и переходить в создаваемое сословие однодворцев, и затем государственных крестьян, с потерей

привилегий (Клесов, 2008а). У секлеров это началось с того, что из них стали создавать регулярные пограничные войска, с обязательным призывом на службу фактически в качестве рядовых. В 1760-х годах вспыхнуло восстание, которое было жестоко подавлено, более 400 секлеров были убиты.

В ответ на это примерно тысяча секлеров эмигрировали в соседнюю Буковину, которая тогда была частью Молдавии, под протекторатом Оттоманской империи. Но через десять лет эти места оккупировала Австрия, и около сотни семей бежали в глухие места. Еще через десять лет часть из них вернулись в Буковину, добившись защиты от императора Австрии, и основали деревни с характерными названиями «Помоги Бог» и «На Всё Божья Воля», в переводе с венгерского.

Еще через сто лет, к 1880-му году число секлеров в Буковине достигло 10 тысяч человек, и к началу Второй мировой войны – 16 тысяч человек. К тому времени Буковина и Трансильвания несколько раз переходили из рук в руки, и каждый раз часть секлеров передвигались на новые места жительства. В 1880-х примерно 4000 секлеров переселились обратно в Венгрию, на нижний Дунай, и в 1918-м это стало частью Югославии (Сербии, провинция Банат). Многие эмигрировали в Канаду и Бразилию, многие переехали в южную Трансильванию. После 1918-го Буковина стала частью Румынии, и секлеры стали нежелательным меньшинством с чужим языком. В 1941-м Венгрия оккупировала югославскую территорию Воеводина, и переселило туда более 13 тысяч секлеров как часть «мадьяризации» территории. Они лишились своих домов в Буковине, и по договору между Венгрией и Румынией секлеры заняли дома и землю изгнанных сербов.

В октябре 1944 года венгерские войска отступили из Югославии, и секлеры, понимая, что сербы вернуться, бежали за Дунай. После завершения войны секлеры переселились обратно в Венгрию, в ее южный район Толна, который традиционно был ранее заселен немцами. Там многие секлеры живут и сейчас.

Следует отметить, что оставшиеся после подавления восстания 1764-го года секлеры, которые не покинули страну, сохранили свои старинные дворянские права, имели право свободной охоты, свободу от барщины, были подсудны только собственным судьям. Естественно, при советской власти эти права были ликвидированы, и секлеры были уравнены в

правах с прочими сельскими жителями. Сейчас в Трансильвании живут примерно 400 тысяч секлеров.

## Переходим к ДНК-генеалогии

После этого введения понятно, что секлеры с их богатой историей должны представлять довольно пестрое образование, со многими гаплогруппами. Так оно и оказалось.

Мы будем рассматривать 143 гаплотипа секлеров, предоставленные проектом по изучению секлеров. Менеджер и координатор проекта – Beth Long, которая попросила меня рассмотреть эти гаплотипы. Нечего и говорить, что ни гаплогруппы, ни гаплотипы этой выборки секлеров до настоящего времени не анализировались с точки зрения времен жизни общих предков популяции.

Для меня проект показался интересен в первую очередь тем, что позволит на конкретном примере показать, как анализировать многогаплогруппные образования, и пытаться понять, как интерпретировать историю племени с точки зрения времен жизни их общих предков по гаплогруппам. Может ли это дать какую-нибудь связную информацию о том, когда начало складываться племя секлеров? Термин «племя» здесь, наверное, не очень подходит, но другого подобрать не могу для этнической группы, состоящей из многих гаплогрупп. Нация? Секлеры не нация. Народ? Секлеры, в общем, не народ. Исторический язык у них венгерский. Это определенно культурно-этническое образование, совокупность древних родов, если судить по гаплогруппам. Пусть будет племя.

Еще одна сложность – как подходить к анализу подобных популяций? Важным документом является воинский регистр секлеров 1602 года, в котором числились прямые предки 84 секлеров из 143-х, упомянутых выше. Как быть с остальными? Все они считают себя секлерами, хотя некоторые пришли «со стороны» и женились на секлерах. Но где гарантия, что их предки тоже не были секлерами? Секлеры были и служили и за столетия до регистра 1602 года.

Поэтому в данном анализе мы разделили тех 143 человек на две группы – секлеры согласно регистру 1602 года, и «запасные», считающие себя (возможно, небезосновательно) секлерами. Если гаплотипы «запасных» в



целом укладываются в одну ветвь с секлерами внутри соответствующей гаплогруппы, то они считаются в настоящем исследовании секлерами, и входят в расчеты общего предка группы. Если гаплотипы существенно уходят в сторону, к тому же известно, что «запасной» пришел «со стороны», то они в расчетах не учитываются. В противном случае они бы существенно увели в древность общего предка секлеров данной группы.

В литературе есть две недавние статьи, в которых рассматриваются секлеры с точки зрения их происхождения и ДНК-генеалогии (Brandstatter et al, 2007; Csanyi et al, 2008). Обе сходятся на том, что происхождение секлеров практически остается неизвестным. По одним соображениям, их предки прибыли в 6-м веке н.э. с евразийскими аварами, говорящими на тюркских наречиях и с восточно-азиатскими корнями, по другим – их предки происходят из германских племен, победивших войска Атиллы, по третьим, они из иранских кочевых племен, или из болгарских, вышедших из низовьев Волги, или из ранних карпатских племен, или из ранних мадьяр. В составе потомков секлеров, живущих в настоящее время в центральной части Трансильвании, в Румынии, обнаружены мтДНК, свойственные «западной евразийской популяции» (Brandstatter et al, 2007), а именно Средней Азии, Ирана, и европейской части России (в частности, Ставрополь). Гаплогруппы 97 тестированных секлеров Трансильвании (современная Румыния) включали максимальное количество R1b, R1a1 и I1a (19, 18 и 16 человек, соответственно), далее следовали J2, J1, E3b и G2 (11, 10, 9 и 5 чел), и замыкали группу I1b, P и N3 (5, 3 и 1 чел). Авторы (Csanyi et al, 2008) заключили, что гаплогруппа P у секлеров (3%) указывает на их предковую связь с Средней Азией, повышенное содержание гаплогруппы J, по мнению авторов, отражает вклад Анатолии и южных Балкан, а также древних миграций мадьяр (последняя связь, впрочем, не пояснена).

Остальные гаплогруппы, по мнению авторов, указывают на древнее европейское происхождение их носителей. В связи с этим авторы упоминают 30-тысячелетнюю историю гаплогруппы R1b в Европе и 15-тысячелетнюю историю гаплогруппы R1a1, начиная с «украинского убежища», хотя эти цифры совершенно безосновательны. Никаких других временных оценок по гаплотипам и гаплогруппам секлеров в статье не проводилось.

**Восполним этот пробел.**

Гаплотипы всех 143 секлеров в нашей работе относятся к следующим гаплогруппам (во второй колонке стоит число гаплотипов, в третьей – процентное содержание, с точностью до целых чисел, в третьей – процентное содержание для 84 «надежных» секлеров после удаления всех спорных и родственных гаплотипов). Хотя в генеалогии «надежность» – понятие тоже условное. Фамилия может быть та же, а гаплотип – совсем другой.

E1b1b1 (бывшая E3b1)	15	10%	11%
G2	10	7%	8%
I1	12	8%	10%
I2a (бывшая I1b1)	29	20%	20%
I2b (бывшая I1b2)	4	3%	0
J1	1	<1%	0
J2	11	8%	7%
L	1	<1%	1%
N	3	2%	2%
Q	4	3%	4%
R1a1	28	20%	15%
R1b1	24	17%	18%
T	1	<1%	1%
<u>ВСЕГО</u>	143 чел	143 чел	84 чел

Как видно, три наиболее распространенные гаплогруппы среди секлеров – I2a (бывшая I1b1), R1a1 и R1b1. И это полностью понятно – балканская гаплогруппа, славянская (в данном контексте) и западноевропейская (в данном контексте). Позже мы подтвердим, что эти группы действительно можно назвать славянской и западноевропейской, поскольку R1b1 могла бы оказаться и азиатской, R1b1b1 в отличие от «западноевропейской» R1b1b2. А «славянская» R1a1 несколько отличается от атлантической или скандинавской (северной, или «гаплогруппы викингов», или «норвежской»).

Следующий этап будет тот, что обычно приводит в ужас пуристов, которые дальше «семейных исследований» обычно не продвигаются. Мы объединим ВСЕ 143 гаплотипа, и нанесем их на ОДНО дерево гаплотипов. Мы ожидаем, что все гаплогруппы разойдутся по отдельным ветвям, и такое сводное дерево с гаплогруппами-ветвями покажет, как «пространственно» соотносятся гаплогруппы, какие из них более

«старые» или более «молодые» в отношении времени, когда жил их общий предок, и графически изобразят историю племени секлеров с древнейших времен. А дальше мы будем анализировать отдельные ветви, одну за другой. И, наконец, попытаемся понять, как эти рода – во времени – вливались в племя, которое в итоге стало секлерами.

В чем логика такого подхода? Если, например, представитель гаплогруппы присоединился к племени секлеров в 6-м веке, причем присоединился в одиночку, и его потомство выжило до настоящего времени, то картина мутаций его потомков сойдется к фокальной точке в 6-м веке, идентифицируя гаплотип их общего предка. Этот гаплотип может (но не обязательно) отличаться от предкового гаплотипа данной гаплогруппы в целом, особенно если у представителя, пришедшего к секлерам, гаплотип был уже мутирован.

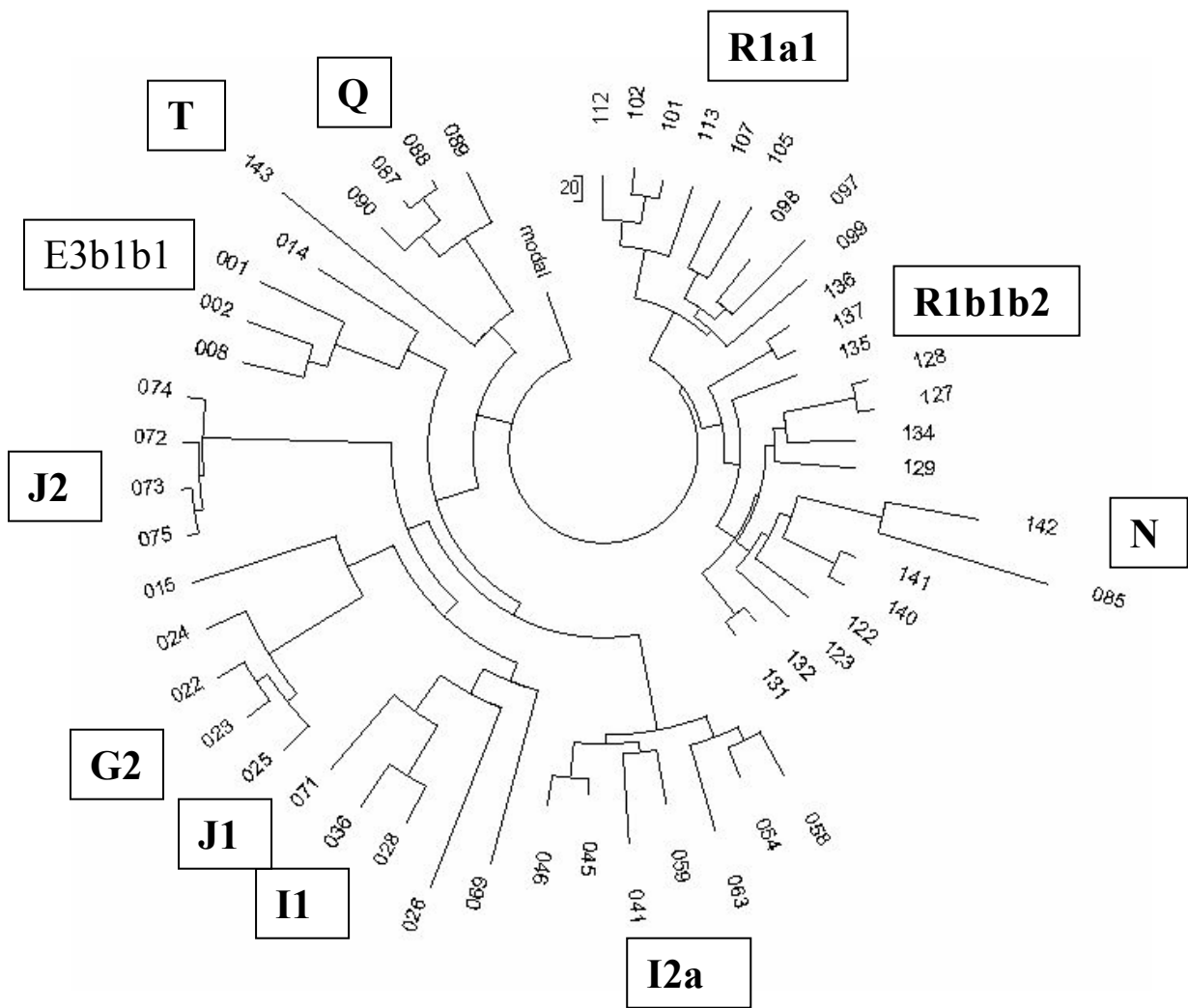
Если выжили только более поздние потомки, пройдя «бутылочное горлышко» популяции в Трансильвании, то общий предок будет иметь еще более «молодой» гаплотип, и он, гаплотип, тоже может иметь отпечаток «генетического дрейфа», приведшего к сдвигу базового гаплотипа по сравнению с предковым для всей гаплогруппы.

Если же миграция была относительно массовой, то общий предок популяции данной гаплогруппы среди секлеров будет древним, в пределе приближающимся по возрасту к выжившему первопредку данной гаплогруппы, рассчитанному по другим популяциям мира, принадлежащим к данной гаплогруппе.

Это – базовые положения ДНК-генеалогии. Рассмотрим, как они проявят себя на примере племени секлеров.

### **37-маркерные гаплотипы по всем гаплогруппам секлеров**

На рис. 1 приведено дерево 37-маркерных гаплотипов тех, кто называют себя секлерами.

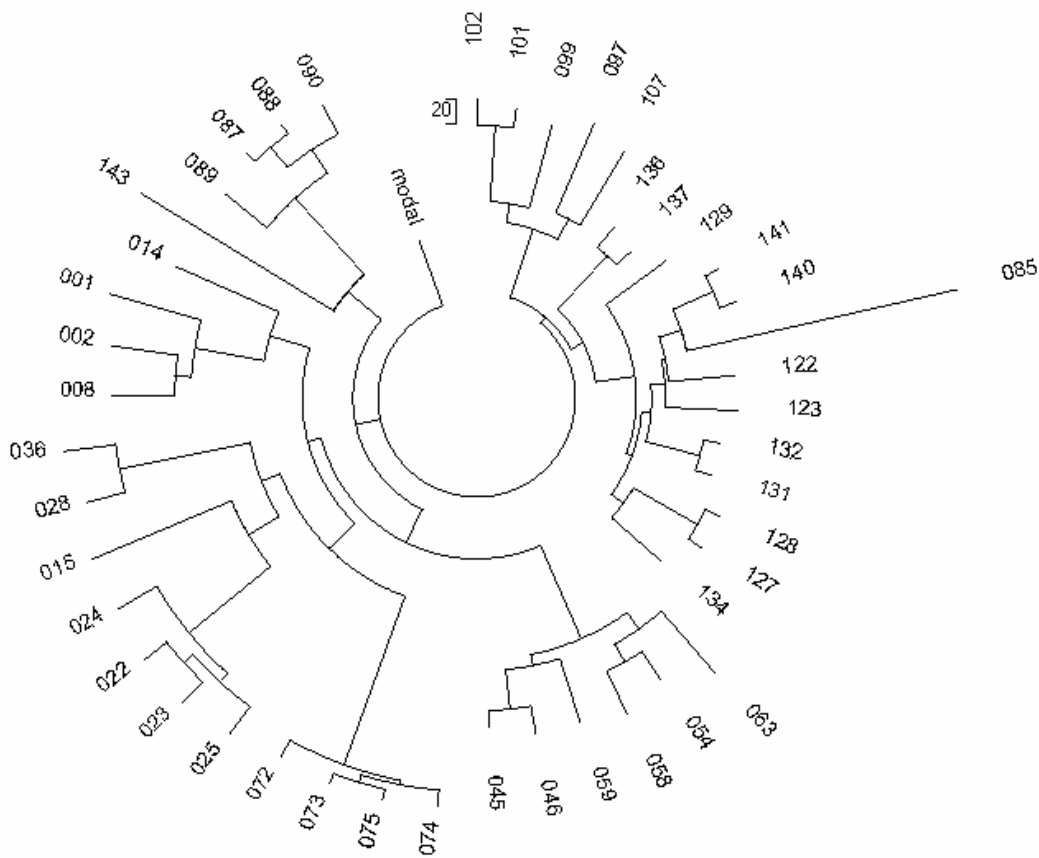


**Рис. 1. Дерево 37-маркерных гаплотипов тех из данного проекта, кто называют себя секлерами. В выборке - 54 гаплотипа.**

Нумерация гаплотипов по гаплогруппам (12- и 25-маркерные гаплотипы отсутствуют):

- 1-15 (E1b1b1)
- 16-25 (G2)
- 26-37 (I1)
- 38-66 (I2a); 67-70 (I2b)
- 71 (J1); 72-82 (J2)
- 83 (L) [отсутствует, гаплотип 12-маркерный]
- 84-86 (N)
- 87-90 (Q)
- 91-118 (R1a1)
- 119-142 (R1b1)
- 143 (T)

На рис. 2 изображено то же самое дерево, но для тех из 84 секлеров, для которых имелись 37-маркерные гаплотипы.



**Рис. 2. Дерево 37-маркерных гаплотипов секлеров. В выборке - 44 гаплотипа.**

Оба дерева 37-маркерных гаплотипов (рис. 1 и 2) прекрасно и почти практически чисто разделили гаплогруппы. Справа - две молодые ветви R1a1 (гаплотипы 91-118) и R1b1b2 (119-142). Ниже будет пояснено, почему мы уточнили экспериментально определенную гаплогруппу R1b1 как именно «европейскую» R1b1b2.

Если следовать рис. 1 - то ветвь наверху справа R1a1 (гаплотипы между 112 и 99).

Ветвь опять справа – R1b1b2 (между 136 и 131). Туда вошел только один чужой гаплотип (085), гаплогруппы N, но, видимо, потому, что дереву больше некуда было его пристроить. Соседний гаплотип (142) выпадает из общей картины, и к тому же не относится к секлерам.

Ветвь внизу – I2a (между 058 и 046 на рис. 1, и между 063 и 045 на рис. 2) стоит совершенно четким особняком, и сразу за ней на рис. 1 – родственная ветвь I1 (между 026 и 036, всего три гаплотипа). Гаплотип 069 не имеет отношения к секлерам, и попал в проект секлеров только по месту жительства. Он был оставлен в списке гаплотипов для данной работы именно для иллюстрации, как гаплотипы той же гаплогруппы, но не секлеров, могут отличаться от основной выборки. Действительно, 069 совершенно выпадает из группы секлеров, показывая, что последние образуют довольно четко определенную популяцию. Из дерева на рис. 2 он удален.

То же относится и к гаплотипу 026 в следующей ветви, принадлежащей гаплогруппе I1. Он – не из группы секлеров, и резко выпадает из группы, оставляя в ней всего два гаплотипа – 028 (секлер по военному реестру секлеров 1602-го года) и 036 (в списках секлеров с 1750 года). Эти два гаплотипа и оставлены на дереве рис. 2

Гаплотип 041 тоже не принадлежит секлерам, хотя явно вписывается в их группу, судя по расположению его в ветви. Остальные шесть гаплотипов в ветви I2a принадлежат потомкам секлерам по реестру 1602-го года.

Гаплотип 071 – единичный представитель гаплогруппы J1. Он льнет к родственной гаплогруппе I1. Но он не относится к секлерам, и поэтому удален из дерева на рис. 2.

Следующая ветвь – G2 (между 025 и 024, четыре гаплотипа), все секлеры. К ней примыкает гаплотип секлеров под номером 015 группы E1b1b1, видимо, неверно типированный. Это может быть другой субклад гаплогруппы G. Впрочем, может быть необычно сильно мутированный E1b1b1.

Следующая ветвь – четыре гаплотипа группы J2, все секлеры.

Следующая – четыре гаплотипа группы E1b1b1, все секлеры.

Далее – одиночный гаплотип группы Т (гаплотип 143).

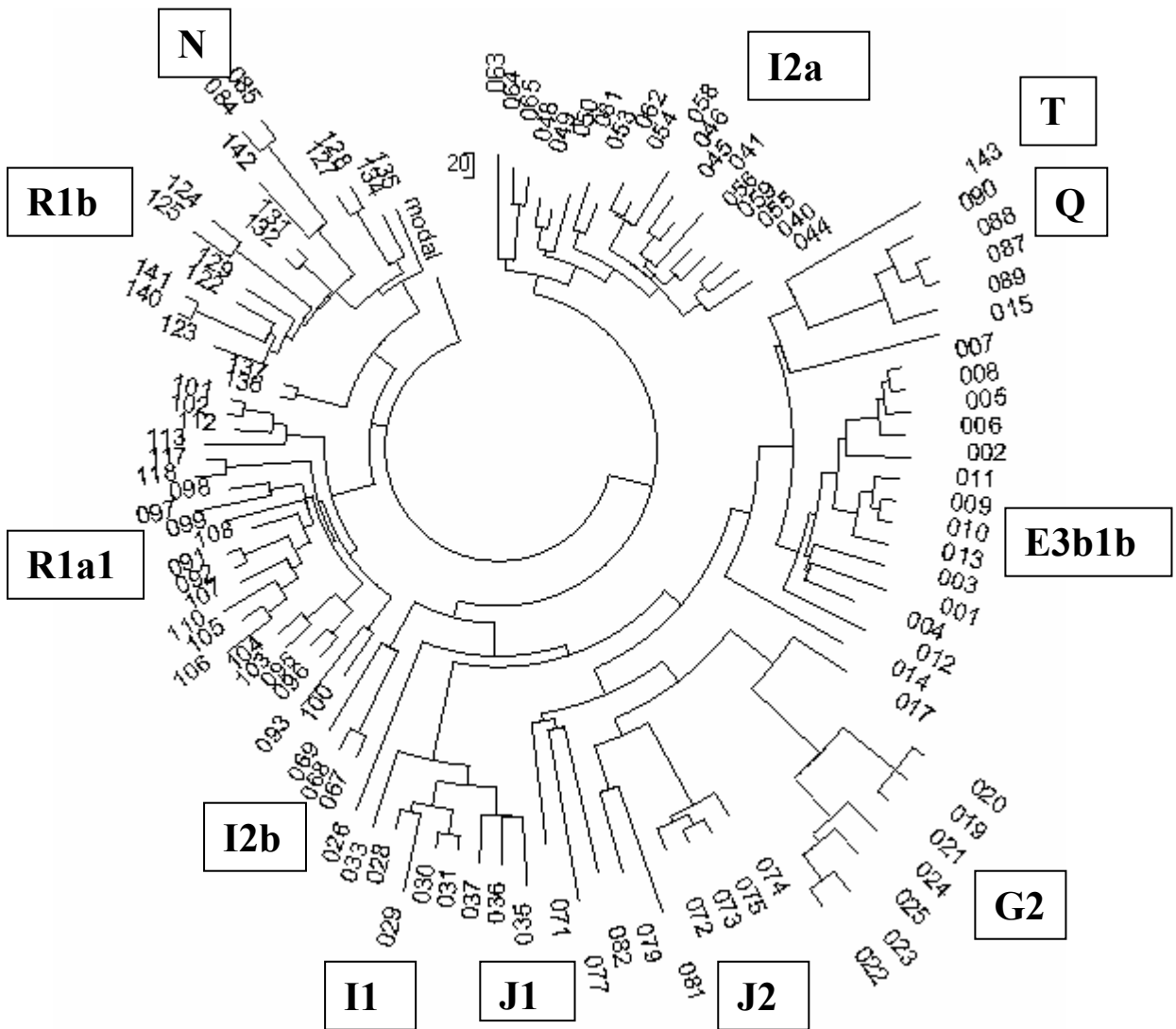
Последняя ветвь наверху слева – четыре гаплотипа группы Q, все секлеры.

Дерево 25-маркерных гаплотипов будет приведено ниже, а пока приведем времена жизни общих предков для каждой гаплогруппы, рассчитанные как показано в деталях ниже. Методика расчетов дана в работе (Клесов, 2008b). В таблице вторая колонка показывает результаты расчетов (в годах до общего предка) с использованием 37-маркерных гаплотипов, третья колонка – с использованием 25-маркерных

	<b>37-марк</b>	<b>25-марк</b>
E1b1b1	7025	9625
G2	1025	2150
I1	---	2475
I2a	2500	3325
I2b	---	---
J1	---	---
J2	---	9200
L	---	---
N	---	---
Q	1175	1300
R1a1	4050	4850
R1b1	4200	4575
T	---	---

### **25-маркерные гаплотипы**

На рис. 3 приведено дерево 25-маркерных гаплотипов секлеров. Оно в целом сохраняет тот же вид, что и дерево 37-маркерных гаплотипов, в том отношении, что гаплогруппы так же расходятся по своим отдельным ветвям. Но очевидно, что длина гаплотипа влияет в данном случае на тонкую структуру дерева, группировка гаплогрупп уже не столь четкая.



**Рис. 3. Дерево 25-маркерных гаплотипов называющих себя секлерами. В выборке - 108 гаплотипов.**

Ветвь наверху слева - R1b1b2 (гаплотипы между 135 и 136). В нее, как и в случае 37-маркерных гаплотипов, входит явно чужеродная ветвь N3 из двух гаплотипов (084 и 085).

Следующая ветвь слева - R1a1 (между 101 и 100). Обе ветви, R1a1 и R1b1, как и положено единой сводной гаплогруппе R1, расходятся от единой



ветви. Так и должно быть, в этом отношении дерево совершенно правильное.

Далее – три гаплотипа гаплогруппы I2b (067, 068, 069).

Ветвь внизу – гаплогруппы I1 из девяти гаплотипов (026 до 035).

Следующий – одиночный гаплотип группы J1, примыкающий к ветви J2 внизу справа (074 до 077) из восьми гаплотипов.

Следующая ветвь из восьми гаплотипов – G2 (между 020 и 022). В ней особняком стоит гаплотип 017.

Далее против часовой стрелки – довольно большая ветвь гаплогруппы E1b1b1, от 014 до 015 (последний сидит особняком).

Следующая – четыре гаплотипа группы Q (089-090).

Далее – одиночный гаплотип гаплогруппы T (номер 143).

Последняя ветвь – I2a (между 044 и 063). Она совершенно удалена от родственной ветви I2b, хотя на 37-маркерном дереве все три семейства – I1, I2a и I2b сидят по соседству.

Таким образом, даже на уровне 25-маркерных гаплотипов ветви гаплогрупп весьма четко разделяются, хотя их относительная позиция сильно искажена по сравнению с 37-маркерным деревом.

На рис. 4 дано дерево 25-маркерных гаплотипов уже только по «доказанным» секлерам, на основании документов воинского регистра 1602 года.

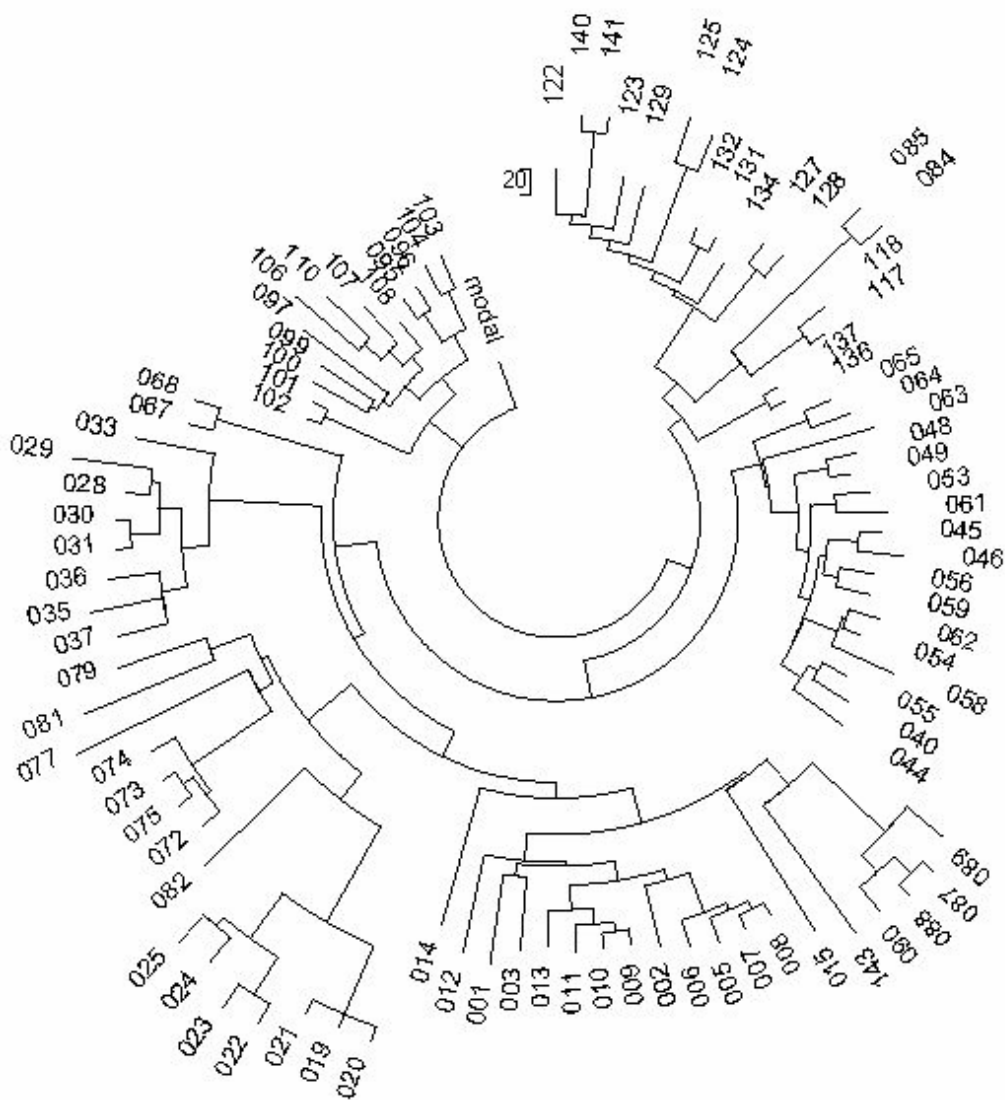


Рис. 4. Дерево 25-маркерных гаплотипов секлеров (по воинским регистрам). В выборке – 92 гаплотипа.

### 12-маркерные гаплотипы

На дереве 12-маркерных гаплотипов (рис. 5) гаплогруппы начинают уже смешиваться. Гаплотипы гаплогрупп G2 и I1 разбросаны по нескольким ветвям; I2a и I2b перемешаны, 12-маркерное дерево их уже не разделяет;

И1 и J2 тоже перемешаны. Гаплогруппа R1a1 разошлась по двум довольно далеким ветвям. Напротив, гаплогруппы E3b1, Q и R1b1 сидят отдельно и компактно.

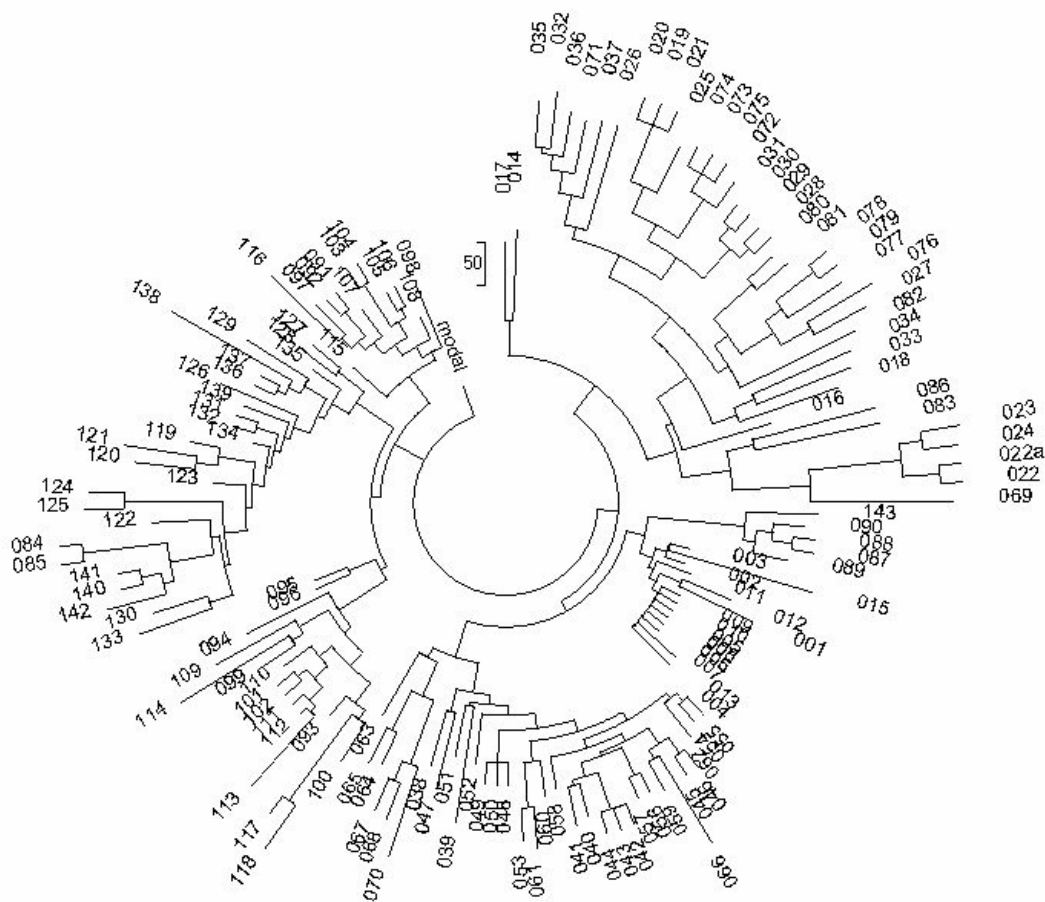


Рис. 5. Дерево 12-маркерных гаплотипов тех, кто называют себя секлерами. В выборке - 143 гаплотипа. Нумерация гаплотипов показана на рис. 1.

Таким образом, 12-маркерные гаплотипы в данном случае плохо пригодны для разделения гаплогрупп на дереве. Как показано выше, удовлетворительное разделение происходит на 25-маркерном дереве, и еще лучше - на дереве 37-маркерных гаплотипов.

Рассмотрим поочередно базовые (предковые) гаплотипы

## Гаплогруппа R1a1

Общий предок секлеров гаплогруппы R1a1 имел следующий гаплотип, если его определять формально, путем минимизации мутаций:

13-25-**15-11-11-14-12-12-11-13-11-30-15-9-10-11-11-24-14-20-32-12-15-15-16-11-11-19-23-16-16-18-19-34-38-12-11**

И для девяти гаплотипов на рис. 1, и для пяти секлеров на рис. 2 возраст общего предка практически один и тот же – 4850-4950 лет на 25-маркерных гаплотипах, и 4050-4075 лет на 37-маркерных гаплотипах, соответственно (67 и 112 мутаций на девяти 25- и 37-маркерных гаплотипах, 38 и 63 мутации на пяти 25- и 37-маркерных гаплотипах). Действительно, добавление четырех «условных секлеров» на рис. 1 практически не изменяет вида ветви гаплотипов R1a1 и возраста общего предка. Да и в целом это временное расстояние до общего предка совершенно типичное для Европы, и для восточных славян в особенности. Для восточно-европейских R1a1 (на примере российских R1a1) это время равно 4825 лет.

Но это совпадение может быть довольно случайным, так как приведенный выше гаплотип секлеров заметно отличается от восточно-славянского предкового гаплотипа (отличия помечены жирным шрифтом). Учитывая то, что в Венгрии была большая еврейская популяция, имеет смысл сравнить базовый гаплотип секлеров с еврейским базовым R1a1 гаплотипом (Klyosov, 2008). Но он отличается от еврейского еще больше, чем от славянского. Различия в мутациях от славянского базового гаплотипа составляют примерно 8 мутаций, от еврейского – 18 мутаций на 37-маркерных предковых гаплотипах. Это составляет, соответственно, 2450 и 6225 лет мутационной разницы между общими предками, или, соответственно,  $(4950+4850+2450)/2 = 6125$  лет и  $(1350+4875+6225)/2 = 6225$  лет до общего предка восточных славян, евреев и секлеров. То, что цифры почти идентичны, это, конечно, совпадение, но это указывает на удовлетворительность оценки времен до общих предков.

В принципе, 6200 лет до общего предка секлеров, славян и евреев можно объяснить с помощью по меньшей мере двух альтернативных гипотез, но мы сейчас покажем, что вторая вряд ли возможна.

Первая гипотеза – что общий предок R1a1 жил с глубокой древности на Балканах, примерно 6 тысяч лет назад стал мигрировать, его потомки тогда же инициировали генеалогические линии восточных славян (Украина, Россия) и секлеров, но мы «видим» общего предка только 4800-4900 лет назад, промежуточные звенья до нашего времени не дожили, или пока не обнаружены. Та же генеалогическая линия инициировала и линию R1a1 у евреев 1350 лет назад. И вот теперь, рассматривая «разбег мутаций» у восточных славян, евреев и секлеров, мы «видим» этого древнего общего предка 6200 лет назад, но внутри каждой группы общий предок свой, более поздний.

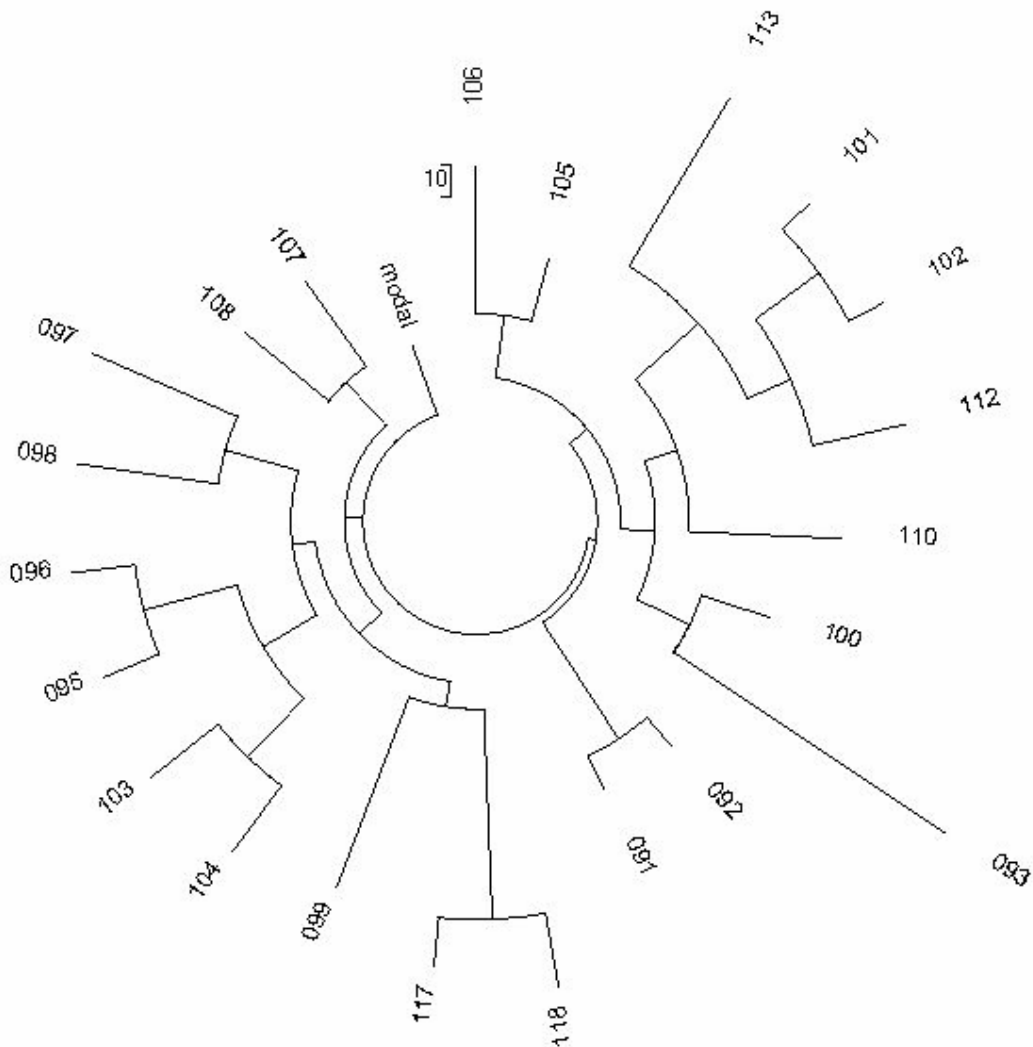
Развитием этой гипотезы является то, что примерно 6 тысяч лет назад (или ранее) носители гаплогруппы R1a1 продвинулись на восток до Урала и Средней Азии, основали на этом пути курганную культуру, и вместе с гуннами вернулись в Европу в начале нашей эры, принеся эту гаплогруппу в Трансильванию. Тогда в Трансильвании, и, в частности, среди секлеров, должны присутствовать два базовых гаплотипа – один «европейский», исходный, и второй – вернувшийся из Азии, с временным разрывом примерно в 4 тысячи лет.

Действительно, эти две ветви четко выделяются на дереве 25-маркерных гаплотипов R1a1 секлеров (рис. 6). 25-маркерные гаплотипы мы используем здесь потому, что девять или пять 37-маркерных гаплотипов – совсем мало (см. рис. 7).

На левой половине дерева гаплотипов на рис. 6 – ветвь из 11 гаплотипов, с базовым гаплотипом

13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30-17-9-10-11-11-23(24)-14-20-31-12-15-15-16

Все 11 гаплотипов этой ветви содержат 82 мутации, что дает 4,875 лет до общего предка. Этот гаплотип на три мутации отличается от европейских R1a1 гаплотипов в двух маркерах (отмечены жирным шрифтом выше), за исключением чехословацких и польских гаплотипов, в которых данная пара равна 16-32, то есть отличается на две мутации.



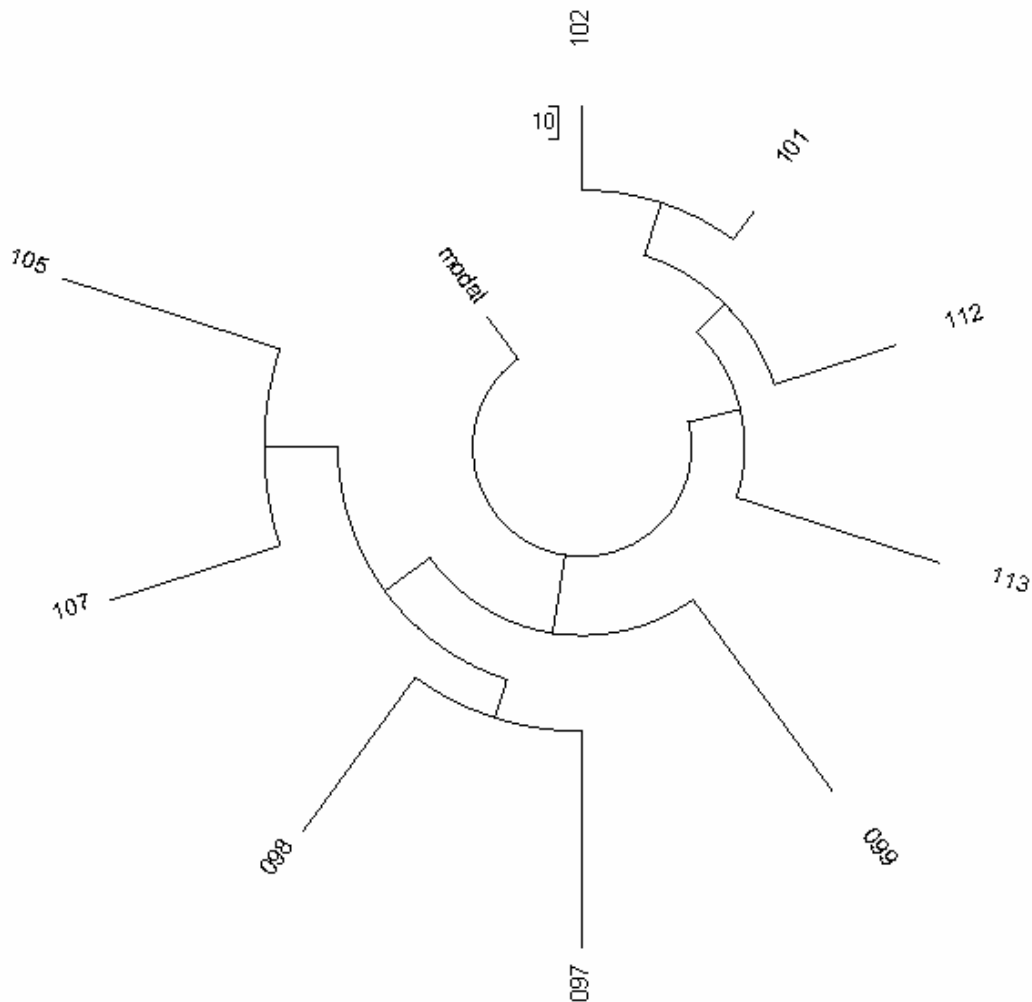
**Рис. 6. Дерево 25-маркерных гаплотипов секторов гаплогруппы R1a1. В выборке – 22 гаплотипа.**

Правая половина дерева имеет базовый гаплотип

13-25-16-11-11-14-12-12-10-13-11-30-15-9-10-11-11-24-14-20-32-13-15-15-16

Он практически полностью совпадает с восточно-славянскими гаплотипами (Клёсов, 2008с), за исключением четвертой от конца аллели,

которая у восточных славян, как и у всех европейцев, равна 12 (12.16 у восточных славян), и 13 (12.82) у секлеров. 10 гаплотипов этой ветви (один гаплотип перешел на левую ветвь при удлинении гаплотипа, см. ниже) содержат 70 мутаций, что дает 4,500 лет до общего предка.

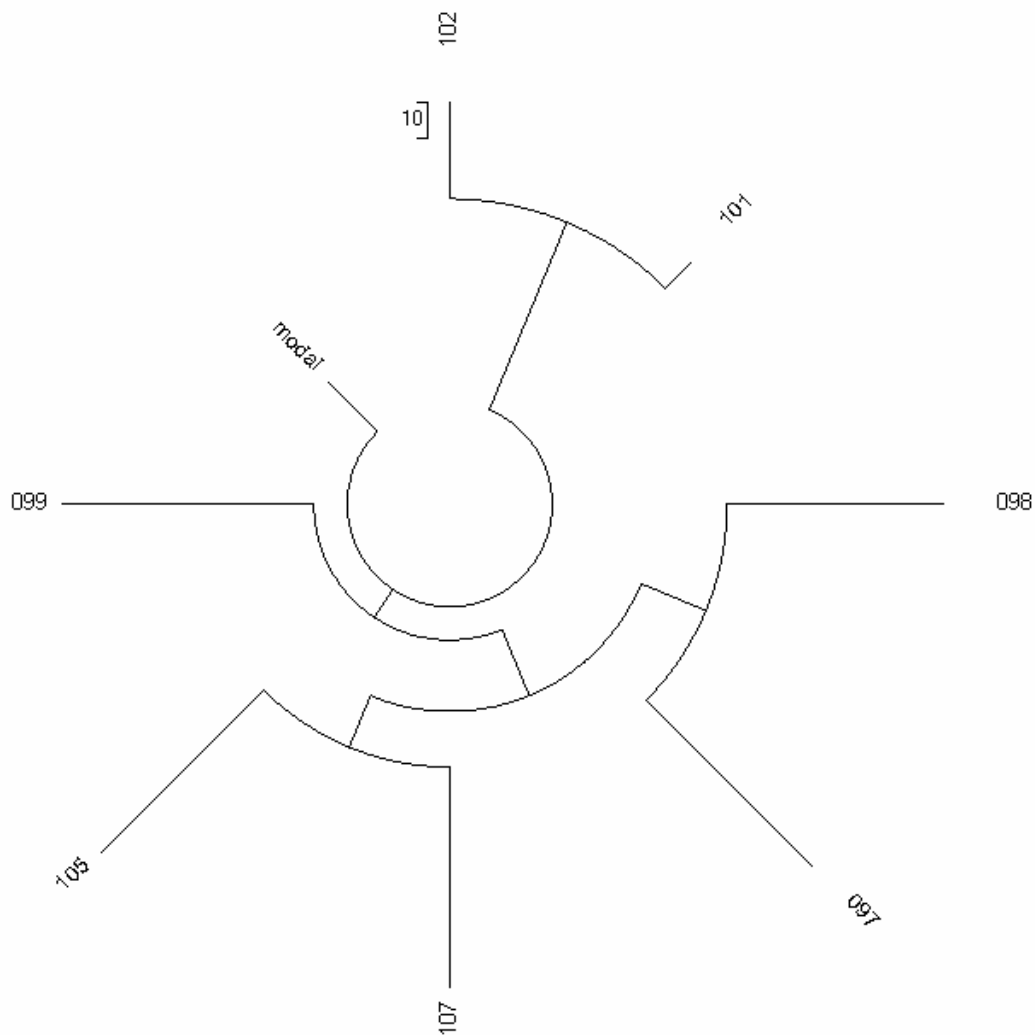


**Рис. 7. Дерево 37-маркерных гаплотипов секлеров гаплогруппы R1a1. В выборке – 9 гаплотипов.**

Если удалить гаплотипы 112 и 113, которые могут не принадлежать секлерам, как отмечалось выше, то оставшиеся 8 гаплотипов правой ветви

содержат 58 мутаций, что дает 4675 лет до общего предка. Базовый гаплотип остается тем же.

Удлинение гаплотипов до 37-маркерных подтвердило наличие двух принципиальных ветвей на дереве, каждая со своим общим предком (рис. 4).



**Рис. 8. Дерево 37-маркерных гаплотипов секлеров гаплогруппы R1a1. В выборке – 7 гаплотипов. Удалены гаплотипы 112 и 113 из выборки на рис. 7.**



Хотя число гаплотипов на дереве крайне мало, можно попытаться оценить базовый гаплотип для каждой ветви. Для левой ветви он

13-25-15(16)-10-11-14-12-12-11-13-11-30(29)-16-9-10-11-11-23(24)-14-20-32(31)-12-15-15-11-11-19-23-16(17)-16-18-19-34-38(39)-13-11

Здесь двойные аллели имеют место потому, что во всей ветви только четыре гаплотипа. Такая малая статистика не позволяет четко определить преобладающую аллель. Все четыре гаплотипа содержат 22 мутации на 25 маркерах, и 39 мутаций на 37 маркерах, что дает, соответственно, 3400 и 3025 лет до общего предка.

Если удалить гаплотипы 112 и 113, то дерево редуцируется еще больше (рис. 8).

Гаплотипы 101 и 102 принадлежат родственникам, и имеют только две мутации между собой. Это соответствует примерно 275 лет до их общего предка.

Базовый гаплотип для правой ветви (рис. 8)

13-25-15(16)-11-11-15-12-12-10-13-11-30-15-9-10-11-11-25(24)-14-20-32-12-14-15(14)-16-11-12-19-23-15-16-18-19-33-38-12-11

Все пять гаплотипов содержат 26 мутации на 25 маркерах, и 39 мутаций на 37 маркерах, что дает, соответственно, 3225 и 2400 лет до общего предка.

Жирным шрифтом показаны отличия в аллелях от восточно-славянского гаплотипа (на примере в основном России и Украины). Базовый гаплотип правой ветви отличается примерно на 13 мутаций, левой – на 6 мутаций на 37-маркерных гаплотипах. Это дает временное различие между их общими предками (с восточно-славянским гаплотипом) на 4225 и 1800 лет, соответственно. Это в свою очередь означает, что ИХ общий предок с восточно-славянским жил, соответственно, 5,900 лет (правая ветвь) и 4,900 лет (левая ветвь), соответственно. Иначе говоря, левая ветвь – это и есть отражение известного европейского общего R1a1 предка, практически единого для всей Европы, жившего примерно 4,800 лет назад, правая ветвь – отражение более древнего предка, предположительно покинувшего Европу примерно 6 тысяч лет назад, и возвратившего из

Азии (Алтай, Средняя Азия) или Предуралья намного позже, в первом тысячелетии нашей эры, и оставившего след у евреев и среди секлеров. Можно условно назвать его гуннским следом. Их – 11 гаплотипов среди 143 гаплотипов секлеров, то есть около 8%.

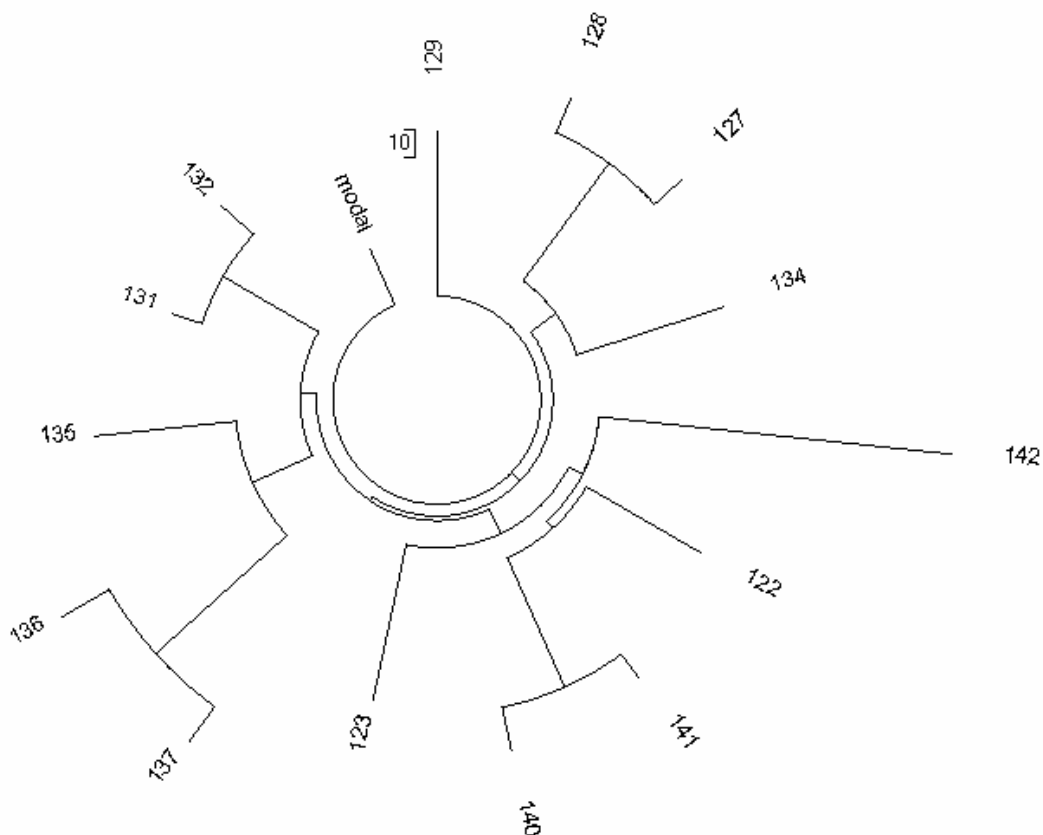
Еще одна гипотеза - что носители гаплогруппы R1a1 пришли с востока в начале нашей эры вместе с потоком гуннов, имея общего предка, жившего примерно 6000 лет назад. Потомки этого общего предка инициировали и общего предка восточных славян, которого мы «видим» 4850 лет назад, и общего предка евреев, которого мы «видим» 1350 лет назад, и общего предка секлеров, которого мы «видим» 4850 лет назад. А на самом деле, согласно этой гипотезе, эта гаплогруппа принесена в Европу якобы только в начале нашей эры.

Эта гипотеза маловероятна потому, что потомков этого древнего общего предка на Урале или в Средней Азии не обнаружено. Все гаплотипы указывают на общего предка примерно 4800 лет назад, такого же, как и в Восточной Европе. В те времена гаплогруппа R1a1 двигалась с запада на восток. Более того, на предпочтительность первой гипотезы указывает не только наличие древних гаплотипов на Балканах, с возрастом общего предка 11600 лет назад (Клэсов, 2008d), но и то, что в Европе (в Германии) обнаружены останки носителей гаплогруппы R1a1, изотопный анализ которых дал возраст 4600 лет (Haak et al, 2008).

Так что если гунны и принесли обратно гаплогруппу R1a1 в Европу в начале нашей эры, то она «наслоилась» на древнюю европейскую R1a1. Это не исключено, и поэтому это наложение указывает на общего предка R1a1, жившего примерно 6000 лет назад. Такого предка в европейских гаплотипах напрямую пока не обнаружено, но вторичные следы есть (см. «Письмо тринадцатое» в последнем разделе настоящего выпуска). По-видимому, гунны принесли в Трансильванию также другие гаплогруппы, например, Q, а также R1b, если она отлична от древней «западноевропейской». Но ниже будет показано, что секлеры имеют совершенно типичные западноевропейские R1b1b2 гаплогруппы.

## Гаплогруппа R1b1b2

Хотя гаплотипы этой серии типированы только как R1b1, их вид указывает на гаплогруппу R1b1b2. Так, маркер DYS390 имеет во всех гаплотипах R1b1 секлеров аллель 24 или 23, а не 19, что указывало бы на «азиатскую» гаплогруппу R1b1b1. Таким образом, маловероятно, чтобы гаплогруппа R1b1b2 секлеров была принесена гуннами из Азии. Это – типичная «западноевропейская» гаплогруппа.



**Рис. 9.** Дерево 37-маркерных гаплотипов тех, кто считает себя секлерами, гаплогруппа R1b1b2. В выборке – 14 гаплотипов. Видно, что удаление отдельно стоящих гаплотипов «условных» секлеров 142 и 135 только упорядочит дерево.

Из 16 человек, называющих себя секлерами или попавших в выборку R1b данного исследования, только двое ими не являются – номера гаплотипов 135 и 142 (рис. 9). Оба они выпадают из ветвей секлеров на дереве

гаплотипов, особенно номер 142. который сидит на одной «ветви», а точнее, в паре с гаплотипом гаплогруппы N. Оставшиеся 14 гаплотипов секлеров образуют довольно компактную группу, за исключением пары 136 и 137, которые, впрочем потомки секлеров регистра 1602 года.

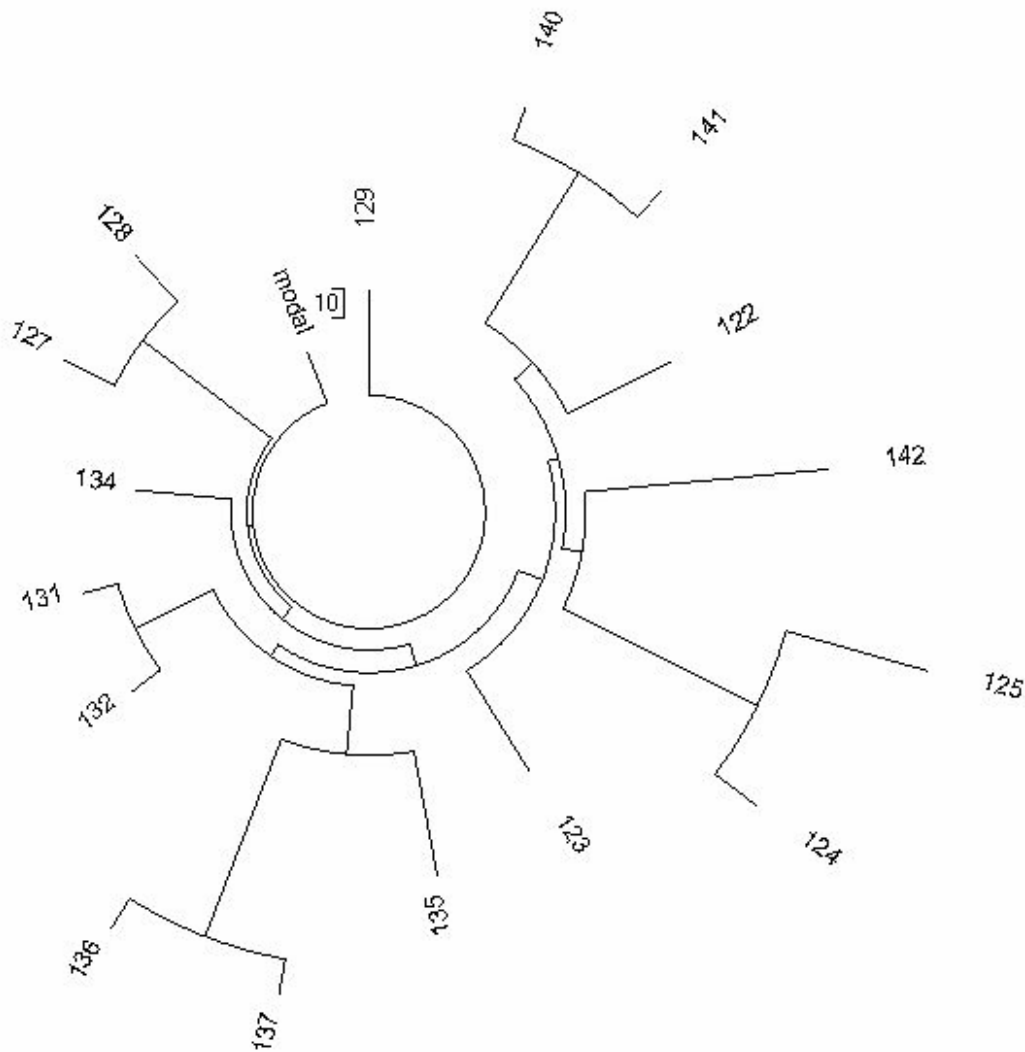


Рис. 10. Дерево 25-маркерных гаплотипов секлеров гаплогруппы R1b1b2. В выборке - 16 гаплотипов. Опять, изъятие гаплотипов «условных секлеров» 142 и 135 только упорядочит дерево, но не приведет к уменьшению времени до общего предка.

Базовый 37-маркерный гаплотип секлеров гаплогруппы R1b1b2 следующий:

13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29-17-9-10-11-11-25-15-19-29-15-15-17-17-11-11-19-23-16-15-18-17-35-38-12-12

Это - классический АМГ, Атлантический модальный гаплотип, самый распространенный европейский гаплотип группы R1b1b2. Он определенно не мог быть принесен гуннами в Европу в первых столетиях нашей эры. Типичный возраст этого гаплотипа в Европе - около 4500 лет до общего предка.

В данном случае все двенадцать 37-маркерных гаплотипов секлеров содержат 150 мутаций, что дает 4050 лет до общего предка. Те же гаплотипы, но в 25-маркерном варианте, содержат 85 мутаций, что дает 4575 лет до общего предка. Так что и в этом отношении - это типичный европейский предковый гаплотип. Собственно, если и не удалять два гаплотипа условных секлеров, то время до общего предка окажется 4200 лет (181 мутация на 14 гаплотипов) в 37-маркерном варианте, и 4575 лет (99 мутаций на 14 гаплотипов) в 25-маркерном варианте.

37- и 25-маркерные деревья гаплотипов очень похожи (рис. 9 и 10), и оба демонстрируют одного общего предка для всей выборки. Гаплотип 129 сидит особняком, но только потому, что имеет необычную аллель в паре DYD385a,b. Если для большинства гаплотипов там предковые аллели 11-14, то у гаплотипа 129 там 9-14.

## Гаплогруппа Q

Базовый 37-маркерный гаплотип секлеров гаплогруппы Q следующий:

13-24-13-10-13-16-12-12-11(12)-13-17-28-18-9-9-11-11-29-14-22-28-15-16-16-17-11-10-21-21-16-17-18(19)-16-36-38(39)-12-11

Поскольку этих гаплотипов среди рассматриваемой выборки секлеров всего четыре, в ряде маркеров аллели не разрешены между двумя вариантами. Но глядя на мутации сразу видно, что общий предок этих гаплотипов жил сравнительно недавно. Все четыре 25-маркерных

гаплотипа содержат 9 всего мутаций, все 37-маркерные – 16 мутаций. Это дает всего 1300 и 1175 лет до общего предка. Иначе говоря, общий предок данной выборки секлеров жил в 8-9-м веке нашей эры. Вот это мог быть прямой потомок гуннов.

Интересно, что гаплогруппа Q у евреев имеет совершенно другой базовый гаплотип (Klyosov, 2008):

13-22-13-10-14-16-12-12-12-13-15-29-17-9-9-11-11-25-14-19-29-14-15-15-16-10-9-19-19-15-14-17-16-33-38-12-11

Мутационное расстояние между ними – 19 мутаций на первые 25 маркеров, и 34 мутации на 37 маркеров. Это составляет 17125 и 14800 лет, соответственно. Но общий предок гаплотипов группы Q евреев жил всего  $675 \pm 125$  лет назад. На это указывает совсем малое число мутаций в гаплотипах: пять 25-маркерных гаплотипов из одной выборки содержали 6 мутаций, и те же, но 37-маркерных гаплотипов содержали 10 мутаций. Это дало 675 и 550 лет до общего предка. 29 гаплотипов другой выборки содержали 35 и 89 мутаций на 25- и 37-маркерные гаплотипы, что дало 675 и 875 лет до общего предка. Усреднение этих и других величин по 12- и 66-маркерным гаплотипам дало указанную выше среднюю величину расстояния до общего предка.

Отсюда можно рассчитать расстояние до общего предка гаплогруппы Q у секлеров и евреев. Оно равно  $[1300+675+(14800-17125)]/2 = 8400 - 9600$  лет. Это уже разумный возраст для древнего предка в составе гаплогруппы Q.

Отсюда вытекает, что если гаплогруппу Q секлерам принесли действительно гунны, то они не имели отношения к появлению этой гаплогруппы у евреев. У секлеров и евреев гаплогруппы Q совершенно разные предки, хотя у обеих популяций гаплогруппа Q появилась относительно недавно – в 8-9 веке и 14-м веке нашей эры, соответственно. Эта гаплогруппа у евреев могла иметь тюркское происхождение, появиться у хазарских евреев, пройти бутылочное горлышко популяции во время европейской эпидемии чумы в 14-м веке, и уже с того времени повести новую генеалогическую линию среди европейских евреев, бежавших в Литву и Польшу. А у секлеров в Трансильвании так и продолжалась линия гуннов, принесенная в первой половине первого тысячелетия нашей эры.

## Попытка разобраться с древними общими предками секлеров, евреев, и остальных современных носителей гаплогруппы Q

### 12-маркерные гаплотипы

Характерно, что наиболее распространенные в наше время гаплотипы гаплогруппы Q не похожи на гаплотипы ни секлеров, ни евреев. Это – другая семья гаплотипов. В базе данных FTDNA в 12-маркерном варианте имеется 310 гаплотипов гаплогруппы Q, из них 40 – следующих:

13-23-13-10-14-16-12-12-11-13-14-30

Это – недавний (как будет показано ниже) общий предок группы современных носителей гаплогруппы Q.

Для сравнения, у секлеров предковый гаплотип

13-24-13-10-13-16-12-12-11(12)-13-17-28

Это составляет 7 мутаций на 12-маркерном гаплотипе (!) от преобладающих современных носителей гаплогруппы.

У евреев предковый гаплотип

13-22-13-10-14-16-12-12-12-13-15-29

Это дает 4 мутации на 12-маркерном гаплотипе от той же недавней группы современных носителей гаплогруппы Q.

Между евреями и секлерами – 6 мутаций на 12-маркерном гаплотипе.

Это все соответствует взаимным расстояниям между общими предками в 5550 лет (евреев от самого распространенного современного гаплотипа), 9300 лет (евреев от секлеров), 11550 лет (секлеров от наиболее распространенного гаплотипа).

Это – важные цифры, которые позволяют оценить, когда жили ОБЩИЕ предки всех этих популяций. А именно те, потомки которых, пройдя

бутылочное горлышко популяций, дали современные популяции евреев, секлеров, и наиболее широко распространенной группы носителей гаплогруппы Q.

40 базовых из 310 12-маркерных гаплотипов помещают общего предка наиболее распространенных современных гаплотипов гаплогруппы Q на 103 поколения, или 2600 лет назад. В этих же 310 гаплотипах имеется 1685 мутаций, но базовый гаплотип уже несколько отличается:

13 23 13 10 14 **17** 12 12 **12** 13 14 30

Иначе говоря, этот базовый гаплотип представляет собой наложение (суперпозицию) по меньшей мере двух гаплотипов – наиболее распространенного современного, и гаплотипа древнего предка. Возраст этого фантома – 8200 лет.

Тот факт, что одна и та же серия гаплотипов дает возраст общего предка в 2600 и 8200 лет, означает, что в серии действительно имеется несколько общих предков, причем наиболее недавний жил значительно раньше, чем 2600 лет назад. Но ни к секлерам, ни к евреям он прямого отношения не имеет.

Обращает на себя внимание, что в базе данных YSearch, в отличие от FTDNA, наиболее встречаемые гаплотипы (25 из 331)

13 22 13 10 14 16 12 12 12 13 15 29

Это – в точности предковый гаплотип евреев, приведенный выше. Точнее, это гаплотип, который проник в среду евреев семь веков назад.

25 базовых из 331 гаплотипов соответствует 3325 лет до общего предка. Вся серия из 331 гаплотипа содержит 1960 мутаций, что дает 9175 лет до общего предка, имеющий «фантомный» базовый гаплотип

13 **23** 13 10 14 **17** 12 12 12 13 **14** 29

Итак, общие предки двух современных популяций гаплогруппы Q, по данным баз данных FTDNA и YSearch, жили 2600-3325 лет назад, и 8200-9175 лет назад. Обе цифры искажены за счет смеси гаплотипов от разных общих предков в одной серии гаплотипов, но дают представление о том,



что общие предки действительно жили в разные времена. Но цифра 2600-3325 лет назад может быть искажена настолько, что на самом деле быть равной, например, 500-700 лет назад, или даже ближе к нашему времени. Она базируется на числе одинаковых гаплотипов из неизвестной по количеству серии. То есть в данном случае она практически бесполезна, и просто указывает на наличие относительно молодой популяции среди гаплотипов гаплогруппы Q, и дает базовый гаплотип этой популяции. Это, повторяем, два варианта

13-23-13-10-14-16-12-12-11-13-14-30

13-22-13-10-14-16-12-12-12-13-15-29

числом 40 (из 310) и 25 (из 331).

Поскольку предковый гаплотип евреев от общего предка, жившего 675 лет назад, следующий

13-22-13-10-14-16-12-12-12-13-15-29

то можно полагать, что недавняя популяция в гаплогруппе Q – это именно популяция евреев в базе данных YSearch, и несколько другая – в базе данных FTDNA. Внеся соответствующую поправку в расчеты, можно вычислить, что общий предок современной популяции гаплогруппы Q за вычетом недавней популяции евреев (306 человек в базе данных YSearch) жил 8150 лет назад (1660 мутаций на 306 12-маркерных гаплотипов). Как видно, это число не столь далеко от 8200-9175 лет назад, определенное выше без поправок.

Напомним, что нами производится попытка анализа сложной ситуации наличия нескольких общих предков в смешанной популяции, и имеет скорее иллюстративный характер. Но суть вырисовывается довольно определенно: древний предок гаплогруппы Q, причем предок современных носителей гаплогруппы (а не тех, которые давно вымерли, не оставив выжившего потомства) жил примерно 8150 лет назад, общий предок секлеров жил намного позже, 1300-1175 лет назад, в 8-9 веке нашей эры, и был определенно пришельцем с другой территории, начав линию секлеров в Трансильвании, и его гаплотип совершенно отличается от гаплотипа общего предка евреев. Это, собственно, и важно знать для понимания генезиса секлеров гаплогруппы Q.

## 25-маркерные гаплотипы

Посмотрим на 25-маркерные гаплотипы – насколько они подтвердят или изменят «историческую реконструкцию», приведенную выше. Поскольку число маркеров здесь удваивается, то точность оценок повышается.

В той же базе FTDNA данных имеются 180 25-маркерных гаплотипов гаплогруппы Q, из которых 14 идентичны друг с другом

13 23 13 10 14 16 12 12 11 13 14 30 16 9 9 11 11 26 14 19 30 14 14 18 18

и во всех имеются 2429 мутаций от следующего базового гаплотипа:

13 23 13 10 14 **17** 12 12 **12** 13 14 30 16 9 9 11 11 26 14 19 30 14 **15 15 17**

В базе данных YSearch (см. ниже) первый гаплотип совершенно такой же (10 человек из 167), за исключением разницы в четыре мутации на предпоследнем маркере, второй такой же на первых 12 маркерах, и отличается на четыре мутации на второй панели из 13 маркеров.

14 базовых гаплотипов и 2429 мутаций на 180 гаплотипов дают 1500 и 10350 лет до общего предка. С базовым 25-маркерным гаплотипом секлеров эти гаплотипы имеют 23 и 21 мутации, соответственно, что дает 23325 и 20075 лет разницы. Это помещает общего «недавнего» предка наиболее современных носителей гаплогруппы Q и секлеров той же гаплогруппы на 13 тысяч лет назад, а древнего предка современных носителей гаплогруппы Q и секлеров на 15900 лет назад. Эта датировка уже более соответствует ожидаемой для общего предка гаплогруппы Q.

Наиболее часто встречаемые 25-маркерные гаплотипы в базе данных YSearch

13 23 13 10 14 16 12 12 11 13 14 30 16 9 9 11 11 26 14 19 30 14 14 14 18

уже отличаются от гаплотипов евреев (которые были в основном 12-маркерными, и не попали в 25-маркерную выборку),

13 **22** 13 10 14 16 12 12 11 13 **15 29 17** 9 9 11 11 **25** 14 19 **29** 14 **15 15 16**

и имеют с ними 3 мутации на 12-маркерных базовых гаплотипах и 10 мутаций на 25-маркерных. От 25-маркерного базового гаплотипа секлеров дистанция – в 23 мутации! Почти ничего общего. Это опять показывает, что гаплотипы секлеров группы Q принципиально отличаются в отношении общего предка от наиболее популярных современных гаплотипов гаплогруппы Q. Что это за недавняя популяция, которая, видимо, не относится к евреям, и имеет общего предка, который жил менее 1500 лет назад, то есть позже 6-го века нашей эры, пока неизвестно.

Базовый «фантомный» гаплотип в базе данных YSearch содержит 2146 мутаций на 167 гаплотипов, что соответствует 9675 лет до общего предка (10350 лет по базе FTDNA, см. выше).

13 23 13 10 14 **17** 12 12 12 13 14 30 **17** 9 9 11 11 26 14 19 **29** 14 14 **15 16**

Он отличается на семь мутаций от наиболее популярного гаплотипа в YSearch.

### **37-маркерные гаплотипы**

В серии из 101 37-маркерных гаплотипа гаплогруппы Q в базе данных FTDNA имеются шесть идентичных гаплотипов

13 23 13 10 14 16 12 12 11 13 14 30 16 9 9 11 11 26 14 19 30 14 14 18 18 10 11 19  
23 17 14 18 17 34 35 11 11

что дает 800 лет до общего предка. Он на девять мутаций отличается от «фантомного» гаплотипа древнего предка, в структуру которого сам вносит вклад за счет суперпозиции.

13 23 13 10 14 **17** 12 12 **12** 13 14 30 16 9 9 11 11 26 14 19 30 14 14 **15 17** 10 11 19  
23 **15** 14 18 17 34 **36** 11 11

Иначе говоря, мутаций на самом деле может быть больше, хотя и девять мутаций на 37-маркерных гаплотипах означают дистанцию между общими предками в 2775 лет.

Поскольку в 101 гаплотипе имеются 2340 мутаций от этого «фантомного» базового гаплотипа, это означает, что древний предок жил не менее 8600 лет назад. Поэтому на самом деле разница должна быть не 9, а 22 мутации. Вот так структура современных гаплотипов влияет на «минимизированную» по мутациям структуру «фантомного» древнего базового гаплотипа.

В базе YSearch имеется пять идентичных 37-маркерных гаплотипов из 115

13 23 13 10 13 21 12 12 12 12 14 30 18 9 10 11 12 27 15 19 29 14 14 15 15 10 11 19  
22 17 15 17 20 33 36 12 12

Они отличаются от гаплотипов евреев на 33 мутации на 37-маркерных гаплотипах, и от гаплотипов секлеров на 46 мутаций (!!). Это – фантастически большая разница между общими предками, формально соответствующая 24 тысячи лет. Поскольку общий предок секлеров гаплогруппы Q жил 1300 лет назад, и общий «фантомный» предок для 115 человек (гаплотипов)

13 23 13 10 14 17 12 12 12 13 14 30 16 9 9 11 11 26 14 19 29 14 14 15 16 10 11 19  
22 16 14 18 17 34 36 12 11

8100 лет назад (2542 мутаций на 115 гаплотипов), то ИХ общий предок жил  $(1300+8100+24000)/2 = 16700$  лет назад. Это близко к разумным 15900 лет назад, полученным выше для 25-маркерных гаплотипов.

Основной вывод отсюда тот, что гаплотипы группы Q секлеров происходят от древнего предка, но не того, от которого происходят большинство современных гаплотипов той же гаплогруппы. Это может служить дополнительным свидетельством в пользу происхождения части секлеров от гуннов, носителей гаплогруппы Q. Но доля их среди современных секлеров (всех гаплогрупп) мала, всего 3%. Можно добавить это количество к 8% «гуннским» (предположительно) гаплогруппам R1a1.

## Гаплогруппа G2

Среди секлеров – только семь носителей 25-маркерных гаплотипов (из них три родственника с идентичными гаплотипами), и из них только четверо имеют 37-маркерные. Базовый 37-маркерный гаплотип – следующий:

14-22-15-10-15-16(17)-11-12-12(11)-11-10-27(28)-18-9-9-11-11-25(26)-16-21-29-13-13-14-14-10-10-19-21-15-15-15-19-39-39-12-10

Во всех четырех гаплотипах – 14 мутаций, что дает 1025 лет до общего предка, 10-й век нашей эры. 25-маркерные гаплотипы дают 10 мутаций на тех же четырех гаплотипах, что дает 1450 лет до общего предка, или 6-й век нашей эры. Вполне может быть гуннский след.

На пять 25-маркерных гаплотипов (убрав двух близких родственников из трех) – при том же базовом гаплотипе – приходится 18 мутаций, что дает 2150 лет до общего предка. Разница с 1450 лет вызвана тем, что эти три родственника дают отдельную подветвь в группе G2 секлеров, и общий предок обеих подветвей жил 2150 лет назад. Это – конец старой эры.

Приведенные выше базовый гаплотип секлеров гаплогруппы G2 значительно отличается от базового гаплотипа евреев гаплогруппы G2 (различия показаны жирными цифрами) возрастом 4000 лет (Клёсов, 2008)

14-22-15-10-**14-15**-11-13-12-12-11-**29**-18-9-9-11-11-**23**-16-21-**30-12-12-12-12-11-**10-**21-21-14-14-16-19-33-33-11-10**

Различия составляют 32-35 мутаций на 37-маркерные базовые гаплотипы. Это соответствует 13550-15500 лет между ИХ общими предками, который жил примерно 9900-10800 лет назад.

Таким образом, наблюдается примерно та же картина – древний предок гаплогруппы G2 дал две совершенно различные генеалогические линии, одна из которых привела к современным евреям, другая – к современным секлерам. Обе ветви относительно недавние, но значительно отличаются друг от друга в отношении базовых гаплотипов.

## Гаплогруппа E1b1b1 (M35)

Секлеры имеют в этой группе только пять 37-маркерных гаплотипов, и 14 25-маркерных. В этой группе есть еще один «условный» секлер, предков которого нет в воинском регистре (гаплотип 004), но он хорошо укладывается в общую ветвь.

37-маркерные гаплотипы имеют следующий базовый гаплотип:

13-24-13-10-16-18-11-12-12-13-11-30-17-9-9-11-11-25(26)-14-20-33-14-16-17-  
**18-9-11-19-21-16-12-17(18)-19(20)-32-34-11-10**

Все пять гаплотипов имеют 64 мутации в их 25-маркерных фрагментах, и 99 мутаций в 37-маркерных гаплотипах, что дает 9625 и 7025 лет до их общего предка. Предок столь древний, потому что один гаплотип (015) сидит совершенно в отдалении от остальных четырех. Для группы из четырех относительно близких секлеров общий предок жил 5925 или 4675 лет назад (35 мутаций в 25-маркерных гаплотипах, и 57 мутаций в 37-маркерных), соответственно.

Дерево 25-маркерных гаплотипов выявляет три ветви, по четыре и пять гаплотипов в каждой. Если считать время жизни общего предка этих гаплотипов без разделения на ветви, основываясь на том, что все 14 гаплотипов имеют общего предка с базовым гаплотипом

13-24-13-10-16-18-11-12-12-13-11-30-16-9-9-11-11-26-14-20-33-14-16-17-17

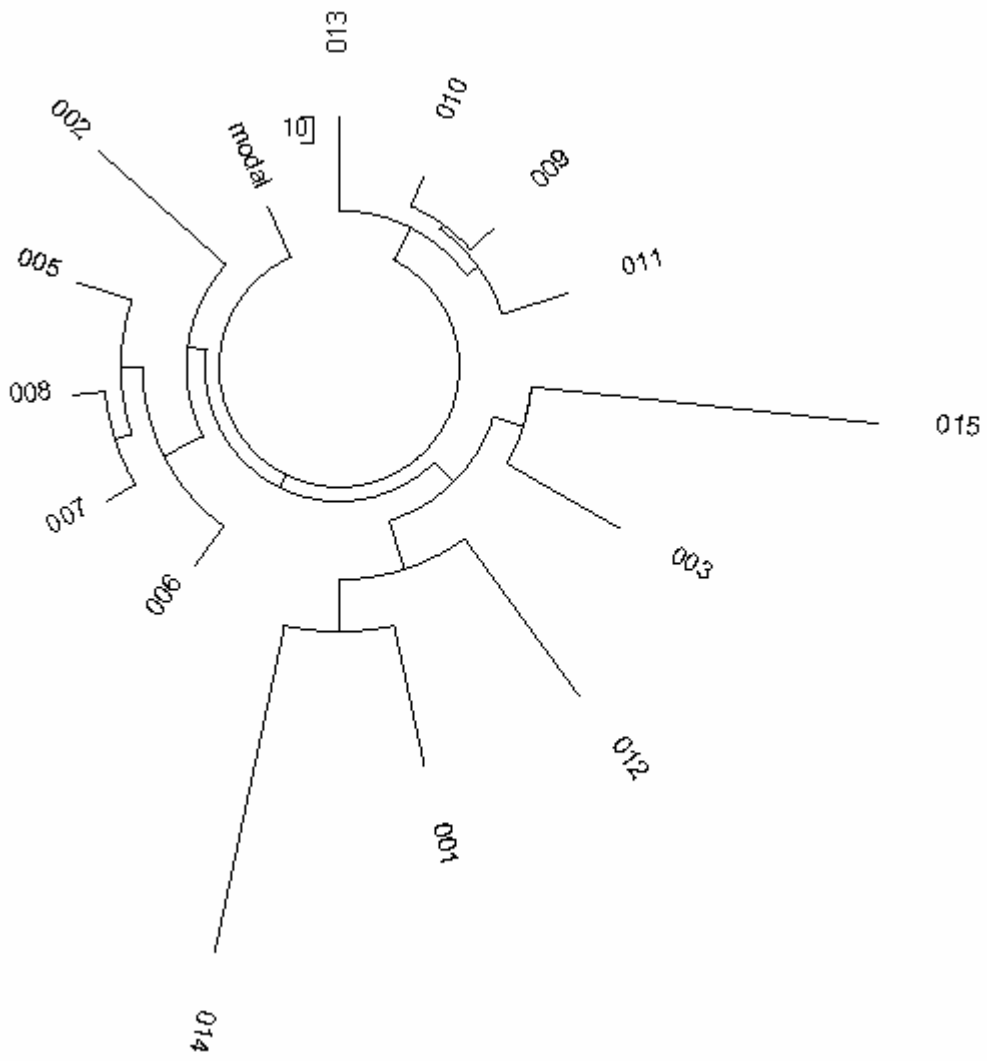
и содержат 122 мутации, то это соответствует 5875 лет. Но так считать неверно, поскольку происходит усреднение возраста недавних и древних предков, представленных ветвями на рис. 11.

Вместо этого представим три базовых гаплотипа общих предков, по каждой из ветвей.

Ветвь справа вверху:

13-24-13-10-16-18-11-12-12-13-11-30-16-9-9-11-11-26-14-**19**-34-14-16-17-17

Эта ветвь отличается всего лишь одной мутацией на 25 маркерах от базового 25-маркерного гаплотипа для всего дерева, приведенного выше.



**Рис. 11. Дерево 25-маркерных гаплотипов секлеров гаплогруппы E1b1b1. В выборке - 14 гаплотипов.**

Данная ветвь (справа вверху) содержит всего 3 мутации, что соответствует 400 лет до общего предка.

Ветвь слева из шести гаплотипов имеет базовый гаплотип

**13-24-13-10-16-18-11-12-12-13-11-30-15-9-9-11-11-26-14-20-33-16-17-18-18**

и содержит 9 мутаций, что дает 850 лет до общего предка. Но с предыдущей ветвью их разделяет 8 мутаций на 25-маркерных гаплотипах, что дает 5300 лет мутационной разницы между ними. Иначе говоря, ИХ общий предок жил  $(400+850+5300)/2 = 3275$  лет назад.

Наконец, третья ветвь, справа внизу на рис. 11, имеет базовый гаплотип

13-24-13-10-16-18-11-12-12-14-11-31-17-9-9-11-11-25-14-20-31-14-16-16-17

Все пять гаплотипов содержат 58 мутаций, что дает 8400 лет до общего предка. Более того, этот гаплотип отличается на 9 мутаций от первой ветви (6075 лет мутационной разницы), и на 13 мутаций от второй ветви (9825 лет мутационной разницы). Это помещает общего предка первой и третьей ветви на  $(400+8400+6075)/2 = 7400$  лет назад, и второй и третьей ветви на  $(850+8400+9825)/2 = 9500$  лет назад. Вот тогда и жил общий предок гаплогруппы E1b1b1 секлеров. Это примерно совпадает и с датировкой 9625 лет назад, полученной при анализе пяти 37-маркерных гаплотипов секлеров по их 25-маркерным гаплотипам.

Первые 12 маркеров первых двух ветвей имеют наиболее часто встречаемые аллели среди гаплотипов в базе данных YSearch и FTDNA:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30

Имеется 60 таких гаплотипов из 1415 гаплотипов в базе данных YSearch, и 77 таких же гаплотипов из 1266 в базе данных FTDNA.

Базовый 25-маркерный гаплотип в базах YSearch и FTDNA идентичен друг другу:

13 24 13 10 16 18 11 12 12 13 11 30 16 9 9 11 11 26 14 20 32 14 16 16 17

Он на 4, 8 и 5 мутаций отличается от базовых гаплотипов трех ветвей, перечисленных выше. Это соответствует 2400, 5300 и 3050 лет между общими предками. Поскольку 800 гаплотипов в базе данных YSearch имеют 7992 мутации по отношению к данному гаплотипу, это соответствует 6925 лет до общего предка (в базе FTDNA 789 гаплотипов имеют 7836 мутаций, и приводят практически к тому же результату, а именно 6900 лет до общего предка). Отсюда можно рассчитать, что общий предок данных трех ветвей на рис. 11 и базового гаплотипа в базе



данных жил  $(400+6925+2400)/2 = 4900$ ,  $(850+6925+5300)/2 = 6500$ , и  $(8400+6925+3050)/2 = 9200$  лет назад. Опять мы пришли к тому же древнейшему общему предку секлеров и гаплотипов из базы данных YSearch.

Предки секлеров гаплогруппы E1b1b1 принесли в Трансильванию древний базовый гаплотип возрастом примерно 9500 лет, и повели его – в результате генетического дрейфа – от предка, жившего 8400 лет назад. Это и есть самый древний прямой предок секлеров. Две уже намного более поздние линии той же гаплогруппы E1b1b1 появились в среде секлеров «со стороны» 850 и 400 лет назад, то есть примерно в 12-м и 17-м веках нашей эры.

## Гаплогруппа I1

В выборке имеются только два 37-маркерных гаплотипа секлеров, причем умеренно родственных (см. рис. 1, номера 028 и 036). Они различаются семью мутациями на 37-маркерных гаплотипах, что соответствует примерно 1060 лет до их общего предка, 10-й век нашей эры. Поэтому рассмотрим семь 25-маркерных гаплотипов данной гаплогруппы. На самом деле там, включая «условных» секлеров, девять гаплотипов, но оба «условных» отстоят далеко от довольно компактной группы секлеров, потомков секлеров по воискому регистру 1602 года.

25-маркерные гаплотипы расходятся на две подветви, как видно из рис. 3, и подтверждается гаплотипами. Одна серия гаплотипов (028, 029, 030 и 031) имеет следующий базовый (предковый) гаплотип:

13-22-14-10-13-14(15)-11-14-11-12-11-28-15-8-9-8-11-24-16-20-29-12-14-15-15(16)

В этой серии – 8 мутаций на сто маркеров (четыре 25-маркерных гаплотипа), что соответствует 1150 годам до их общего предка.

Во второй серии – тоже 8 мутаций, но уже на три гаплотипа. Это соответствует 1550 лет до их общего предка. Базовый гаплотип их следующий:

14-22-14-10-14-14-11-14-11-12-11-29-15-8-9-8-11-23-16-20-29-12-14-15-16

Между этими базовыми гаплотипами - четыре мутации. Это соответствует разнице 2400 лет между ИХ общими предками. Это означает, что ИХ общий предок, то есть общий предок семи секлеров гаплогруппы I1 жил  $(1150+1550+2400)/2 = 2550$  лет назад, в середине первого тысячелетия до нашей эры.

Если не делить эти семь гаплотипов по подветвям, то их суммарный базовый гаплотип

13-22-14-10-13(14)-14-11-14-11-12-11-28-15-8-9-8-11-23-16-20-29-12-14-15-16

Все 7 гаплотипов имеют 33 мутации от данного базового гаплотипа, что дает 2475 лет до общего предка этой группы секлеров. То есть практически та же самая величина, что получена при разделении ветвей. Кстати, данный базовый гаплотип - в точности гаплотип номер 028, который имеется в 37-маркерном варианте:

13-22-14-10-13-14-11-14-11-12-11-28-15-8-9-8-11-23-16-20-29-12-14-15-16-10-10-19-21-14-14-16-22-35-35-12-10

Это - разумная величина для общих предков гаплогруппы I1, которые редко превышают три с лишним тысячи лет.

Интересно, что на первых 12 маркерах это - наиболее часто встречаемый современный гаплотип в базах данных YSearch и FTDNA, гаплогруппа I1:

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28

Из 1983 12-маркерных гаплотипов гаплогруппы I1 в базе YSearch таких идентичных гаплотипов 222. Формально это дает  $\ln(1983/222)/0.022 = 100$  поколений до общего предка, с поправкой на возвратные мутации - 111 поколений, или 2775 лет, что близко к найденной величине для секлеров (2475 лет). На самом деле это - нижняя граница, и общий предок мог жить несколько ближе к нашему времени, поскольку 1983 гаплотипов могут включать потомков и более отдаленных предков, если такие имелись. Это можно проверить по базовому гаплотипу древнего предка по той же базе данных YSearch, по отношению к которому все 1983 гаплотипа имеют минимальное количество мутаций:

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28

Это – тот же самый гаплотип, который и наиболее часто встречаемый (см. выше). Для всех 1983 гаплотипов в базе данных по отношению к этому гаплотипу имеются 5260 мутации, что дает 3450 лет до общего предка I1. Это, видимо, более разумная величина, так как несовпадение расстояний до общего предка, полученных логарифмическим способом (2775 лет) и счетом по мутациям (3450 лет) показывает, что в выборке имеются потомки по меньшей мере двух разных общих предков, более недавних и более древних.

Проверим это на 25-маркерных гаплотипах из YSearch. Наиболее встречаемый гаплотип (25 из 1564 гаплотипов)

13 22 14 10 13 13 11 14 12 12 11 27 15 8 9 8 11 22 16 20 26 12 14 15 15

Он примерно на 8 мутаций отличается от базового гаплотипа секлеров. А вот более древний базовый гаплотип из YSearch отличается от базового гаплотипа секлеров только на одну мутацию (отмечено):

13 22 14 10 13 14 11 14 11 12 11 28 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16

Это дает разницу между двумя базовыми гаплотипами только в 550 лет. Поскольку в базе YSearch в приведенных 1564 25-маркерных гаплотипах имеется 9299 мутаций, это указывает на время жизни общего предка 3725 лет назад. И тогда общий предок базового гаплотипа секлеров гаплогруппы I1, живший 2475 лет назад, и общий предок гаплотипов в базе данных, живший 3725 лет назад, имеют ИХ общего предка, которой жил  $(2475+3725+550)/2 = 3375$  лет назад.

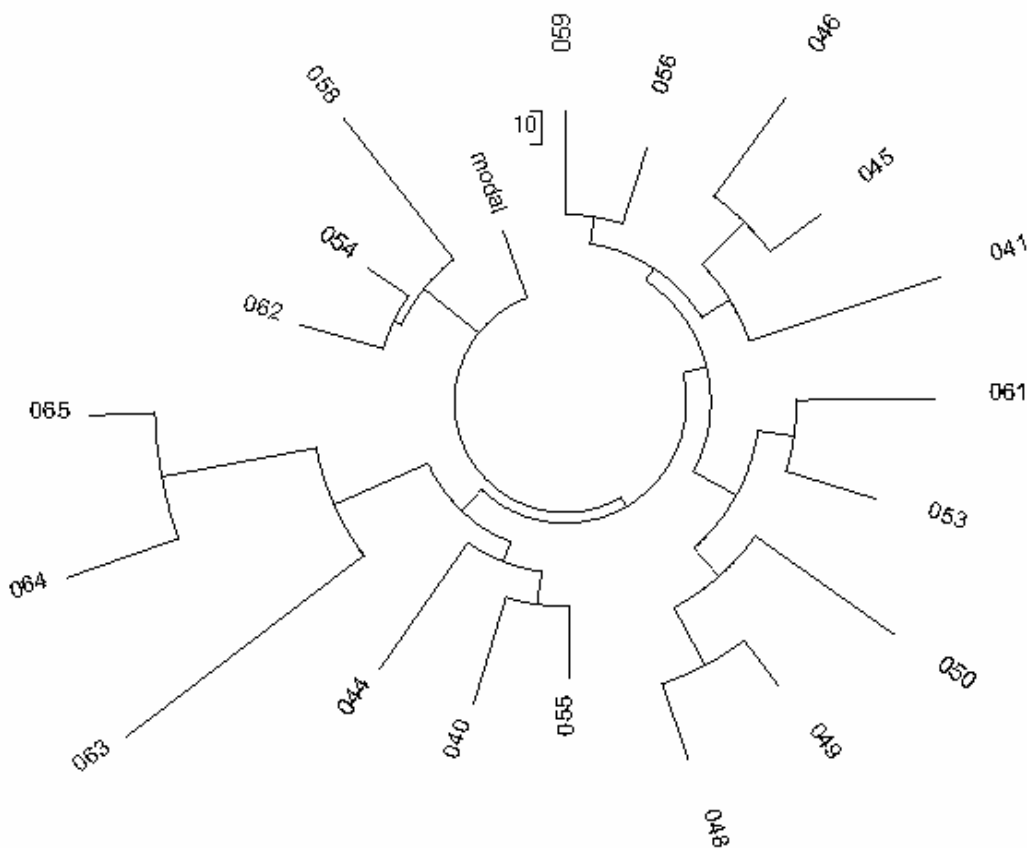
Поскольку все эти величины одного порядка, то общий предок гаплотипов в базе данных и гаплотипов секлеров практически один и тот же, и он жил между 3000 и 4000 лет назад. Его прямой потомок, живший 2475 лет назад, и есть прямой прародитель рассматриваемых в этом разделе восьми секлеров. Это – пятый век до нашей эры. Его вряд ли принесли с собой гунны, поскольку гаплогруппы I1 в Азии практически нет, за исключением небольшого количества среди евреев, в Иордании, и в Турции, с возрастом общего предка примерно 3800 лет. Европейские общие предки гаплогруппы I1 жили те же 3000-4000 лет назад – в Скандинавии 3450 лет назад, в Западной Европе в целом (Австрия,

Швейцария, Франция, Бенилюкс, Италия, Испания – 3500 лет назад,  
Восточная Европа – 3300 лет назад.

Так что гаплогруппа I1 секлеров – европейское наследие.

## Гаплогруппа I2a

Как видно из рис. 12, все ветви 25-маркерного дерева гаплотипов секлеров гаплогруппы I2a примерно близкого возраста, включая и три гаплотипа (054, 058 и 062), которые стоят особняком. Поэтому рассчитаем возраст их общего предка без подразделения по ветвям, статистика по которым недостаточна.

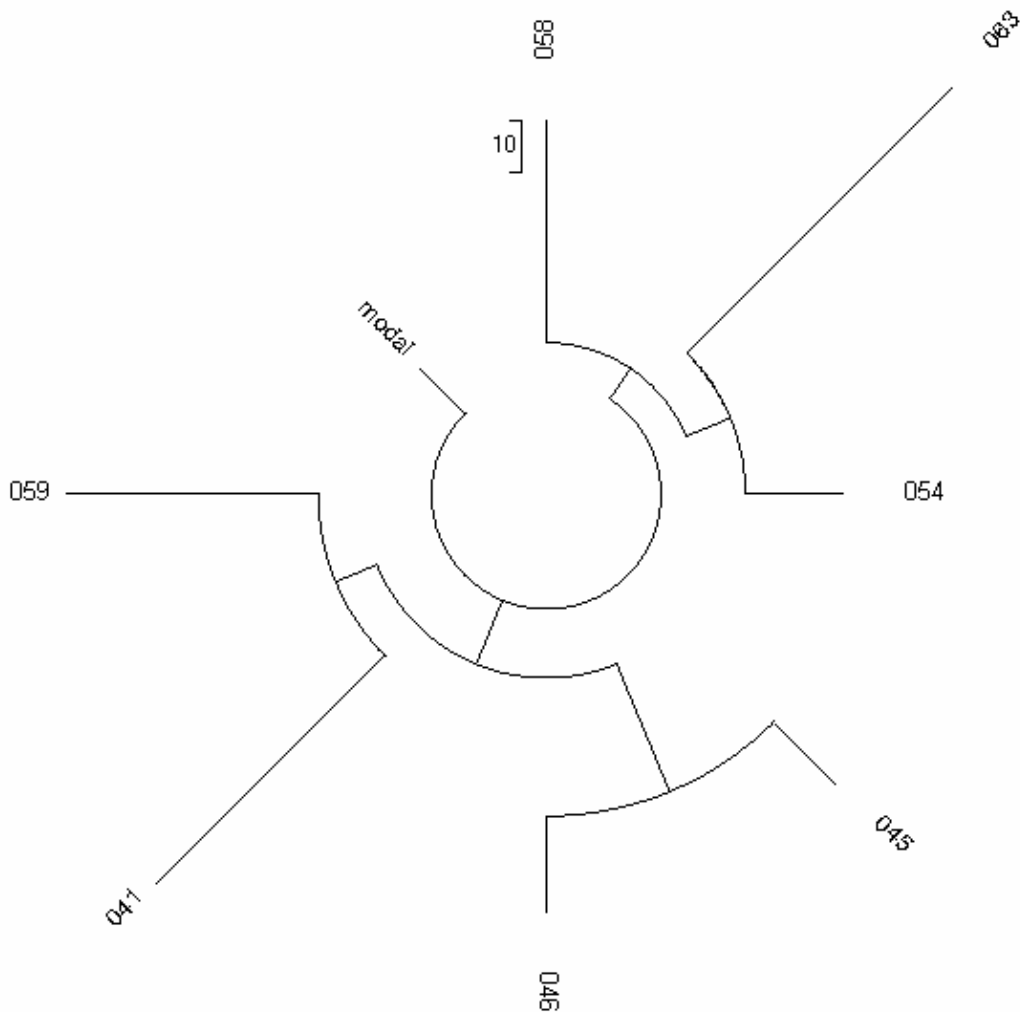


**Рис. 12.** Дерево 25-маркерных гаплотипов современников, называющих себя секлерами, гаплогруппы I2a. В выборке – 19 гаплотипов. Среди воинского регистра секлеров 1602 года не числятся предки носителей гаплотипов 041 и 050.

Базовый гаплотип всего дерева следующий:

13-24-16-11-14-15-11-13-13-13-11-31-17-8-10-11-11-25-15-20-32-12-14-15-15

Все 19 гаплотипов этой выборки содержат 102 мутации, что дает 3325 лет до общего предка. Если убрать два гаплотипа под номерами 041 и 052 (см. рис. 12), то оставшиеся 17 гаплотипов содержат 92 мутации, что даст 3350 лет до общего предка, что практически то же самое.



**Рис. 13. Дерево 37-маркерных гаплотипов секлеров гаплогруппы I2a. В выборке - 7 гаплотипов.**

При переходе к 37-маркерным гаплотипам их остается семь (рис. 13). При столь малой статистике дерево делится на две ветви примерно равного возраста, на что указывает длина ветвей.

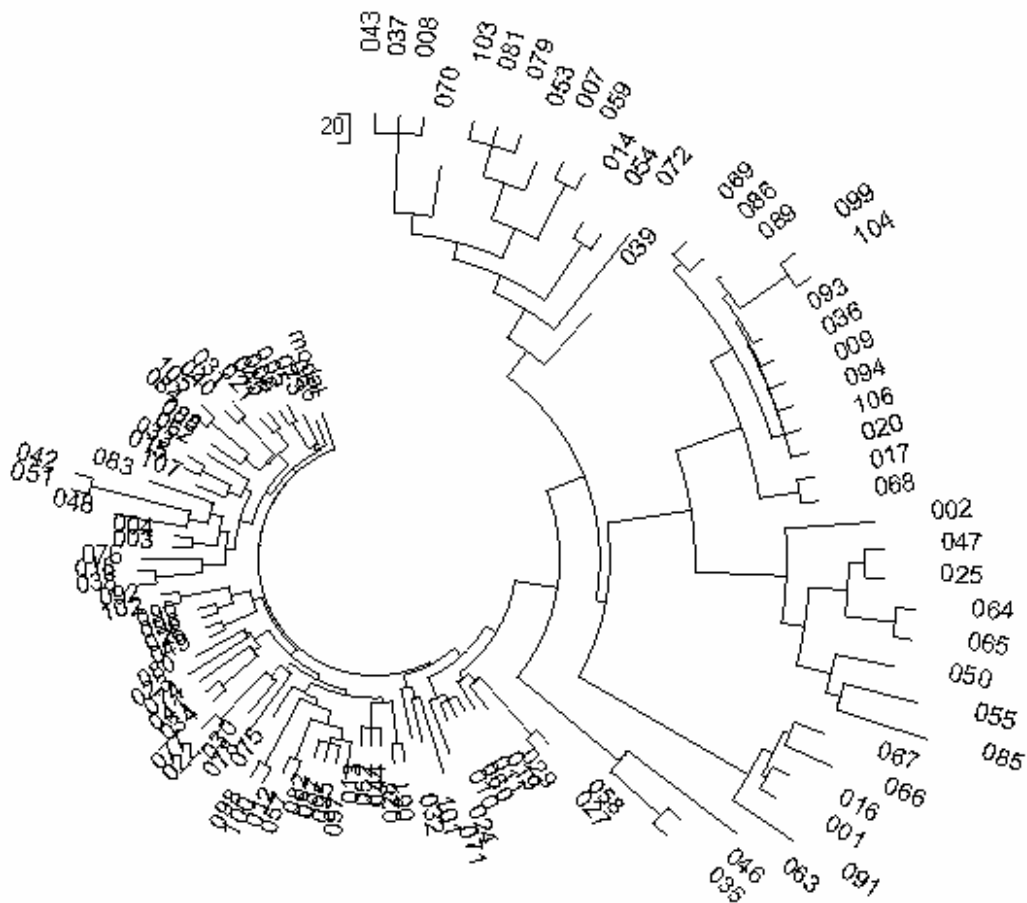


Рис. 14. Дерево 25-маркерных восточноевропейских гаплотипов гаплогруппы I2. В выборке - 107 гаплотипов, по странам: 001-004, Белоруссия; 005-007, Латвия; 008-065, Польша; 066-076, Россия; 077-107, Украина.

Базовый гаплотип этих семи человек имеет вид:

13-24-16-11-14-15-11-13-13-13-11-31-17-8-10-11-11-25-15-20-32-12-14-15-15-10-10-21-21-15-12-17-18-34-35-11-10

Все семь гаплотипов имеют 57 мутаций, что дает 2500 лет до общего предка.

Приведенные выше 25-маркерный базовый гаплотип – точная копия базового восточноевропейских гаплотипа гаплогруппы I2, молодой подгруппы, с общим предком 2700 лет назад. Эти гаплотипы приведены на рис. 14, и относятся к ветви внизу слева.

Видно, что восточно-европейские гаплотипы разделяются на две принципиальные ветви (или совокупности ветвей) – одна слева внизу, с базовым гаплотипом

**13-24-16-11-14-15-11-13-13-13-11-31-17-8-10-11-11-25-15-20-32-12-14-15-15**

который идентичен базовому гаплотипу секлеров гаплогруппы I2a, и другая справа, с базовым гаплотипом

**13-23-15-10-15-15-11-13-11-13-12-29-16-8-9-11-11-24-14-20-27-12-14-15-16**

который отличается от базового гаплотипа секлеров (и левой ветви на рис. 11) на 19 мутаций (!) на 25-маркерных гаплотипах, указывая на разницу в 17100 лет между ИХ общими предками. 43 гаплотипа в правой (старой) ветви имеют 598 мутаций, что дает 10800 лет до общего предка ветви. 53 гаплотипа в левой (молодой) ветви имеют 232 мутации, что дает 2700 лет до общего предка. Наконец, ИХ общий предок жил  $(2700+10800+17100)/2 = 15300$  лет назад.

Интересно, что дерево скандинавских гаплотипов (рис. 15) качественно подобно дереву восточноевропейских гаплотипов (рис. 14) в том отношении, что тоже имеет две принципиальные ветви, но на этом аналогия заканчивается. Базовый гаплотип правой ветви скандинавских гаплотипов на рис. 15 следующий

**14-23-15-10-15-15-11-13-11-14-12-32-15-8-10-11-11-25-14-20-27-11-14-14-15**

Он отличается на 19 мутаций (отмечены), то есть на 17100 лет от базового гаплотипа левой (молодой) ветви восточноевропейских гаплотипов на рис. 14, и на 11 мутаций (7900 лет) от базового гаплотипа правой (старой) ветви восточноевропейских гаплотипов на рис. 14. Вся правая ветвь





Базовый гаплотип левой (старой) ветви скандинавских гаплотипов на рис. 15

13-23-14-10-13-14-11-14-11-12-11-28-15-8-9-8-11-23-16-20-28-12-14-15-15  
13-23-15-10-15-15-11-13-11-13-12-29-16-8-9-11-11-24-14-20-27-12-14-15-16

отличается на 26 мутаций (отмечены), то есть на 28,800 лет от базового гаплотипа левой (молодой) восточноевропейской ветви на рис. 14, и на 17 мутаций (14,400 лет) от базового гаплотипа правой (старой) восточноевропейской ветви на рис. 14. Вся левая ветвь скандинавских гаплотипов имеет 322 мутации на 33 гаплотипа, что дает 6750 лет до общего предка ветви.

Отсюда можно рассчитать, что общий древний предок скандинавской и восточноевропейской ветвей I2 жил 19000 лет назад, от него отходили генеалогические ветви 16000 лет назад (старые восточноевропейская и старая и молодая скандинавская ветви) и 11000 лет назад (старая восточноевропейская ветвь), от нее пошла и молодая восточноевропейская ветвь.

Итак, 19000 лет назад в Европе жил общий предок нынешних европейских представителей гаплогруппы I2. 16000 лет назад от него отделились ветви, давшие впоследствии начало старой скандинавской ветви, общий предок которой обнаруживается 6750 лет назад, и старой восточноевропейской ветви, общий предок которой проявляется около 11 тысячи лет назад. От последнего 2700 лет назад отделилась генеалогическая линия, давшее начало прямому потомку секлеров. К гуннам он отношения, судя по всему, не имел.

## Гаплогруппа J2

Из рис. 3 видно, что восемь секлеров, представителей гаплогруппы J2, в 25-маркерном формате подразделяются на две «семьи», или ветви, в одной гаплогруппы с номерами 072, 073, 074 и 075, в другой, намного старше по возрасту общего предка – гаплотипы 077, 079, 081 и 082. Их базовые гаплотипы, соответственно, такие:

12-22-15-10-13-15-11-15-11-13-11-29-14-9-10-11-11-26-14-21-32-12-13-16-17

в котором всего две мутации на четыре гаплотипа, и

12-23(24)-14-10(11)-13-17-11-15-11(12)-13-11-29-16-8(9)-9-11-11-26(27)-15(16)-  
20(21)-30(31)-13-14-15-16(17)

ветвь которого имеет 50 мутаций на четыре гаплотипа. Это составляет 275 лет и 9300 лет до общих предков, соответственно. Ясно, что эти гаплотипы нельзя смешивать в одной серии и усреднять. Мутационное расстояние между этими двумя базовыми гаплотипами составляет не менее 12 мутаций, то есть минимум 8800 лет между их общими предками. Тогда общий предок всех восьми гаплотипов секлеров гаплогруппы J2 жил  $(275+9300+8800)/2 = 9200$  лет назад, то есть это именно тот предок, который имел более древний базовый гаплотип, показанный выше. Это определенно не еврейский предок, поскольку гаплогруппа J2 в среде евреев возникла 6000 лет назад (Klyosov, 2008). Это так называемый средиземноморский вариант гаплогруппы J2.

В 37-маркерном формате секлеры представлены всего четырьмя гаплотипами молодой группы, которые имеют те же две мутации, что и соответствующие 25-маркерные гаплотипы. Иначе говоря, панель 26-37 маркеров не добавили ни одной мутации. Это дает только 175 лет до общего предка четырех данных потомков секлеров гаплогруппы J2.

В поддержку оценки времени жизни древнего общего предка гаплогруппы J2 можно привести данные базы YSearch, в которой имеются 731 25-маркерный гаплотип этой гаплогруппы с базовым гаплотипом

12 23 15 10 13 17 11 15 12 13 11 29 16 8 9 11 11 26 15 20 30 12 13 15 16

причем все гаплотипы имеют 10191 мутацию от базового. Это дает 10800 лет до общего предка в гаплогруппе для 731 человека. 37-маркерные гаплотипы представлены в той же базе данных 467-ю гаплотипами, с базовым

12 23 15 10 13 16 11 15 12 13 11 29 16 8 9 11 11 26 15 20 30 13 13 15 16 10 10 19  
22 15 14 17 17 35 38 11 9

Все 467 гаплотипов содержат 10455 мутаций, что дает 8250 лет до общего предка. Иначе говоря, средняя величина по базе данных YSearch с сотнями гаплотипов дает  $9500 \pm 1800$  лет до общего предка.

Секлеры в нашей выборке дали 9200 лет до общего предка.

Таким образом, далекий прямой предок секлеров гаплогруппы J2 жил 9200 лет назад, и носители его гаплотипа появились среди секлеров в давнее время. Указанные четыре потомка секлеров с общим предком около двухсот лет назад – относительно близкие родственники: трое из них носят одинаковую фамилию, и четвертый определенно является их довольно близким родственником. К истории секлеров как таковых эта четверка прямого отношения не имеет. Это – локальные семейные дела. Тем не менее, интересно, что их общий предок произошел от того же древнего общего предка секлеров, но имел базовый гаплотип со сдвигом на 12 мутаций за счет мутационного дрейфа за прошедшие почти девять тысяч лет. Его прямые предки вошли в среду секлеров «со стороны». Иначе говоря, начиная от него в среде секлеров пошла новая генеалогическая линия гаплогруппы J2. К гуннам ни старая, ни более новая линия J2 отношения не имеют.

## Гаплогруппа N

Эта гаплогруппа у секлеров представлена всего тремя гаплотипами. Два из них (один 25-маркерный и один 37-маркерный) принадлежат людям с одинаковой фамилией, и отличаются всего на одну мутацию в DYS449 (21-й маркер в формате FTDNA). Формально это означает, что их общий предок жил в пределах 500 лет назад, но не дает представления о том, откуда эта линия появилась. Третий гаплотип – 12-маркерный, и отличается от первых двух на 8 мутаций, то есть весьма значительно.

Частичная разгадка происхождения первых двух гаплотипов была получена следующим образом. В недавней работе Rootsi et al (2007) были рассмотрены 58 17-маркерных гаплотипов (в формате Y-filer) гаплогруппы N многих этнических групп, по несколько гаплотипов из каждой. Анализ и альтернативная интерпретация данных их работы будет даны в следующей статье данного Вестника, но в данном случае стоит отметить, что все 58 гаплотипов разделяются по 16 ветвям на дереве гаплотипов. Одна из ветвей, принадлежащая гаплогруппе N3, содержит гаплотипы, близкие к гаплотипам двух указанных секлеров, а один, гаплотип эскимоса, идентичен их гаплотипу в формате Y-filer (DYS 19,

385a, 385b, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 437, 438, 439, 448, 456, 458, 635,GATAH4):

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-11-19-14-17-21-12

В этом формате гаплотип обоих секлеров:

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-11-19-14-17-X-12

базовый гаплотип всей ветви из 13 гаплотипов в цитируемой работе следующий:

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12

Вся ветвь содержит 48 мутаций от приведенного базового гаплотипа, что дает 3050 лет от общего предка.

В эту ветвь входят тувинец, алтаец, словак, двое чукчей, четыре эстонца, украинец, карел, эскимос и русский.

По-видимому, из тех сибирских краев и был принесен предковый гаплотип обоих секлеров гаплогруппы N.

\* \* \*

Остальные линии секлеров, гаплогрупп I2b, L и T представлены единичными гаплотипами и частью в 12-маркерном формате и/или довольно близкими родственниками, и их анализ не даст сколько-нибудь осмысленных результатов. Они не являются представительными в среде секлеров.

## Литература

Клёсов А.А. (2008а). «Служба кровию и смертию». История 400-летнего русского рода Клёсовых, гаплогруппа R1a1. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 3, стр. 514-554.

Клѣсов А.А. (2008b). Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 5, стр. 812-835.

Клѣсов А.А. (2008с). Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 5, стр. 947-957.

Клѣсов А.А. (2008d). Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Ответ дает ДНК-генеалогия. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Том 1, № 3, стр. 400-477.

Brandstatter, A., Egyed, B., Zimmermann, B., Duftner, N., Padar, Z., and Parson, W. (2007) Migration rates and genetic structure of two Hungarian ethnic groups in Transylvania, Romania. *Ann. Human Genetics*, 71, 791-803.

Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N., Meyer, C., Ganslmeier, R., Heyd, V., Hawkesworth, C., Pike, A.W.G., Meller, H. and Alt, K.W. (2008) Ancient DNA, strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the later Stone Age. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, on-line before print, 10.1073/pnas.0807592105, November 17, 2008

Klyosov, A.A. (2008) Origin of the Jews via DNA Genealogy. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*. V. 1, pp. 54-232.

Scanyi, B., Bogacsi-Szabo, E., Tomory, Gy., Czibula, A., Priskin, K., Csosz, A., Mende, B., Lango, P., Csete, K., Zsolnai, A., Conant, E.K., Downes, C.S., and Rasco, I. (2008) Y-chromosome analysis of ancient Hungarian and two modern Hungarian-speaking populations from the Carpathian basin. *Ann. Human Genetics*, 72, 519-534.

Siiri Rootsi, S., Zhivotovsky, L.A., Baldovici, M., Kayser, M., Kutuev, I.A., Khusainova, R., Bermisheva, M.A., Gubina, M., Fedorova, S.A., Ilumäe, A.-M., Khusnutdinova, E.K., Voevoda, M.I., Osipova, L.P., Stoneking, M., Lin, A.A., Ferak, V., Parik, J., Kivisild, T., Underhill, P.A. and Villems, R. (2007) A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe. *Eur. J. Human Genet.* 15, 204-211.

# Обсуждение статьи «Путь Y-хромосом гаплогруппы N из Юго-Восточной Азии в Европу против часовой стрелки» (Rootsi с соавт., Eur. J. Human Genetics, 2007).

*Анатолий А. Клёсов*

*<http://aklyosov.home.comcast.net>*

## РАСШИРЕННОЕ РЕЗЮМЕ

В статье Rootsi и др. были приведены 58 17-маркерных гаплотипов представителей 13 этнических групп, имеющих гаплогруппы N1 (пять человек), N1a (два человека с одинаковыми гаплотипами), N1b (15 человек, из которых авторы сняли два гаплотипа как выпадающие из общей картины, и, видимо, ошибочные) и N1c (35 человек). Один гаплотип был гаплогруппы O. Данные, естественно, совершенно отрывочные, но по ним в первом приближении можно оценить базовые гаплотипы генеалогических ветвей и времена их возникновения для приведенных гаплотипов. Расчеты показали, что отдельные субклады гаплогруппы N1 имели общего предка примерно 8000 лет назад, от которого к настоящему времени дошли вторичные (относительно недавние) базовый гаплотип N1

14-11-12-14-31-23-10-14-13-14-10-11-19-17-15-23-12

китайского происхождения, которому 2650 лет (от общего предка), и фиджийский современный гаплотип N1

13-12-12-13-30-22-10-14-14-14-10-10-19-16-14-21-11,

а также гаплотипы гаплогрупп N1a, N1b N1c.

Гаплогруппа N1a представлена двумя идентичными (казахскими) гаплотипами

14-12-13-13-29-22-10-15-13-14-10-11-19-15-17-21-12

гаплогруппа N1b – пятью ветвями, одна с базовым гаплотипом тувинцев

15-12-13-13-29-23-11-14-13-14-10-11-19-15-16-25-12

возрастом 750 лет (13-й век нашей эры), вторая с базовым гаплотипом другой группы сибиряков (эвенк, алтаец, хакас)

14-12-13-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-17-24-12

возрастом всего 250 лет (18-й век), третья – с базовым гаплотипов эскимоса и алтайца, близким к группе сибиряков, но возрастом примерно 2000 лет. Помимо того, есть еще одна ветвь N1b (два коми, мариец и вепса) с базовым гаплотипом

13-12-12-13-31-23-10-12-13-14-10-10-18-15-17-24-12

с возрастом 2425 лет, и отдельно стоящая ветвь эвенка

14-12-14-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-15-23-12

Общий предок всех пяти ветвей гаплогруппы N1b жил примерно 4500 лет назад, и имел гаплотип (ставший базовым для потомков всех пяти ветвей)

14-12-13-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-16-24-12

Потомки субкладов N1a и N1b разошлись по территориям, что представляет эквивалент бутылочного горлышка (или на самом деле были на грани экстинкции) и привели к современным ветвям N1b с общими предками 2000 лет назад (эскимосы и алтайцы), 750 лет назад (тувинцы) и 250 лет назад (эвенки, алтайцы и хакасы). Эти даты относятся только к носителям гаплотипов, протестированным в работе Rootsi и др. Казахская ветвь N1a по представленным данным датирована быть не может, в ней два одинаковых гаплотипа.

Гаплогруппа N1c состоит на дереве гаплотипов из пяти ветвей и одного отдельно стоящего (башкирского) гаплотипа. Группа якутов имеет базовый гаплотип

14-11-13-14-32-23-11-16-14-14-11-10-19-14-16-22-12

с возрастом всего 550 лет, группа тувинцев имеет базовый гаплотип

15-12-12-14-30-23-11-14-13-14-10-11-20-15-18-22-11

с возрастом 750 лет, группа северных уральцев и сибиряков (трое коми, чуваш, алтаец и удмурт) имеют базовый гаплотип

14-11-14-14-30-23-10-14-13-14-10-10-20-14-18-21-12

с возрастом 2125 лет до общего предка. Далее, на дереве имеется европейская ветвь (словаки и эстонцы) с базовым гаплотипом

14-11-14-13-29-23-11-14-14-14-10-10-19-14-18-22-12

с возрастом 2950 лет. Отдельно отстоящий гаплотип башкира

14-12-13-13-29-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-23-12

наиболее близок европейским N1c гаплотипам. Наконец, на дереве имеется широкая ветвь возрастом 3050 лет, в которую входят представители самых разнообразных этнических групп, но близких по гаплотипам (украинец, русский, словак, четыре эстонца, карел, тувинец, алтаец, двое чукчей и эскимос). Они все происходят от одного общего предка с базовым гаплотипом

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12

Этот гаплотип наиболее близок к базовому гаплотипу европейцев, и наиболее удален от тувинцев. Единый древний базовый гаплотип всех ветвей N1c имеет вид

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12

Он идентичен последнему приведенному выше базовому гаплотипу большой группы народностей, и носитель этого базового гаплотипа жил 6300 лет назад.

Таким образом, гаплогруппа N на примере данных 13 этнических групп относительно «молодая», образовалась примерно 8 тысяч лет назад в



Юго-Восточной Азии, была принесена в Сибирь примерно 5500 лет назад, но на 800 лет раньше нее туда уже была принесена гаплогруппа N1c (6300 лет назад). Гаплогруппа N1 впоследствии разделилась на дополнительные субклады N1a и N1b. N1b появилась примерно 4500 лет назад, и вскоре (через несколько столетий) разделилась на субклады (возможно, N1b\* и N1b1). О времени возникновения гаплогруппы N1a по представленным данным сказать нельзя, так как она представлена парой идентичных (казахских) гаплотипов.

Для получения этой или подобной картины не подходят ни практикуемые методы популяционной генетики, которые смешивают отдельные важные ветви гаплогруппы и их подгрупп, ни методы «генеалогические», если они не разделяют ветви разных общих предков. К сожалению, эти устаревшие методы и были приведены в работе Rootsi и др., что привело к принципиально искаженной картине миграций носителей гаплогрупп N в прошлом. По их данным, гаплогруппа N1 появилась 3600-3800 лет назад («генеалогический метод») или 11900-12600 лет назад «эволюционный метод», который сводится к простому умножению результатов «генеалогического» метода на 3.33), что неверно не только по результатам, но по самому принципу расчетов, совершенно формализованному. На самом деле приведенные серии гаплотипов соответствуют 8000 лет для возраста гаплогруппы N1. Также неверна дата авторов (2007) для возникновения гаплогруппы N1, полученная комбинированием авторами мутаций в гаплотипах групп N1a, N1b и N1c, и по их данным 19400 лет назад («генеалогическая» величина 5800 лет была авторами отвергнута как неправильная). На самом деле она близка к 6300 лет до общего предка. Возраст гаплогруппы N1b был получен авторами статьи (2007) как 6200 лет (азиатские гаплотипы) и 6800 лет (европейские гаплотипы), или 1800-2000 лет («генеалогические методы»). На самом деле данные соответствуют возрасту гаплогруппы N1b 4500 лет. Возраст гаплогруппы N1c авторы статьи (2007) оценили как 11800 лет («эволюционный» метод) или 3500 лет («генеалогический» метод). На самом деле он соответствует – по гаплотипам авторов – 6300 лет.

В оценке времени расхождения гаплогрупп O и N1 авторами (2007) также допущено трехкратное преувеличение, во всяком случае на основе гаплотипов O и N1, представленных в статье. Базовый китайский N1 гаплотип (приведен выше) и гаплотип единственного представителя гаплогруппы O разделяют 15 мутаций на 17-маркерных гаплотипах. Это соответствует времени жизни их общего предка 10700 лет назад, но никак

не 34600 лет, вычисленных авторами. У них опять превышение примерно в то самое магического число 3.3 раза.

В целом, основной вывод авторов (2007), что миграция носителей гаплогруппы N из Сибири в Европу имела место 12-14 тысяч лет назад, совершенно не поддерживается гаплотипами, приведенными в их статье. Это могло быть не ранее 6-7 тысяч лет назад, если опираться на гаплотипы.

## МЕТОДЫ

Разделение серии гаплотипов, принадлежащих разным гаплогруппам, субкладам и генеалогическим ветвям субкладов проводилось построением дерева гаплотипов (см. рис. 1 в качестве примера) и сегрегацией ветвей. Гаплотипы отдельных ветвей анализировались отдельно, и для каждой ветви находился базовый (предковый) гаплотип. Соответствующая методика описана в работе (Клёсов, 2008а).

Вычисление времен до общих предков серии гаплотипов проводилось суммированием мутаций 17-маркерных гаплотипов и расчетом среднего количества мутаций на маркер. Число поколений до общего предка рассчитывалась, применяя среднюю скорость мутаций в 17-маркерных гаплотипах, равную 0.002 мутаций на маркер на поколение (Klyosov, 2008) и вводя поправку на возвратные мутации с использованием соответствующей таблицы (Клёсов, 2008а). Число лет в поколении постулировалось равным 25, поскольку таким образом оно жестко связано с величиной средних скоростей мутаций на маркер на поколение.

Общий предок для серии ветвей рассчитывался следующим образом:

- (а) находился базовый гаплотип каждой ветви («вторичный» базовый гаплотип) и число поколений по общему предку ветви, как описано выше,
- (б) найденные базовые гаплотипы ветвей (и отдельно стоящих гаплотипов, не попадающих на ветви) выписывались в виде серии гаплотипов,
- (в) минимизацией мутаций находился «первичный» базовый гаплотип первопредка для серии ветвей,
- (г) рассчитывалось среднее количество мутаций на маркер от базовых гаплотипов ветвей (то есть «вторичных» базовых гаплотипов) до «первичного» базового гаплотипа,

- (д) рассчитывалось среднее число поколений от «вторичных» базовых гаплотипов до «первичного» с учетом поправок на возвратные мутации, -
- (е) рассчитывалось среднее число поколений от нашего времени до «вторичных» базовых гаплотипов, и
- (ж) величины, полученные в пунктах (д) и (е) суммировались (поскольку соответствуют временному расстоянию от «вторичных» предков до первого предка, и от настоящего времени до «вторичных» первого предков).

Частным случаем подобного расчета является определение расстояния до первого предка двух базовых гаплотипов. Если, например, до одного базового гаплотипа 20 поколений, до второго 100 поколений, и расстояние между этими базовыми гаплотипами 200 поколений (все три величины определены по мутационным различиям), то общий предок двух данных базовых гаплотипов жил  $(20+100+200)/2 = 160$  поколений назад, то есть 4000 лет. Фактически, таким образом мы суммируем среднюю величину поколений от настоящего времени до двух базовых гаплотипов  $[(20+100)/2 = 60]$ ; пункт е выше] и среднюю величину поколений от двух базовых гаплотипов до первого предка  $[(140+60)/2 = 100]$ ; пункт д выше], и получаем искомые 160 поколений от настоящего времени до первого предка.

## РАЗБОР ГАПЛОТИПОВ СТАТЬИ (2007)

Статья показательна тем, что авторы обсуждают данные по мутациям гаплотипов, рассчитанные двумя способами – по методу Животовского («эволюционный подход»), и «генеалогическим методом». Напомню, что в «эволюционном методе» все многообразие мутаций относят к числу поколений до постулируемого «общего предка» для всех гаплотипов, используя «эволюционный коэффициент» 0.00069 мутаций на маркер на поколение (Zhivotovsky et al, 2004). В отношении «генеалогического метода» авторы сослались на работу Dupuy et al (2004), которые нашли, что число мутаций на 1766 пар отец-сын, определенное по 9-маркерным гаплотипам (15894 мейоза) было равно 36 (24 мутации «вверх» [включая две двойных мутации] и 12 мутаций «вниз»). Таким образом, средняя скорость мутаций для данных 9-маркерных гаплотипов была равна 0.0023 мутаций на маркер на поколение. Это в полтора раза выше средней величины скорости мутаций для данных гаплотипов по данным Chandler (2006), равной 0.0015 мутаций на маркер на поколение.

Строго говоря, эту величину нельзя было применять к 17-маркерным гаплотипам, которыми оперировали Rootsi et al, поскольку набор маркеров уже другой. Но ошибка на самом деле невелика, так как по моим данным средняя скорость мутаций для данных 17-маркерных гаплотипов равна 0.0020 мутаций на маркер на поколение (25 лет). Эту величину я и буду применять для расчетов в этой статье.

Я не буду здесь касаться всех выводов статьи Rootsi et al., и рассмотрю только те, которые относятся к датировке общих предков рассматриваемых серий, и основанных на этом рассуждениях о миграциях древних носителей гаплогруппы N и ее подгрупп.

В работе были рассмотрены 58 гаплотипов следующих 13 этнических групп, имеющих следующие гаплогруппы (я буду использовать более современную номенклатуру гаплогрупп 2008-го года):

- алтайцы (O) [один человек],
- китайцы и жители Фиджи (N1) [пять человек],
- казахи (N1a) [два человека],
- эскимосы, эвенки, тувинцы, алтайцы, хакасы, коми, татары, вепсы, марийцы и русские (N1b) [15 человек],
- алтайцы, удмурты, коми, марийцы, башкиры, чувашаи, украинцы, русские, словаки, эстонцы, карелы, вепсы, якуты, тувинцы, чукчи и эскимосы (N1c) [35 человек].

Дерево гаплотипов этих 58 человек приведено на рис. 1.

Как видно, пять гаплотипов гаплогруппы N1 расходятся по совершенно разным ветвям – четыре китайских гаплотипа одной группой, и один гаплотип Фиджи совершенно в другом месте. Рассчитывать из общего предка, смешивая эти пять гаплотипов, как делают авторы (Rootsi et al) – ошибка. Естественно, четыре китайских гаплотипа будут доминировать в этой серии, задавая китайский базовый гаплотип (в формате Y-filer filer DYS 19, 385a, 385b, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 437, 438, 439, 448, 456, 458, 635,GATAN4):

14-11-12-14-31-23-10-14-13-14-10-11-19-17-15-23-12



17 маркерах. Ну как их можно смешивать в одну группу, как это делают авторы? Эта разница соответствует 13375 лет (с поправкой на возвратные мутации), совершенно другая популяция. Общий предок данной китайской группы и жителя Фиджи жил 8000 лет назад.

Смотрим в таблицу авторов статьи. По их расчетам, общий предок этих пяти человек жил  $12600 \pm 3100$  лет назад («эволюционный метод») или  $3800 \pm 900$  лет назад («генеалогический метод»). Разница только лишь в том, что авторы разделили первое число на 3.33, и получили второе. Почему 3.33? Да потому, что именно это и есть разница между «генеалогической» скоростью мутации (0.0023) и «эволюционной» (0.00069). А сам счет основан на неверном представлении о допустимости смешивания разных серий гаплотипов, происходящих от разных предков. Что еще хуже – присутствующих в разных пропорциях в смешанной выборке.

Действительно, если смешать указанные выше 13 мутаций от общего предка четырех китайцев, и 12 мутаций расстояния до жителя Фиджи, то окажется 25 мутаций в серии. Если отнести их к этим пяти гаплотипам, то получится 4300 лет до их якобы общего предка. На самом деле предок – фантомный. А почему у авторов получилось 3800 лет? Да потому. Что они взяли скорость мутации 0.0023, для 9-маркерных гаплотипов, вместо 0.0020 для 17-маркерных. Поэтому число лет у них получилось на 15% меньше. Умножаем 3800 на 1.15, получаем 4370 лет. Что и требовалось доказать.

И так – по всей статье. Никакого особого смысла полученные авторами цифры не имеют. Попробуем внести в их материал хоть какую-то ясность.

Итак, китайский общий предок по данным всего четырех гаплотипов жил 2650 лет назад. Это, конечно, не может считаться представительной цифрой, но что есть, то есть. Общий предок китайцев с фиджийцем жил 8 тысяч лет назад. В любом случае, намного позже перехода сибиряков в Америку, предположительно посуху на месте нынешнего Берингова пролива. Поэтому гаплогруппы N у американских индейцев нет, поскольку они по данным ДНК-генеалогии (Bortolini et al., 2003; Klyosov, 2008) и археологии (см. Klyosov, 2008) появились в Америке между 12 и 20 тысяч лет назад. А по данным Rootsi et al. – гаплогруппа N вполне могла у американских индейцев быть, поскольку по их данным время общего

предка гаплогруппы N1 – от 11900 до 19400 лет. Авторы сообщают, что этой гаплогруппы у америндов нет, и выходят из положения тем, что предполагают, что ее не было у «доминантной группы» сибиряков, или ее носители просто вымерли в ходе освоения Америки.

Вот так рождаются легенды, основанные на ошибочном материале.

Представителей группы N1a в статье всего двое, причем с идентичными гаплотипами. Это – казахи. Их гаплотип –

**14-12-13-13-29-22-10-15-13-14-10-11-19-15-17-21-12**

От базового гаплотипа китайцев гаплогруппы N1 их отделяют 13 мутаций (!). Это соответствует 15050 лет мутационной разницы, и их общий предок жил 8850 лет назад. Возможно, это и был общий предок китайцев, фиджийцев и казахов. Проверим это предположение.

Между гаплотипами казахов (N1a) и фиджийца (N1)

**13-12-12-13-30-22-10-14-14-14-10-10-19-16-14-21-11**

имеется 12 мутаций. Это соответствует тому, что их общий предок жил 6700 лет назад. Это не противоречит предположению об общем предке 8000 лет назад, потому что по двум гаплотипам (а не по базовым) сравнивать трудно. Буквально одна мутация в одиночном гаплотипе казахов и фиджийца может дать 14 мутаций разницы, и тогда время до общего предка сдвинется до 8500 лет. Поэтому целесообразно считать, что общий предок приведенных здесь гаплотипов четырех китайцев и фиджийца (N1) и двух казахов (N1a) жил примерно 8 тысяч лет назад.

Гаплотипы N1b представлены на дереве четырьмя малыми ветвями и отдельно стоящим гаплотипом. Из них одна ветвь – это три тувинские гаплотипа, с базовым

**15-12-13-13-29-23-11-14-13-14-10-11-19-15-16-25-12**

На три 17-маркерных гаплотипа – всего три мутации, что помещает их общего предка 750 лет назад, в 13-й век нашей эры.

В некотором отдалении от них – недавняя ветвь N1b эвенка, алтайца и хакаса, три гаплотипа, с базовым

14-12-13-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-17-24-12

На все три гаплотипа (51 маркер) – всего одна мутация, 250 лет до общего предка.

Недалеко от них, но на отдельной ветви сидят два гаплотипа эскимоса и алтайца. Возможно, отдельная ветвь разделяет подгруппы N1b\* и N1b1. Рассмотрим такую возможность, опираясь на гаплотипы. Базовый гаплотип для двух эскимосов

14-12-12.5-13-29-23.5-10-15-12.5-14-10.5-10-19-15-17-24.5-12

На оба гаплотипа – пять мутаций, что помещает их общего предка 2000 лет назад, в самое начало нашей эры. Естественно, по двум гаплотипам ошибка слишком велика, но и пять мутаций не очень мало. Отличие от базового гаплотипа алтайца, эвенка и хакаса – 3.8 мутаций (3150 лет между общими предками), от тувинцев – 6.5 мутаций (5900 лет между общими предками). Общие предки жили 2700 и 4300 лет назад, соответственно.

Последняя величина уже совсем приближается к 4500 годам до общего предка гаплогруппы N1b. Похоже, что отдельная ветвь эскимоса и алтайца N1b, и ветвь N1b тувинцев, которые различаются на 6.5 мутаций, принадлежат разным субкладам, например, N1b\* и N1b1.

Наконец, есть еще одна совершенно отдельная ветвь N1b, состоящая из четверки близких гаплотипов (два коми, мариец и вепса), и отдельно стоящего гаплотипа эвенка. Их базовые гаплотипы (для эвенка – его одиночный гаплотип):

13-12.5-12.25-13-31-23-10-11.75-12.5-14-10-10-18-15-16.5-24-12

14-12-14-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-15-23-12

В первых четырех гаплотипах – 12 мутаций, что дает 2425 лет до общего предка этих четырех человек. Середина первого тысячелетия до нашей эры. Но гаплотип эвенка из той же гаплогруппы отстоит на 10.5 мутаций (!) от их базового гаплотипа. Скорее всего, эвенк относится к другому



субкладу гаплогруппы N1b. Действительно, если сравнить его гаплотип с базовым гаплотипом эскимосов, приведенным выше, то они различаются на 7.5 мутаций, то есть на 7050 лет, и их общий предок жил 4500 лет назад. Это и есть время возникновения гаплогруппы N1b.

Резюмируя, гаплогруппа N1b представлена целым набором ветвей и подветвей, числом не менее пяти. Современная номенклатура, дающая только две подгруппы N1b (N1b\* и N1b1), с этим не справляется. Общие предки этих ветвей жили 750 лет назад (три тувинца), 250 лет назад (эвенк, алтаец и хакас), 2000 лет назад (эскимос и алтаец), 2425 лет назад (коми, мариец и вепса). Из перекрестного сопоставления базовых гаплотипов ветвей следует, что общие предки в пределах гаплогруппы N1b жили еще 2325 лет назад (тувинцы, эвенк, алтаец и хакас), и 2700 лет назад (алтайцы, эскимос, эвенк и хакас).

Более корректный расчет времени жизни общего предка всех этих ветвей будет не путем неупорядоченного суммирования всех гаплотипов и их мутаций от некоего фантомного предка, а рассмотрение числа мутаций между их базовыми гаплотипами, сведенными в единую серию. Тогда эти ветви и отдельно стоящие гаплотипы будут представлены одинаковыми «весами». Это – следующая серия из пяти гаплотипов:

14.66-12-13-13-29-23-10.66-14-13-14-10-11-19-15-16-24.66-12  
14-12.33-13-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-17-24-12  
14-12-12.5-13-29-23.5-10-15-12.5-14-10.5-10-19-15-17-24.5-12  
13-12.5-12.25-13-31-23-10-11.75-12.5-14-10-10-18-15-16.5-24-12  
14-12-14-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-15-23-12

Базовый гаплотип древней гаплогруппы N1b – следующий:

14-12-13-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-16-24-12

На данные пять «вторичных» базовых (или отдельно стоящих) гаплотипов приходится 20.3 мутации. Это помещает общего предка гаплогруппы N1b на 3400 лет ниже усредненного возраста самих «вторичных» базовых гаплотипов  $(750+250+2000+2425+0)/5 = 1085$ ), то есть примерно на 4500 лет назад, что в целом согласуется с временами до общих предков этих пяти ветвей (пятая ветвь представлена единичным современным гаплотипом).

Сопоставление базового гаплотипа гаплогруппы N1b (примерно 4500 лет назад)

14-12-13-13-29-23-10-14-13-14-10-10-19-15-16-24-12

и гаплотипа казахов гаплогруппы N1a (современные гаплотипы)

14-12-13-13-29-22-10-15-13-14-10-11-19-15-17-21-12

показывает 7 мутаций между ними (6450 лет мутационного расстояния). Это помещает общего предка казахов (N1a) и носителей гаплогруппы N1b, то есть сибирских и уральских носителей гаплогруппы N1 на дистанцию 5500 лет назад. В Китае это было, как отмечено выше, примерно 8000 лет назад (на основе нескольких представленных гаплотипов).

Я столь подробно это здесь поясняю, чтобы показать, как расчет мутационной разницы в отдельных ветвях и между отдельными ветвями (точнее, их базовыми гаплотипами) приводит не только к временам жизни общих предков отдельных ветвей, но и гаплогруппы в целом.

Итак, по имеющимся, пусть отрывочным данным, можно оценить, что отдельные субклады гаплогруппы N1 имели общего предка примерно 8000 лет назад. Эта линия разделилась на гаплогруппы N1a и N1b примерно 4500 лет назад, и N1b разделилась на субклады (возможно, N1b\* и N1b1) почти немедленно. Потомки субкладов N1a и N1b разошлись по территориям, что представляет эквивалент бутылочного горлышка (или на самом деле были на грани экстинкции) и привели к современным ветвям N1b с общими предками 2000 лет назад (эскимосы и алтайцы), 750 лет назад (тувинцы) и 250 лет назад (эвенки, алтайцы и хакасы). Эти даты относятся только к носителям гаплотипов, тестированным в работе Rootsi и др. Казахская ветвь N1a по представленным данным датирована быть не может, в ней два одинаковых гаплотипа.

Переходим к гаплогруппе N1c. Таких ветвей на дереве гаплотипов (рис. 1) по меньшей мере пять, и один отдельно стоящий гаплотип башкира (030). Группа якутов (гаплотипы 046, 047, 048 и 049) имеют базовый гаплотип

14-11.25-13-14.25-32.25-23-11-16-14-14-11-10-19-14-16-22-12

В этих четырех гаплотипах только три мутации, что показывает, что их общий предок жил всего 550 лет назад.

Далее – отдельная малая ветвь N1c с двумя гаплотипами тувинцев (051 и 053), базовый

**15-12-12-13.5-29.5-23-11-14-13-14-10-11-20-15-18-22-11**

В них всего две мутации, так что их общий предок жил 750 лет назад. Но между базовыми гаплотипами якутов и тувинцев – 16.25 мутаций (!).

Далее – ветвь N1c из шести гаплотипов северных уральцев и сибиряков (трое коми, чуваш, алтаец и удмурт), базовый гаплотип

14-11-14-14-29.5-23-10-14-13-14-10-10.5-20-14-18-21-12

Во всех шести гаплотипах – 16 мутаций, что дает 2125 лет до общего предка, начало первого тысячелетия до нашей эры. Базовый отличается на 13.75 мутаций от базового гаплотипа якутов, и на 9 мутаций от тувинцев.

Соседняя ветвь N1c из пяти европейских гаплотипов (три словака и два эстонца), базовый

14.4-11-14-13.4-29.4-23-11-14.2-14-14-10-10.2-19-14.4-17.6-22-12.4

Все пять гаплотипов содержат 18 мутаций, что дает 2950 лет до общего предка. Эта европейская ветвь отстоит от якутов, тувинцев и комбинированной ветви уральцев на 10.75, 9.2 и 6.8 мутаций, соответственно.

Отдельно отстоящий гаплотип башкира (030)

14-12-13-13-29-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-23-12

отличается от гаплотипов якутов, тувинцев и сибиряков на 10 мутаций в каждом случае, и от европейцев на 6 мутаций.

Последняя широкая ветвь N1c, в которую входят украинец, русский, словак, четыре эстонца, карел, тувинец, алтаец, двое чукчей и эскимос, имеет следующий базовый гаплотип:

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12

Все 13 гаплотипов имеют 48 мутаций, что дает 3050 лет до общего предка. Базовый гаплотип наиболее близок к гаплотипам европейцев (4.4 мутаций), башкир (4 мутации), якутов и уральцев (7 мутаций), и наиболее удален от тувинцев (11 мутаций между общими предками).

Все базовые (и отдельно стоящие современные) гаплотипы гаплогруппы N1c образуют следующий ряд:

14-11.25-13-14.25-32.25-23-11-16-14-14-11-10-19-14-16-22-12

15-12-12-13.5-29.5-23-11-14-13-14-10-11-20-15-18-22-11

14-11-14-14-29.5-23-10-14-13-14-10-10.5-20-14-18-21-12

14.4-11-14-13.4-29.4-23-11-14.2-14-14-10-10.2-19-14.4-17.6-22-12.4

14-12-13-13-29-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-23-12

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12

Это приводит к древнему базовому гаплотипу гаплогруппы N1c:

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12

Все шесть гаплотипов имеют 32 мутации от этого базового, что помещает общего предка гаплогруппы N1c на 4650 лет раньше усредненного возраста базовых гаплотипов (1570 лет), то есть примерно на 6200 лет назад. Другой вариант расчетов исходит из того, что базовый гаплотип якутов заметно отличается от остальных пяти, и должен рассматриваться отдельно (как это мы делали выше для китайцев и фиджийца). Тогда пять других гаплотипов имеют 25 мутаций от базового, что дает 4300 лет раньше усредненного возраста базового гаплотипа (1775 лет), то есть примерно 6100 лет назад. Базовый гаплотип якутов отличается от него на 6.75 мутаций, то есть на 6175 лет между общими предками. Это помещает общего предка гаплогруппы N1c на  $(550+6100+6175)/2 = 6400$  лет назад.

Таким образом, мы пришли к тому же результату – примерно 6300±100 лет до общего предка гаплогруппы N1c.

В оценке времени расхождения гаплогрупп О и N1 авторами (2007) также допущено трехкратное преувеличение, во всяком случае на основе гаплотипов О и N1, представленных в статье. Базовый китайский N1 гаплотип (приведен выше) и гаплотип единственного представителя гаплогруппы О разделяют 15 мутаций на 17-маркерных гаплотипах. Это соответствует времени жизни их общего предка 10700 лет назад, но никак не 34600 лет, вычисленных авторами. У них опять превышение примерно в то самое магического число 3.3 раза.

В целом, основной вывод авторов (2007), что миграция носителей гаплогруппы N из Сибири в Европу имела место 12-14 тысяч лет назад, совершенно не поддерживается гаплотипами, приведенными в их статье. Это могло быть не ранее 6-7 тысяч лет назад, если опираться на гаплотипы.

## ЛИТЕРАТУРА

Клёсов, А.А. (2008а). Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 1 (5), 812-835.

Bortolini, M.-C., Salzano, F.M., Thomas, M.G., Stuart, S., Nasanen, S.P.K., Bau, C.H.D., Hutz, M.H., Layrisse, Z., Petzl-Erler, M.L., Tsuneto, L.T., Hill, K., Hurtado, A.M., Castro-de-Guerra, D., Torres, M.M., Groot, H., Michalski, R., Nymadawa, P., Bedoya, G., Bradman, N., Labuda, D. and Ruiz-Linares, A. (2003). Y-chromosome evidence for differing ancient demographic histories in the Americas. *Am. J. Hum. Genet.* 73, 524-539.

Chandler, J.F. (2006) Estimating per-locus mutation rates. *J. Genetic Genealogy* 2, 27-33.

Dupuy, B.M., Stenersen, M., Egeland, T., Olaisen, B. (2004) Y-chromosomal microsatellite mutation rates: differences in mutation rate between and within loci. *Hum. Mutat.* 23, 117-124.

Klyosov, A.A. (2008) DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. Nature Precedings, *hdl:10101/npre.2008.2733.1*, <http://precedings.nature.com/documents/2733/version/1>

Siiri Rootsi, S., Zhivotovsky, L.A., Baldovič, M., Kayser, M., Kutuev, I.A., Khusainova, R., Bermisheva, M.A., Gubina, M., Fedorova, S.A., Ilumäe, A.-M., Khusnutdinova, E.K., Voevoda, M.I., Osipova, L.P., Stoneking, M., Lin, A.A., Ferak, V., Parik, J., Kivisild, T., Underhill, P.A. and Villems, R. (2007) A counter-clockwise northern route of the Y-chromosome haplogroup N from Southeast Asia towards Europe. *Eur. J. Human Genet.* 15, 204-211.

Zhivotovsky, L.A., Underhill, P.A., Cinnoglu, C., Kayser, M., Morar, B., Kivisild, T., Scozzari, R., Cruciani, F., Destro-Bisol, G., Spedini, G., Chambers, G.K., Herrera, R.J., Yong, K.K., Gresham, D., Tournev, I., Feldman, M.W., and Kalaydjieva, L. (2004) The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time. *Am. J. Human Genet.* 74, 50-61.

# Обсуждение статьи «В поисках происхождения гагаузов: Y-хромосомный анализ» (Varzari с соавт., Amer. J. Human Biology, 2009).

*Анатолий А. Клёсов*

*<http://aklyosov.home.comcast.net>*

## Резюме

Гаплотипы гаплогруппы E1b1b1 в сообществе гагаузов недавние, и появились там 800-1000 лет назад. Относительно недавние и гаплотипы гаплогруппы N1c1, с общим предком 2100 лет назад. Гаплогруппа I1, типично европейского происхождения, имеет в среде гагаузов опять же типичный для европейцев возраст, около 2700 лет. Несколько старше общий предок гаплогрупп I2a и I2b в среде гагаузов, который жил примерно 3500-3600 лет назад. Такого же возраста и гаплогруппа R1a1, типичная для восточных славян по базовому гаплотипу. Гаплогруппа T относительно старая, ей в среде гагаузов примерно 4500 лет. На удивление старая гаплогруппа R1b1b2, которой более 5 тысяч лет. Это нетипично для Европы, и может свидетельствовать об Анатолийском происхождении. Гаплогруппа J2 имеет нормальный для Ближнего Востока возраст примерно 5500 лет, и могла быть занесена гагаузам в любое время, от древнейших до относительно недавних. Но это может также указывать на ее Анатолийское происхождение. Самая старая гаплогруппа в среде гагаузов – гаплогруппа G, ей – около 8200 лет. Это опять может быть либо Анатолийское, либо кавказское происхождение.

## Введение

Авторы привели 89 семи-маркерных гаплотипов (из стандартной 12-маркерной панели были опущены DYS385a,b, 388, 426 и 439), времена общих предков не рассчитывали, и ограничились стандартным сопоставлением «частот» и «вариацией» (diversity) гаплотипов, причем поперек всех гаплогрупп, суммарно, чохом. При этом две подгруппы гагаузов (из селений Конгаз и Этулия, оба из Молдавии) рассматривались

раздельно. Обсуждение сводилось в основном к тому, к какому региону более близки гаплогруппы гагаузов – к Средней Азии, к Анатолии или к Балканам, причем в качестве основного критерия принимались «генетические расстояния» и «молекулярные вариации». На основании полученных данных авторы склоняются к Балканскому происхождению гагаузов, хотя по мнению авторов выявлена и общность с турками (Turkish lineages и Anatolian lineages). Обсуждаются «социальные факторы», лингвистические и культурные, в формировании гагаузов. Не раз упоминается, что R1a1-M17 могли попасть к гагаузам из Средней Азии, но по мнению авторов не попали, поскольку «типичные для Средней Азии» R1a1 у них отсутствуют. Что это за такие «типичные» среднеазиатские R1a1 – так и остается загадкой при чтении статьи. В статье говорится, что балканские и среднеазиатские R1a1 различаются, но в чем – опять не говорится и не обсуждается.

В этой работе я в качестве упражнения продемонстрирую то, что авторы упустили, а именно анализ гаплотипов гагаузов в отношении их общих предков и их датировки. Общая концепция такого подхода такова, что если анализ гаплотипов дает время общего предка, скажем, 300-1000 лет назад, то есть 11-й – 18-й века нашей эры, то понятно, что эти гаплогруппы – «пришлые» и недавние, и не могли формировать древнюю общность гагаузов. Если общий предок окажется, скажем, 4000-8000 лет назад, то это опять же или пришлые, или древние, но хотя бы появляется вероятность их отношения к древним гагаузам или их предшественникам. Для ответа на этот вопрос необходимо привлекать исторический контекст.

## МЕТОДИКА

Разделение серии гаплотипов, принадлежащих разным гаплогруппам проводилось построением дерева гаплотипов (рис. 1), хотя сегрегация ветвей для 7-маркерных гаплотипов не может обычно считаться удовлетворительной. Действительно, одни и те же гаплотипы расходились по разным ветвям по разным сторонам дерева. Как показывает опыт, даже 25-маркерные гаплотипы порой не группируются чисто по ветвям, в сравнении с 37-маркерными гаплотипами.





Вычисление времен до общих предков серии гаплотипов проводилось суммированием мутаций 7-маркерных гаплотипов и расчетом среднего количества мутаций на маркер. Число поколений до общего предка рассчитывалась, применяя среднюю скорость мутаций в 7-маркерных гаплотипах, равную 0.013 мутаций на гаплотип на поколение, или 0.00186 мутаций на маркер на поколение (Клёсов, 2008а) и вводя поправку на возвратные мутации с использованием соответствующей таблицы (Клёсов, 2008а). Число лет в поколении постулировалось равным 25, поскольку таким образом оно жестко связано с величиной применяемых средних скоростей мутаций на маркер на поколение.

Общий предок для серии ветвей рассчитывался следующим образом:

- (а) находился базовый гаплотип каждой ветви («вторичный» базовый гаплотип) и число поколений по общему предку ветви, как описано выше,
- (б) найденные базовые гаплотипы ветвей (и отдельно стоящих гаплотипов, не попадающих на ветви) выписывались в виде серии гаплотипов,
- (в) минимизацией мутаций находился «первичный» базовый гаплотип первопредка для серии ветвей,
- (г) рассчитывалось среднее количество мутаций на маркер от базовых гаплотипов ветвей (то есть «вторичных» базовых гаплотипов) до «первичного» базового гаплотипа,
- (д) рассчитывалось среднее число поколений от «вторичных» базовых гаплотипов до «первичного» с учетом поправок на возвратные мутации, -
- (е) рассчитывалось среднее число поколений от нашего времени до «вторичных» базовых гаплотипов, и
- (ж) величины, полученные в пунктах (д) и (е) суммировались (поскольку соответствуют временному расстоянию от «вторичных» предков до первопредка, и от настоящего времени до «вторичных» первопредков.

## АНАЛИЗ ГАПЛОТИПОВ

### *Гагаузы гаплогруппы R1a1*

Во всей выборке - 17 гаплотипов, из них 6 идентичных. Если у всех 17 один общий предок, и эти 6 гаплотипов - базовые, то расстояние в поколениях до общего предка  $\ln(17/6)/0.013 = 80$  поколений (без поправки на возвратные гаплотипы), по мутациям -  $36/17/0.013 = 163$

поколения (без поправки). Несовпадение показывает, что выборка происходит более, чем от одного общего предка. Собственно, это очевидно из рис. 1, на котором гаплотипы R1a1 сидят на противоположных сторонах дерева гаплотипов.

Аналогичный подход показывает, что популяция Этулии (11 человек) происходит более, чем от одного общего предка:  $\ln(11/6)/0.013 = 47$  поколений,  $14/11/0.013 = 98$  поколений. Опять нестыковка, следовательно – более одного общего предка. К популяции Конгаз логарифмический метод неприменим, там нет преобладающего гаплотипа.

В итоге найденное решение следующее: популяция Этулии состоит из двух групп гаплотипов (см. рис. 1, одна группа из семи гаплотипов в нижней части дерева, номера 069-074, другая – справа вверху), в одной семь гаплотипов с шестью базовыми (в формате DYS 19, 388, 390, 391, 392, 393 – 389I-389II)

16-X-26-11-11-13 – 13-30

так что  $\ln(7/6)/0.013 = 12$  поколений (300 лет до общего предка), и  $1/7/0.013 = 11$  поколений (275 лет до общего предка), поскольку все семь гаплотипов содержат только одну мутацию. Это – совсем недавний общий предок, 18-й век, и его R1a1 гаплотип мутирован от обычных R1a1 гаплотипов на 25→26 в DYS390. Это – довольно обычная мутация у славянских R1a1 гаплотипов, она встречается примерно в 10% случаев. На первом месте встречается мутация 25→24, 13% случаев. На третьем – 25→23, 2% случаев. В 75% случаев у восточных славян встречается исходный немутированный вариант DYS390 = 25.

Вторая часть популяции Этулии имеет базовый гаплотип

16-X-25-10-11-13 – 13-29

Это – три гаплотипа из четырех, что дает  $\ln(4/3)/0.013 = 22$  поколения (550 лет до общего предка), и  $1/4/0.013 = 19$  поколений (475 лет до общего предка), в среднем  $510 \pm 50$  лет до общего предка, 15-16-й века.

Эти общие предки, конечно, не определяют происхождение гагаузов. Это – недавние «пришельцы».

Популяция Конгаз из шести человек имеет следующий базовый гаплотип:

16-X-25-10-11-13 – 13-30

Эти шесть гаплотипов имеют 10 мутаций, так что их общий предок жил 3675 лет назад (с поправкой на возвратные мутации). Это – классический славянский R1a1 базовый гаплотип, который в 12-маркерном варианте (формат FTDNA) выглядит следующим образом (Клёсов, 2008b):

13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30

или в формате выше

16-12-25-10-11-13 – 13-30

3675 лет назад – тоже типичное время для славянских гаплотипов R1a1 в укороченном формате. Эти гаплотипы могли войти в сообщество будущих гагаузов в те древние времена, или они могли быть принесены позже. Основания для того или другого вывода не могут быть получены методами ДНК-генеалогии, без привлечения исторического контекста.

### *Гагаузы гаплогруппы R1b1b2*

Это – европейская гаплогруппа. Обычное время жизни общих предков данной гаплогруппы в Европе – 4-5 тысяч лет назад.

Одна группа из пяти гаплотипов R1b на дереве (рис. 1) объединяет номера 079, 082-083 и 085-086. Это гаплотипы Этулии, базовый гаплотип

14-X-24-11-13-13 – 14-30

который представляет классический Атлантический модальный гаплотип с мутацией 29→30.

Во всех пяти гаплотипах – 4 мутации, что дает 1625 лет до общего предка, 4-й век нашей эры.

Два гаплотипа, 081 (Конгаз) и 084 (Этулия) сидят парой на дереве, с базовым гаплотипом

14-X-25-10-13(14)-12 – 14-29(30)

Между ними всего две мутации, что дает примерно 2100 лет до общего предка.

Остальные четыре гаплотипа, все из Конгаза, сидят на одной ветви, но на разных ее концах (076, 077, 080, и 078). Первые три имеют базовый гаплотип

14-X-24-11-11-12 – 13-29

Между ними – только одна мутация, то есть общий предок жил 675 лет назад. Отдаленный (хотя на той же ветви) гаплотип

14-X-24-11-13-13 – 13-29

отличается на три мутации. Если рассматривать эти четыре гаплотипа совместно (с четырьмя мутациями), то их общий предок жил 2100 лет назад.

Все три базовых и один одиночный гаплотип образуют систему

14-X-24-11-13-13 – 14-30

14-X-25-10-13(14)-12 – 14-29(30)

14-X-24-11-11-12 – 13-29

14-X-24-11-13-13 – 13-29

Указывающую на предковый для всех гаплотип

14-X-24-11-13-12(13) – 14(13)-30(29)

с 8 мутациями во всех четырех гаплотипах по отношению к предковому. Это дает 4525 лет от базовых гаплотипов до предкового, плюс 1100 лет как среднее временное расстояние до базовых гаплотипов, получаем 5625 лет до общего предка всех базовых гаплотипов в серии. Это уже вполне мог быть «исторический» предковый гаплотип гагаузов.

### *Гагаузы гаплогруппы E1b1b1a и E1b1b1c*

Гаплотипы E1b1b1a распределяются следующим образом. Группа из 8 гаплотипов Конгаз и Этулия (001-005, 008-010) имеет пять идентичных базовых гаплотипов

13-X-24-10-11-13 – 13-30

что дает  $\ln(8/5)/0.013 = 36$  поколений до общего предка (37 поколений с поправкой на возвратные мутации, то есть 925 лет до общего предка). Эти гаплотипы имеют три мутации, что дает 750 лет до общего предка. В среднем -  $840 \pm 120$  лет до общего предка, 12-й век нашей эры.

Два других гаплотипа (006 и 007) идентичны, и принадлежат представителям Конгаз и Этулия :

13-X-25-10-11-13 – 13-30

и отличаются всего на одну мутацию. Формально - 2100 лет расстояния между двумя сериями гаплотипов, и их первопредок жил  $420 + 1050 = 1470$  лет назад, 6-й век нашей эры.

Два гаплотипа E1b1b1c (011 и 012) отличаются только на одну мутацию, и их общий предок жил примерно 1000 лет назад.

Таким образом, гаплотипы гаплогруппы E1b1b1 у гагаузов относительно недавние.

### *Гагаузы гаплогруппы G*

12 гаплотипов этой гаплогруппы разделяются на ветвь 016, 018, 019 и 020 (все - Этулия), ветвь 013, 014 (Этулия), ветвь 015, 021, 022 (Конгаз и Этулия) , и ветвь 017,023, 024 (все - Конгаз).

Первая ветвь молодая,  $\ln(4/3)/0.13 = 22$  поколения,  $1/4/0.013 = 19$  поколений, в среднем  $510 \pm 50$  лет до общего предка. Ее базовый гаплотип

15-X-23-10-12-14 – 12-29

Вторая ветвь содержит два идентичных гаплотипа

14-X-23-10-11-15 – 12-28

Третья расходуется по двум разным гаплотипам

16-X-22-10-11-13 – 12-28

14-X-24-10-12-13 – 12-28

с общим предком первого базового гаплотипа жившим 1000 лет назад.

Четвертая ветвь с базовым гаплотипом

16-X-22-10-10-14 – 12-29

и тремя мутациями на три гаплотипа восходит к общему предку, жившему 2100 лет назад.

Все эти пять гаплотипов (базовых и современных) с усредненным расстоянием до них 720 лет

15-X-23-10-12-14 – 12-29

14-X-23-10-11-15 – 12-28

16-X-22-10-11-13 – 12-28

14-X-24-10-12-13 – 12-28

16-X-22-10-10-14 – 12-29

имеют предковый гаплотип

15-X-23-10-11-14 – 12-28

с 15 мутациями от него, что помещает предковый гаплотип на  $7425+720 = 8145$  лет назад.

### *Гагаузы гаплогруппы I1*

Обычно общие предки этой гаплогруппы приходятся на период времени около 3 тысяч лет назад. Это – молодая европейская линия гаплогруппы I.

Четыре гаплотипа гагаузов этой гаплогруппы имеют общего предка с базовым гаплотипом

14-X-23-10-11-13 – 12-28

и все четыре гаплотипа имеют от него в сумме пять мутаций. Это помещает общего предка на вполне обычные 2675 лет назад.

### *Гагаузы гаплогрупп I2a и I2b*

11 гаплотипов из обоих селений образуют единую ветвь гаплогруппы I2a (рис. 1 справа, между гаплогруппами 043 и 041), с базовым гаплотипом

16-X-24-11-11-13 – 13-31

Во всех 11 гаплотипах – 13 мутаций, что помещает общего предка 2500 лет назад.

Отдельно сидят три идентичных гаплотипа (029-031, Конгаз)

14-X-24-10-11-13 – 13-30

и два идентичных (Конгаз)

16-X-24-10-11-13 – 13-31

и еще два одиночных и разных гаплотипа (032 и 034) с разных ветвей (Этулия и Конгаз)

15-X-24-11-11-13 – 13-30

16-X-24-11-11-13 – 13-30

Это образует серию базовых и одиночных гаплотипов гаплогруппы I2a

16-X-24-11-11-13 – 13-31

14-X-24-10-11-13 – 13-30

16-X-24-10-11-13 – 13-31

15-X-24-11-11-13 – 13-30



16-X-24-11-11-13 – 13-30

и указывает на предковый гаплотип всех базовых и единичных ветвей:

16-X-24-11-11-13 – 13-30

от которого все гаплотипы отходят суммарно на 7 мутаций, что помещает первопредка 3000 лет назад. Поскольку все базовые и одиночные гаплотипы отстоят от нашего времени в среднем на 500 лет, то общий первопредок гаплогруппы I2a жил 3500 лет назад.

Серия из трех гаплотипов гаплогруппы I2b произошла от общего предка, которой жил в те же времена. Их базовый гаплотип

15-X-23-10-12-14 – 13-29

приводит к пяти мутациям, что помещает общего предка 3675 лет назад.

### *Гагаузы гаплогруппы J2*

Три гаплотипа этой гаплогруппы имеют базовый гаплотип

15-X-23-9-11-12 – 13-29

и содержат 7 мутаций, что соответствует времени жизни общего предка 5450 лет назад.

### *Гагаузы гаплогруппы N1c1*

Два гаплотипа этой гаплогруппы имеют базовый гаплотип

14-X-23-10(11)-14-14(15) – 14-30

и содержат 2 мутации, что соответствует времени жизни общего предка 2100 лет назад.

### *Гагаузы гаплогруппы T*

Три гаплотипа этой гаплогруппы имеют базовый гаплотип

13-X-23-10-13-13 – 14-30

и содержат 6 мутаций, что соответствует времени жизни общего предка 4525 лет назад.

### *Литература*

Varzari, A., Kharkov, V., Stephan, W., Dergachev, V., Puzyrev, V., Weiss, E.H. and Stepanov, V. (2009) Amer. J. Human Biol., in the press. Published online December 23, 2008.

Клёсов, А.А. (2008a) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 1 (5), 812-835.

Клёсов, А.А. (2008b) Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 1 (5), 947-957.

# Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть I. Общая модель.

*Дмитрий С. Адамов и Анатолий А. Клёсов*

*nimissin@mail.ru*

*<http://aklyosov.home.comcast.net>*

Разработана общая модель, учитывающая степень асимметрии мутаций в маркерах гаплотипов Y-хромосомы и являющаяся развитием опубликованных авторами методов расчета времен жизни общих предков выборок гаплотипов - «линейного», «логарифмического» (Клёсов, 2008а; Клёсов, 2008b) и «квадратичного» методов (Адамов и Клёсов, 2008b). Проведено сопоставление «линейного» подхода, при котором учитываются все мутации в серии гаплотипов по отношению к базовому (предковому) гаплотипу, и «квадратичного» подхода, при котором рассчитываются средние квадратичные отклонения от средних величин аллелей с учетом знака мутации. В первом подходе необходимо знать базовый гаплотип в серии гаплотипов и вводить поправки на возвратные мутации. Во втором подходе знание базового гаплотипа не требуется, и получаемый результат не зависит от степени асимметрии мутаций в выборке гаплотипов и не требует поправок на возвратные мутации.

## *Введение*

В работах по «линейному» и «логарифмическому» методам (Клёсов, 2008a; Клёсов, 2008b) была показана необходимость учета возвратных мутаций при определении возраста жизни общего предка исследуемой выборки гаплотипов Y-хромосомы. В работе, посвященной различным вариантам «квадратичного» метода (Адамов и Клёсов, 2008b), были выведены формулы зависимости наблюдаемых величин средних квадратичных отклонений аллелей (от аллелей базового гаплотипа или друг от друга) от возраста популяции для двух крайних случаев – симметричного дерева мутаций и полной асимметрии мутаций, когда все мутации происходят исключительно в сторону увеличения или уменьшения числа аллелей (STR повторов) относительно предкового гаплотипа.

В работе (Адамов и Клёсов, 2008a) было показано, что для случая полной асимметрии мутаций возвратных мутаций практически нет, а для симметричного дерева мутаций вклад возвратных мутаций максимален. Общие формулы, выведенные в работе (Адамов и Клёсов, 2008a) в пуассоновском приближении, позволяют оценить влияние возвратных мутаций в общем случае, когда задано произвольное соотношение между вероятностями мутаций числа tandemных повторов в сторону увеличения или в сторону уменьшения.

В дальнейшем модель, учитывающую влияние возвратных мутаций в общем случае, мы будем называть для простоты «общей моделью».

### *Расчет среднего числа мутаций на маркер в зависимости от их степени асимметрии*

Для простоты и наглядности рассмотрим выборку гаплотипов, состоящих из одного маркера. В работе (Адамов и Клёсов, 2008a) было введено следующее соотношение для скорости мутаций  $\mu$ :

$$\mu = \mu(+) + \mu(-), \quad (1)$$

где  $\mu(+)$  - скорость мутаций, приводящая к увеличению аллели на 1,

$\mu(-)$  - скорость мутаций, уменьшающая аллель на 1. Под аллелью подразумевается число повторов определенных блоков нуклеотидов в локусе Y-хромосомы. В этом приближении мы пренебрегаем мутациями, изменяющими аллель более чем на единицу за одно поколение (за один мейоз).

Тогда среднее число фактических мутаций, ожидаемых за время  $T$ , равно:

$$\lambda = \lambda(+) + \lambda(-), \quad (2)$$

где

$$\lambda(+) = \mu(+)T, \quad \lambda(-) = \mu(-)T.$$

Напомним, что время  $T$  у нас исчисляется в числе поколений продолжительностью по 25 лет каждое, поскольку именно эта величина применялась при калибровке скоростей мутаций. Кроме того, число фактических мутаций  $m$  - всегда целое положительное число, а среднее число мутаций  $\lambda = \mu T$  - любое положительное число (Адамов и Клёсов, 2008а).

В основе нашей общей модели лежит предположение о том, что распределение вероятностей фактического числа мутаций  $m$  в локусе является пуассоновским (Адамов и Клёсов, 2008а):

$$P(m) = \frac{\lambda^m}{m!} e^{-\lambda}. \quad (3)$$

Оставляя выкладки за пределами изложения, скажем, что формулу (3) с учетом соотношения (2) можно записать в следующем виде:

$$P(m) = P(m,0) + \sum_{k=2}^m P(m,k) + \sum_{k=2}^m P(-m,-k), \quad m,k - \text{четные}, \quad (4a)$$

$$P(m) = \sum_{k=1}^m P(m,k) + \sum_{k=1}^m P(-m,-k), \quad m,k - \text{нечетные}, \quad (4b)$$

где

$$P(m,0) = p\left(\frac{m}{2}, \lambda(+)\right)p\left(\frac{m}{2}, \lambda(-)\right), \quad m - \text{четное}, \quad (5a)$$

$$P(m,k) = p\left(\frac{m+k}{2}, \lambda(+)\right)p\left(\frac{m-k}{2}, \lambda(-)\right), \quad 0 < k \leq m, \quad k, m - \text{одновременно} \\ \text{четные либо нечетные}, \quad (5b)$$

$$P(-m,-k) = p\left(\frac{m+k}{2}, \lambda(-)\right)p\left(\frac{m-k}{2}, \lambda(+)\right), \quad 0 < k \leq m, \quad k, m - \text{одновременно} \\ \text{четные либо нечетные}, \quad (5c)$$

а

$$p(k, \lambda) = \frac{\lambda^k}{k!} e^{-\lambda} - \text{распределение Пуассона.}$$

Формулы (4) можно объяснить следующим образом: вероятность фактических мутаций  $m$  складывается из суммы вероятностей  $P(\pm m, \pm k)$ , описывающих случаи, когда фактически было  $\pm m$  одношаговых мутаций, но из-за наличия возвратных мутаций наблюдается  $\pm k$  мутаций. Вероятность наблюдения предковой аллели  $P(m,0)$  равна произведению вероятности половины мутаций  $\frac{m}{2}$  с увеличением аллели и вероятности другой половины  $\frac{m}{2}$  с уменьшением аллели. В результате этих взаимно исключаящих мутаций будет наблюдаться предковая аллель. Далее, для наблюдения  $+k$  мутаций необходимо, чтобы  $\frac{m+k}{2}$  мутаций прошло с увеличением числа повторов, а  $\frac{m-k}{2}$  мутаций – с их уменьшением. Для наблюдения  $-k$  мутаций, наоборот, необходимы  $\frac{m+k}{2}$  мутаций с уменьшением числа STR повторов, а  $\frac{m-k}{2}$  мутаций – с увеличением. В формулах (5) приведены произведения соответствующих вероятностей.

А что мы имеем в реальности? Мы располагаем выборкой гаплотипов, которые распределяются каким-то образом по наблюдаемому числу мутаций  $\pm k$ . Обозначим их соответственно как  $P_{набл}(+k)$  и  $P_{набл}(-k)$ . В нашей общей модели они складываются из вероятностей фактических мутаций  $\pm m$ :

$$P_{набл}(+k) = P(k,k) + P(k+2,k) + P(k+4,k) + \dots = \sum_{i=0}^{\infty} P(k+2i,k), \quad k \geq 0 \quad (6a)$$

$$P_{набл}(-k) = P(-k, -k) + P(-k - 2, -k) + P(-k - 4, -k) + \dots = \sum_{i=0}^{\infty} P(-k - 2i, -k), \quad (6b)$$

$$k > 0.$$

В теории  $m = k + 2i \rightarrow +\infty$ , но на практике существуют ограничения: число STR повторов обычно находится в диапазоне от 6 до 40 (Адамов и Клёсов, 2008а). Чем больше членов в формуле для  $P_{набл}(\pm k)$  будет учитываться, тем точнее будут рассчитаны наблюдаемые вероятности в рамках общей модели.

Степень асимметрии мутации будем оценивать с помощью параметра  $\varepsilon$ :

$$\varepsilon = \frac{\lambda(+)}{\lambda}, \text{ если } \lambda(+)\geq\lambda(-), \quad (7a)$$

$$\varepsilon = \frac{\lambda(-)}{\lambda}, \text{ если } \lambda(-)>\lambda(+). \quad (7b)$$

Очевидно, что  $\varepsilon$  меняется от 0.5 (симметрия мутаций) до 1 (все мутации идут только в одну сторону).

Подстановка в формулы (6а, 6b) значений  $P(\pm m, \pm k)$  из (5а, 5b, 5с) учетом определений (7а, 7b) приводит к следующим важным соотношениям:

для  $\lambda(+)\geq\lambda(-)$ :

$$P_{набл}(k) = e^{-\lambda} \left(\frac{\varepsilon}{1-\varepsilon}\right)^{\frac{k}{2}} I_k(2\lambda\sqrt{\varepsilon(1-\varepsilon)}), \quad k \geq 0 \quad (8a)$$

$$P_{набл}(-k) = e^{-\lambda} \left(\frac{1-\varepsilon}{\varepsilon}\right)^{\frac{k}{2}} I_k(2\lambda\sqrt{\varepsilon(1-\varepsilon)}), \quad k > 0 \quad (8b)$$

для  $\lambda(+)<\lambda(-)$ :

$$P_{набл}(k) = e^{-\lambda} \left(\frac{1-\varepsilon}{\varepsilon}\right)^{\frac{k}{2}} I_k(2\lambda\sqrt{\varepsilon(1-\varepsilon)}), \quad k \geq 0 \quad (9a)$$

$$P_{набл}(-k) = e^{-\lambda} \left(\frac{\varepsilon}{1-\varepsilon}\right)^{\frac{k}{2}} I_k(2\lambda\sqrt{\varepsilon(1-\varepsilon)}), \quad k > 0 \quad (9b)$$

где  $I_k(z)$  - модифицированная функция Бесселя 1-го рода (Прудников и др., 1983).

Формулы (8а, 8b), (9а, 9b) позволяют рассчитать теоретические вероятности степени асимметричности мутаций.

В качестве примера приведем результаты расчета наблюдаемых вероятностей для характерных значений  $\lambda = 0.3$  и  $\lambda = 0.8$  в зависимости от параметра  $\varepsilon$  для случая  $\lambda(-) \leq \lambda(+)$ . Напомним, что  $\lambda$  – это число фактических мутаций на маркер, накопившееся за определенный период времени. При скорости мутаций 0.002 мутации на маркер за поколение, величины  $\lambda = 0.3$  и  $\lambda = 0.8$  соответствуют 150 и 400 поколениям, или 3750 и 10000 лет, соответственно.

**Таблица 1.**

**Наблюдаемые вероятности для  $\lambda = 0.3$  (3750 лет при скорости мутаций 0.002 на маркер за поколение).  $\varepsilon$  – степень асимметричности мутаций.**

$\lambda = 0.3$ $\varepsilon$	Отклонение наблюдаемой аллели относительно предковой							
	-3	-2	-1	0	1	2	3	4
0.5	0	0.008	0.112	0.758	0.112	0.008	0	0
0.6	0	0.005	0.090	0.757	0.135	0.012	0.001	0
0.7	0	0.003	0.067	0.755	0.157	0.016	0.001	0
0.75	0	0.002	0.056	0.753	0.168	0.019	0.001	0
0.8	0	0.001	0.045	0.751	0.179	0.021	0.002	0
0.85	0	0.001	0.034	0.749	0.190	0.024	0.002	0
0.9	0	0	0.022	0.747	0.201	0.027	0.002	0
0.95	0	0	0.011	0.744	0.212	0.030	0.003	0
1	0	0	0	0.741	0.222	0.033	0.003	0

**Таблица 2.**

**Наблюдаемые вероятности для  $\lambda = 0.8$  (10000 лет при скорости мутаций 0.002 на маркер за поколение).  $\varepsilon$  – степень асимметричности мутаций.**

$\lambda = 0.8$ $\varepsilon$	Отклонение наблюдаемой аллели относительно предковой								
	-3	-2	-1	0	1	2	3	4	5
0.5	0.005	0.038	0.195	0.524	0.195	0.038	0.005	0	0
0.6	0.003	0.024	0.155	0.521	0.233	0.054	0.009	0.001	0
0.7	0.001	0.014	0.115	0.512	0.269	0.074	0.014	0.002	0
0.75	0.001	0.009	0.095	0.505	0.286	0.084	0.017	0.002	0
0.8	0	0.006	0.076	0.497	0.303	0.095	0.020	0.003	0
0.85	0	0.003	0.056	0.487	0.318	0.107	0.024	0.004	0.001
0.9	0	0.001	0.037	0.476	0.333	0.119	0.028	0.005	0.001
0.95	0	0	0.018	0.463	0.347	0.131	0.033	0.006	0.001
1	0	0	0	0.449	0.359	0.144	0.038	0.008	0.001



В Таблицах 1 и 2 вероятности мутаций приведены с точностью 0.001. Для случая  $\lambda(-) > \lambda(+)$  абсолютные значения вероятностей такие же, только меняются знаки (направления) мутаций.

По мере возрастания степени асимметрии (параметра  $\varepsilon$ ) наблюдаемое распределение вероятностей мутаций из симметричного при  $\varepsilon = 0.5$  превращается в асимметричное распределение Пуассона при  $\varepsilon = 1$ . Ширина (размах) распределения определяется величиной среднего значения фактических мутаций  $\lambda$ .

Между наблюдаемыми вероятностями в рамках общей модели выполняется следующее соотношение:

$$\frac{P_{набл}(+k)}{P_{набл}(-k)} = \left(\frac{\varepsilon}{1-\varepsilon}\right)^k \quad \text{при } \lambda(-) \leq \lambda(+)$$
 (10a)

$$\frac{P_{набл}(-k)}{P_{набл}(+k)} = \left(\frac{\varepsilon}{1-\varepsilon}\right)^k \quad \text{при } \lambda(-) > \lambda(+).$$
 (10b)

Даже при слабой степени асимметрии  $\varepsilon = 0.6-0.7$  количество двойных и тройных мутаций в сторону увеличения и уменьшения будет сильно различаться. Поэтому по кратностям выше 1 трудно судить о степени асимметрии – в этих случаях наблюдаемая асимметрия скорее правило, а не исключение.

Предположение о пуассоновском характере фактических мутаций в гаплотипах и учет возвратных мутаций позволили нам рассчитать вероятность наблюдения  $k$  мутаций относительно предкового гаплотипа для любой степени асимметрии в направлении мутаций. Для симметричного дерева мутаций вероятности изменения числа tandemных повторов в сторону увеличения или уменьшения одинаковы. Поэтому в предыдущих работах (Адамов и Клёсов, 2008а; Адамов и Клесов, 2008b) распределение вероятностей наблюдаемых мутаций в сторону увеличения и в сторону уменьшения аллелей рассчитывались совместно. В общей модели, когда вероятности мутаций в стороны увеличения и уменьшения числа повторов различны, мы рассчитали вероятности наблюдения  $+k$  и  $-k$  мутаций отдельно.

Полученные распределения наблюдаемого числа мутаций в tandemных повторах позволяют рассчитать различные средние величины, основанные на вероятности мутаций, и используемые для расчета возраста родов и отдельных популяций.

### *Два подхода для расчета средних величин*

При определении возраста популяции по «линейному» методу (Клёсов, 2008a; Клёсов, 2008b) мы считаем количество мутаций в гаплотипах относительно предкового гаплотипа. Это – первый подход в терминах настоящей работы. В этом случае знак мутации не имеет значения, учитываем только число шагов мутаций от предковой аллели. Например, предковая аллель равна 12, а в анализируемом гаплотипе аллель равно 10. По терминологии этой статьи  $k = 2$ . Поскольку величина производной аллели на 2 меньше предковой аллели, наблюдаемые мутации обозначаем, как  $-k = -2$ . В подходе, применяемом в «линейном» методе, мы добавляем 2 к общему числу мутаций по выборке, знак не учитываем.

Второй подход основывается на обычном определении средних величин по теории вероятностей. В этом случае учитывается не только величина (шаг) мутаций, но и их знак. Для распределений наблюдаемого числа мутаций в общей модели (6) среднее значение равно:

$$\bar{k} = \sum_k (kP_{набл}(k) - kP_{набл}(-k)) = (2\varepsilon - 1)\lambda \quad (11)$$

Для полной асимметрии мутаций ( $\varepsilon = 1$ ) среднее значение равно  $\lambda$ , как и должно быть для пуассоновского распределения. Для симметричного дерева мутаций ( $\varepsilon = 0.5$ ), как и следовало ожидать, среднее значение  $\bar{k} = 0$ , то есть мутации с увеличением и уменьшением аллели равновероятны. В этом случае вся информация о возрасте популяции утрачивается. С этой точки зрения среднее значение  $\bar{k}$  - плохой показатель.

Вернемся к первому подходу. Мы рассчитываем среднее число наблюдаемых мутаций на маркер  $\lambda_{набл}$ , которое меньше фактического среднего числа произошедших мутаций  $\lambda$  из-за возвратных мутаций (Адамов и Клёсов, 2008a). По нашей общей модели:

$$\lambda_{набл} = \sum_k (kP_{набл}(k) + kP_{набл}(-k)) \quad (12)$$

В формулах (11) и (12) два разных подхода к учету знака мутаций выражены математическим языком.

Для  $\lambda \leq 0.8$  с точностью не хуже 1 % можно использовать следующую аппроксимацию формулы (12):

$$\lambda_{набл} = \frac{\lambda}{2}(1 + e^{-\lambda}) + \frac{\lambda}{2}(1 - e^{-\lambda})(2\varepsilon - 1)^2 \quad (13)$$

В дальнейшем будет показано, что параметр

$$a = (2\varepsilon - 1)^2 \quad (14)$$

и есть главный показатель, численно характеризующий степень асимметрии мутаций.

Теперь рассмотрим квадратичные показатели.

Различные варианты средних квадратичных отклонений для случаев симметрии ( $\varepsilon = 0.5$ ) и полной асимметрии ( $\varepsilon = 1$ ) мутаций рассматривались в работе (Адамов и Клёсов, 2008b). В рамках первого подхода (см. выше) среднее квадратичное отклонение (ASD, average squared difference) относительно предковой аллели:

$$ASD0 = \sum_k (k^2 P_{набл}(k) + k^2 P_{набл}(-k)) \quad (15)$$

Общая модель дает точное решение:

$$ASD0 = \lambda + a\lambda^2, \quad (16)$$

где параметр асимметрии мутаций  $a$  рассчитывается по формуле (14).

Для симметричного дерева мутаций  $a = 0$ , и

$$ASD0 = \lambda.$$

Для полностью асимметричных мутаций  $a = 1$ , и

$$ASD0 = \lambda + \lambda^2.$$

Если все мутации учитываются с положительным знаком, среднее квадратичное отклонение относительно наблюдаемого среднего числа мутаций равно

$$ASDM = \sum_k ((k - \lambda_{набл})^2 P_{набл}(k) + (k - \lambda_{набл})^2 P_{набл}(-k)) \quad (17)$$

С учетом соотношения (12) можно показать, что

$$ASDM = ASD0 - \lambda_{набл}^2 \quad (18)$$

В работе (Адамов и Клёсов, 2008b) было показано, что для симметричного дерева мутаций

$$ASDM = \lambda - \lambda_{набл}^2,$$

а для полностью асимметричных мутаций

$$ASDM = \lambda.$$

Можно показать, что вариант расчета средних квадратичных отклонений  $ASDN = \sum_l \sum_m (|l| - |m|)^2 P_{набл}(l) P_{набл}(m)$  в точности эквивалентен удвоенному значению  $ASDM$ :

$$ASDN = 2ASDM.$$

В связи с этим показатель  $ASDN$  в дальнейшем рассматривать не будем.

Что же получается в рамках второго подхода? Формула для среднего квадратичного отклонения относительно предковой аллели совпадает с формулой (15), полученной для первого подхода:

$$ASD0 = \sum_k (k^2 P_{набл}(k) + (-k)^2 P_{набл}(-k)) \quad (19)$$

Среднее квадратичное отклонение относительно среднего значения распределения (6) равно:

$$ASD = \sum_k ((k - \bar{k})^2 P_{набл}(k) + (-k - \bar{k})^2 P_{набл}(-k)) \quad (20)$$

где  $\bar{k}$  определяется по формуле (8).

В рамках нашей общей модели показатель  $ASD$ , определяемый формулой (20), обладает замечательными свойствами. Самое главное, он не зависит от степени асимметрии мутаций. Для любых значений параметра асимметрии  $a$

$$ASD = \lambda \quad (21)$$

При расчете  $ASD$  знания предкового гаплотипа не требуется.

Этим и объясняется широкое применение показателя  $ASD$  в практике расчетов возраста популяций, родов. По сравнению с ним среднее квадратичное отклонение  $ASD0$  и, тем более,  $ASDM$  из первого подхода значительно хуже для целей определения возраста, так как они требуют знания предкового гаплотипа и зависят от возвратных мутаций.

Сравнительный анализ двух подходов в учете знака мутаций не выявляет победителя. Для средних показателей первого порядка (т.е. линейных) лучше пользоваться первым подходом, учитывая все мутации с положительным знаком (по модулю). Но в этом случае необходимо знать базовый (предковый) гаплотип и вводить учет возвратных мутаций. Если пользоваться вторым подходом и рассчитывать средние квадратичные отклонения с учетом знака мутации, то это дает показатель  $ASD$  (формулы 20, 21), равный фактическому среднему числу мутаций, не зависящий от степени асимметрии мутаций и не требующий знания предкового гаплотипа. Но во втором подходе есть свои проблемы, связанные, в частности, с погрешностями расчетов. Этот вопрос, как и сравнительные преимущества и недостатки показателей  $\lambda_{набл}$  и  $ASD$ , будут обсуждены во второй части работы.

## Выводы

Применив пуассоновское приближение, мы разработали общую модель расчета мутаций в гаплотипах Y-хромосомы, учитывающую степень асимметрии мутаций. Общая модель позволяет с большой точностью рассчитывать теоретические распределения мутаций и определять различные средние величины, используемые для расчета возраста популяций, родов. Полученные соотношения для средних величин выявили наблюдаемые средние величины, наиболее подходящие для определения возраста: наблюдаемое среднее число мутаций на маркер  $\lambda_{набл}$ , рассчитываемое без учета знака мутации, и среднее квадратичное отклонение  $ASD$ , при расчете которого необходимо учитывать знак (направление) мутации.

## Литература

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008a) Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 4: 632-647.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008b) Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 5: 855-907.

Клёсов, А.А. (2008a) Основные положения ДНК-генеалогии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 2: 252-348.

Клёсов, А.А. (2008b) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 5: 812-835.

Прудников, А.П., Брычков, Ю.А., Маричев, О.И. (1983) Интегралы и ряды. Специальные функции. М. Наука, 752 с.

# Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть II. Погрешности расчетов.

*Дмитрий С. Адамов и Анатолий А. Клёсов*

*nimissin@mail.ru*

*<http://aklyosov.home.comcast.net>*

В рамках разработанной «общей» модели, учитывающей степень асимметрии мутаций в STR гаплотипах Y-хромосомы рассчитаны погрешности определения возраста популяций по рекомендованным наблюдаемым средним величинам с учетом размера выборки.

## *Введение*

В первой части работы авторы разработали общую модель расчета мутаций в STR гаплотипах Y-хромосомы, учитывающую степень асимметрии мутаций (Адамов и Клёсов, 2008а; Адамов и Клесов, 2008с). Рекомендованы наблюдаемые средние величины, наиболее подходящие для определения возраста: наблюдаемое среднее число мутаций на маркер  $\lambda_{набл.}$ , рассчитываемое без учета знака мутации, и среднее квадратичное отклонение  $ASD$ , при расчете которого необходимо учитывать знак (направление) мутации.

## Практическое применение общей модели

Определение возраста популяции (рода) осуществляется по некоторой ограниченной выборке гаплотипов. Обозначим через переменную  $N$  размер выборки гаплотипов, которые мы условились в первой части работы считать одномаркерными.

Для оценки возраста популяции, рода по величине наблюдаемого среднего числа мутаций на маркер  $\lambda_{набл}$  необходимо знать параметр степени асимметрии  $a$  (Адамов и Клёсов, 2008с). К сожалению, экспериментальных данных о степени асимметрии мутаций в микросателлитах очень мало. Тем не менее, для дальнейшего изложения будем считать, что параметр  $a$  известен.

Кроме того, предположим, что предковая аллель тоже известна. Метод определения предковой аллели изложен в работах (Клёсов, 2008а; Клёсов, 2008b).

Для каждого гаплотипа  $i$  определяем количество наблюдаемых мутаций  $k_i$  относительно предковой. Как уже указывалось, все мутации берем с положительным знаком. Оцениваем наблюдаемое среднее число мутаций на маркер по формуле:

$$\lambda'_{набл} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i \quad (1)$$

Оценка  $\lambda'_{набл}$  производится по ограниченной выборке из  $N$  гаплотипов, поэтому она несколько отличается от реального значения  $\lambda_{набл}$ .

Для расчета оценки фактического среднего числа мутаций на маркер  $\lambda$  можно применить следующую аппроксимацию:

$$\lambda = \frac{\lambda'_{набл}}{2} (1 + \exp(a_1 \lambda'_{набл})), \quad (2)$$

где

$$a_1 = 1 - a^{0.8} \quad (3)$$



Параметр асимметрии мутаций  $a$  был установлен в первой части работы (Адамов и Клёсов, 2008с):

$$a = (2\varepsilon - 1)^2.$$

Точность аппроксимации (2) не хуже 2 % при  $\lambda \leq 1$ .

Для симметричного дерева мутаций  $a_1 = 1$  и формула (2) приобретает более простой вид:

$$\lambda' = \frac{\lambda'_{набл}}{2} (1 + \exp(\lambda'_{набл})), \quad (4)$$

Для полной асимметрии мутаций  $a_1 = 0$  и

$$\lambda' = \lambda'_{набл} \quad (5)$$

Очевидно, что величина  $\lambda'$  также может отличаться от истинного  $\lambda$ .

Квадратичные средние величины будем оценивать по двум вариантам: среднее квадратичное отклонение относительно предкового гаплотипа  $ASD_0$  и среднее квадратичное отклонение относительно среднего по распределению с учетом знака мутации  $ASD$  (Адамов и Клёсов, 2008b; Адамов и Клёсов, 2008с).

$$ASD_0' = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - x_0)^2, \quad (6)$$

$$ASD' = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (x_i - \bar{x})^2, \quad (7)$$

где  $x_i$  - число тандемных повторов в образце  $i$ ,  $i = 1, 2, \dots, N$ ,

$x_0$  - предковая аллель,  $\bar{x}$  - среднее по выборке:

$$\bar{x} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i. \quad (8)$$

В соответствии с первой частью работы величину среднего числа мутаций на маркер оцениваем следующим образом:

$$\lambda' = ASD' \quad (9)$$

Дополнительная информация о среднем числе мутаций на маркер получается путем решения квадратного уравнения:

$$a\lambda'^2 + \lambda' - ASD0' = 0 \quad (10)$$

В результате имеем разные оценки среднего числа мутаций на маркер, полученные тремя разными методами. Соответствующие оценки возраста популяции, рода вычисляем по формуле:

$$T' = \frac{\lambda'}{\mu} \quad (11)$$

Какой метод лучше? Одним из основных критериев является точность метода.

### ***Формулы для расчета погрешностей определения средних величин***

Задачу определения точности применяемых методов поставим следующим образом. У нас имеется выборка гаплотипов размера  $N$ . Мерой точности будет являться погрешность вычисления средних величин по ограниченной выборке. Проще говоря, мы определяем по имеющимся гаплотипам среднее число мутаций на маркер  $\lambda'$ , которое несколько отличается от истинного значения  $\lambda$ . Теория математической статистики позволяет определить разброс значений  $\lambda'$  вокруг истинной величины  $\lambda$ .

Не вдаваясь в подробности вывода формул для определения погрешности определения средних величин, приведем их конечный вид:

$$\frac{\sigma(\lambda_{набл})}{\lambda_{набл}} \approx \frac{1}{\sqrt{N\lambda}} \quad (12)$$

$$\frac{\sigma(ASD)}{ASD} = \sqrt{\frac{1+2\lambda}{N\lambda}} \quad (13)$$

$$\frac{\sigma(ASD0)}{ASD0} \approx \sqrt{\frac{1+2\lambda}{N\lambda}} \quad (14)$$

где  $\sigma(\lambda_{набл})$ ,  $\sigma(ASD)$ ,  $\sigma(ASD0)$  - погрешности (выборочные стандартные отклонения) средних величин  $\lambda'_{набл}$ ,  $ASD'$ ,  $ASD0'$  соответственно.

В формулах (12) и (14) мы пренебрегаем очень слабой зависимостью от параметра степени асимметрии  $a$ . Формула (13) точная. Погрешность определения среднего числа мутаций по формуле (2) зависит от степени асимметрии:

$$\frac{\sigma(\lambda)}{\lambda} \approx \frac{1}{\sqrt{N\lambda}} \left(1 + \frac{a_1\lambda}{2}\right) \quad (15)$$

где параметр  $a_1$  определяется формулой (3), а  $\lambda \leq 1$ .

Как и следовало ожидать, относительные погрешности уменьшаются с увеличением размера выборки по закону  $\frac{1}{\sqrt{N}}$ . Для молодых популяций

( $\lambda \ll 1$ ) все относительные погрешности ведут себя как  $\frac{1}{\sqrt{N\lambda}}$ . В целом до

возраста популяций до 12000 лет ( $\lambda \leq 1$ ) точность «линейного» метода (15) выше, чем «квадратичных» методов (13, 14). Но при одном условии: известна степень асимметрии мутаций.

### ***Проверка теоретических формул при помощи численного моделирования***

Для проверки теоретических формул нашей общей модели было проведено компьютерное моделирование по методу Монте-Карло. Моделировался размер выборки  $N=100$  гаплотипов для двух характерных значений среднего числа мутаций на маркер  $\lambda = 0.3$  и  $\lambda = 0.8$ . Каждому гаплотипу  $i$  случайным образом наигрывалось число наблюдаемых мутаций  $\pm k_i$ . При этом истинное число мутаций

$m_i$  подчинялось распределению Пуассона. Направление мутаций разыгрывалось также случайным образом в соответствии с соотношением  $\varepsilon = \frac{\lambda(+)}{\lambda(+)+\lambda(-)}$  (Адамов и Клёсов, 2008с). Для каждой выборки рассчитывали выборочные средние  $\lambda'_{набл}$ ,  $ASD'$ ,  $ASD0'$  и  $\lambda'$ . С целью определения погрешности средних величин каждая выборка моделировалась, в свою очередь, по 100 раз.

Результаты численного моделирования приведены в таблицах 1 и 2.

**Таблица 1. Результаты моделирования выборки из 100 гаплотипов с  $\lambda = 0.3$  методом Монте-Карло (МК).**

Средние величины			$\varepsilon = 0.5$	$\varepsilon = 0.75$	$\varepsilon = 0.875$	$\varepsilon = 1$
$\lambda_{набл}$	МК	среднее	0.270	0.271	0.276	0.289
		погрешность	17%	20%	17%	16%
	Общая модель	среднее	0.261	0.271	0.283	0.300
		погрешность	18%	18%	18%	18%
$\lambda$ по ф-ле (2)	МК	среднее	0.313	0.298	0.292	0.289
		погрешность	20%	22%	18%	16%
	Общая модель	среднее	0.300	0.300	0.300	0.300
		погрешность	21%	20%	19%	18%
ASD	МК	среднее	0.308	0.299	0.287	0.286
		погрешность	21%	27%	21%	20%
	Общая модель	среднее	0.300	0.300	0.300	0.300
		погрешность	23%	23%	23%	23%
ASD0	МК	среднее	0.310	0.325	0.339	0.372
		погрешность	21%	29%	22%	21%
	Общая модель	среднее	0.300	0.322	0.351	0.390
		погрешность	23%	23%	23%	23%

**Таблица 2. Результаты моделирования выборки из 100 гаплотипов с  $\lambda = 0.8$  методом Монте-Карло (МК).**

Средние величины			$\varepsilon = 0.5$	$\varepsilon = 0.75$	$\varepsilon = 0.875$	$\varepsilon = 1$
$\lambda_{набл}$	МК	среднее	0.573	0.628	0.714	0.801
		погрешность	11%	12%	11%	10%
	Общая модель	среднее	0.575	0.632	0.703	0.800
		погрешность	12%	12%	12%	12%
$\lambda$ по ф-ле (2)	МК	среднее	0.798	0.795	0.823	0.801
		погрешность	15%	16%	13%	10%
	Общая модель	среднее	0.800	0.800	0.800	0.800
		погрешность	15%	14%	13%	11%
$ASD$	МК	среднее	0.784	0.805	0.787	0.761
		погрешность	18%	20%	18%	16%
	Общая модель	среднее	0.800	0.800	0.800	0.800
		погрешность	18%	18%	18%	18%
$ASD0$	МК	среднее	0.791	0.961	1.166	1.409
		погрешность	18%	20%	19%	16%
	Общая модель	среднее	0.800	0.960	1.160	1.440
		погрешность	18%	18%	18%	18%

Из таблиц 1 и 2 видно, что численное моделирование по методу Монте-Карло полностью подтверждает справедливость формул (12-15) для вычисления относительных ошибок средних величин  $\lambda'_{набл}$ ,  $ASD'$ ,  $ASD0'$  и  $\lambda'$ , и, соответственно, возраста популяции.

### **Обсуждение полученных результатов**

В работе (Адамов и Клёсов, 2008b) на конкретных примерах было показано, что квадратичный метод и линейный метод с учетом возвратных мутаций дают примерно одинаковые результаты. Численное моделирование по общей модели подтверждает этот вывод (см. таблицы 1 и 2). Безусловным преимуществом метода определения возраста популяции по среднему квадратичному отклонению  $ASD$  является его независимость от показателя степени асимметрии  $i$ , соответственно, отсутствие влияния возвратных мутаций. Вместе с тем, относительная

погрешность квадратичного метода хуже. Это понятно, учитывая то, что кратности мутаций в этом методе возводятся в квадрат.

Все соотношения в общей модели выведены из очевидного предположения, что все гаплотипы в выборке принадлежат к одной и той же популяции или роду. В практике возможны случаи, когда в составе выборки присутствуют "чужие" гаплотипы, не являющиеся генетическими потомками предка изучаемой популяции. Как их наличие будет искажать оценку возраста?

Для примера рассмотрим выборку из 100 одномаркерных гаплотипов с возрастом 3750 лет ( $\lambda = 0.3$  при скорости 0.002 на маркер на поколение) и симметричным деревом мутаций ( $a = 0$ ). Ожидаемое распределение гаплотипов по числу мутаций будет выглядеть следующим образом:

0 мутаций - 76 гаплотипов,  
1 мутация - 22 гаплотипа,  
2 мутации - 2 гаплотипа (точнее, 1.7),  
3 мутации - 0 гаплотипов (точнее, 0.08).

При этом

$$\lambda_{\text{набл}} = (22 + 2 * 2) / 100 = 0.26 ,$$

$$ASD = (22 + 2 * 2^2) / 100 = 0.3 .$$

Все согласуется с общей моделью.

Предположим, что один гаплотип имеет 4 мутации относительно предковой аллели, а мутации остальных 99 гаплотипов распределяются согласно общей модели. Такую выборку мы смоделировали методом Монте-Карло 100 раз. В результате получены следующие средние наблюдаемые величины:

$$\lambda'_{\text{набл}} = 0.305 , \quad \lambda' = 0.360 ,$$

$$ASD' = 0.463 .$$

Что мы видим? В результате наличия всего одного "чужого" гаплотипа наблюдаемое среднее квадратичное отклонение  $ASD$  увеличилось на 54 %, то есть в полтора раза. В то же время среднее наблюдаемое число мутаций на маркер увеличилось всего на 17%, фактическое среднее число мутаций завышено на 20%. Этот же результат получается и по теории:

0 мутаций – 75 гаплотипов,  
1 мутация – 22 гаплотипа,  
2 мутации – 2 гаплотипа,  
3 мутации – 0 гаплотипов,  
4 мутации – 1 гаплотип (зачислен ошибочно).

При этом

$$\lambda_{набл} = (22 + 2 * 2 + 1 * 4) / 100 = 0.3,$$

$$ASD = (22 + 2 * 2^2 + 1 * 4^2) / 100 = 0.46.$$

Таким образом, квадратичный метод более чувствителен к наличию "чужих" гаплотипов в выборке, приводящих к удлинению "хвостов" наблюдаемых распределений по числу мутаций. С этой точки зрения линейный метод предпочтительнее.

Наша общая модель является одношаговой (Адамов и Клёсов, 2008с). Если в локусе произошла мутация, увеличившая число tandemных повторов сразу на 2, 3 или 4 единицы, то общая модель будет приводить к завышению возраста. Влияние разовых многократных мутаций проиллюстрируем, развив предыдущий пример. В работе (Gusmao et al., 2005) приведена сводка наблюдений по мутациям, наблюдающихся в парах отец-сын, в различных маркерах Y-хромосомы. Из 137 мутировавших локусов один оказался с четверной мутацией. В нашем примере на 100 локусов общая модель дает 24 локуса с мутациями. Для иллюстрации влияния четверной мутации надо рассмотреть  $100 / 24 * 137 = 571$  локус. Округлим размер выборки до 600. Применяя расчетные вероятности для  $\lambda = 0.3$  и симметричного дерева мутаций получаем:

0 мутаций – 454 гаплотипа,  
1 мутация – 134 гаплотипа,  
2 мутации – 10 гаплотипов,

3 мутации – 1 гаплотип,  
разовая 4-ная мутация – 1 гаплотип.

Наша модель дает следующие оценки средних величин по выборке:

$$\lambda_{\text{набл}} = (134 + 10 * 2 + 1 * 3 + 1 * 4) / 600 = 161 / 600 = 0.268, \lambda' = 0.309$$

$$ASD = (134 + 10 * 2^2 + 1 * 3^2 + 1 * 4^2) / 100 = 199 / 600 = 0.332.$$

Как и следовало ожидать, линейный метод завышает возраст на 3 %, гораздо слабее, чем квадратичный (11%). Насколько часто встречается такая ситуация? В общем, нередко. Рассмотренный пример соответствует выборке из 50-ти 12-маркерных гаплотипов с общим предком, жившим около 4 тысяч лет назад.

Гаплотипы, состоящие из нескольких маркеров, используются для более точного определения возраста (Адамов и Клёсов, 2008а). При этом степень асимметрии мутаций в разных маркерах может существенно различаться. Как уже было указано, о степени асимметрии мутаций в STR маркерах известно очень мало. Кажущаяся асимметрия в распределении мутаций относительно предковой аллели может быть образована ранней мутацией, происшедшей у одного из близких потомков предка. Тогда выборка будет состоять по существу из двух субкладов. В соответствии с теорией нейтральности (Кимура, 1985) мутации в STR локусах должны происходить симметрично относительно увеличения или уменьшения числа повторов. По мнению авторов, практически всегда надо определять возраст исходя из предположения о симметричности дерева мутаций, за редким исключением случаев явно выраженной асимметричности, т.е. когда асимметричность присутствует по одношаговым мутациям в большинстве маркеров.

Для более точного определения времени до предка популяции, рода необходимо применять все три основных метода: линейный, квадратичный и логарифмический, используя все их сильные стороны. Большое значение имеет точное определение предкового гаплотипа. Эта проблема выходит за рамки настоящего исследования.

Применение "общей" модели для расчета возраста популяции (рода) будет показано на конкретных примерах в третьей части работы.



## **Выводы**

Общий вывод можно сформулировать следующим образом:

Недостатки: линейный метод чувствителен к возвратным мутациям (степени асимметрии мутаций), а квадратичный метод более чувствителен к попаданию в исследуемую выборку гаплотипов, не восходящих к общему предку.

Преимущества: у линейного метода меньше погрешность в определении возраста популяции (рода), а у квадратичного метода ASD нет зависимости от степени асимметрии мутаций.

Для более точного определения возраста необходимо применять все методы (линейный, квадратичный и логарифмический), используя их сильные стороны. Каждый метод фактически дополняет друг друга.

## **Литература**

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008a) Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 4: 632-647.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008b) Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 5: 855-907.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2008c) Определение возраста популяции по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть I. Общая модель. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, в настоящем номере.

Кимура М. (1985) Молекулярная эволюция: теория нейтральности. М. Мир, 400 с.

Клёсов, А.А. (2008a) Основные положения ДНК-генеалогии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 2: 252-348.

Клёсов, А.А. (2008b) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2008, 1, № 5: 812-835.

Gusmão, L., Sanchez-Diz, P., Calafell, F., Martin, P., Alonso, C.A. et al. (2005) Mutation Rates at Y Chromosome Specific Microsatellites. Human Mutation, 26(6): 520-528.

# АЗБУКА ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ

## От простого к сложному, и наоборот

**Елена Березовская**

Mount Sinai Hospital, Department of Obstetrics and Gynaecology,  
Toronto, Canada

ДНК-генеалогия - это весьма новая наука, которая базируется на современных достижениях биологии и генетики человека. Сама наука так бы и осталась на уровне теории и узко-специализированной практики, если бы ее данные не сопоставлялись с данными антропологии, лингвистики, истории, биохимии, биофизики и других наук, расширяясь в своем практическом применении и даже лидируя в некоторых направлениях, как в идентификации родства человека, так и в пересмотре возникновения народов древнего и современного миров. Потенциал ДНК-генеалогии настолько велик, что можно сказать смело: сегодня эта наука все еще находится в эмбрионном состоянии, и перспектива ее будущего колоссальна.

Несмотря на то, что ДНК-генеалогия обретает все большую популярность и в этой области появляются свои ведущие специалисты, у большинства людей эта наука вызывает сомнение, так как основана на сравнительном анализе данных, в достоверности которых можно сомневаться, если не вникать в суть ДНК-генеалогии, ее азы, что большинство людей не делает. А, собственно говоря, какая в мире наука не основана на сравнении и сопоставлении данных? Главное, что сопоставление и сравнение должно быть в диапазоне одинаковых категорий, чтобы потом не опровергать достоверность этих данных. Например, можно сравнить автомобиль с апельсином по категории веса. В крайнем случае, по категории окраски. Но получить информацию, которая будет иметь практическое значение, при таком сравнении - невозможно.

Обсуждая вопросы ДНК-генеалогии с людьми различного специального образования и разных профессий, изучая волокиту и скандалы вокруг ДНК-тестирования останков царской семьи, а также другие общеизвестные истории, связанные с определением родословных некоторых семейств, анализируя публикации как научные, так и популярные, я пришла к простому выводу: чем наука становится популярнее, тем она быстрее обрастает домыслами со стороны мало понимающих, и нападками - со стороны оппонентов, тоже часто не знающих сути вопроса, и таким способом обсуждаемый предмет - сокрывается, а научное направление дискредитируется в глазах общественности.

Разочарование возникает у людей, когда они определяют свои или чужие родословные на основании ДНК, а результат получается не тот, который они ожидали. Поэтому, многие в таких случаях начинают говорить о подделке данных, подлоге образцов ДНК, погрешностях тестирования, загрязнении материала, неточности самой науки, и что ДНК-генеалогия - это ерунда или вообще какая-то чертовщина, которой верить уж никак нельзя. Увы, непринятие некоторых данных ДНК-генеалогии приводит к возникновению споров и скандалов на довольно высоких уровнях общественности, с последующим втягиванием политических и религиозных деятелей. Самый крупный спор прошел в отношении ДНК-тестирования царских останков, которые исследовали еще в 1993 году, но волокита с принятием результатов этого и других многочисленных тестирований длится до сих пор.

Поэтому давайте вернемся к первоисточнику, а точнее - к фундаментальным кирпичикам ДНК-генеалогии, то есть с чего эта наука началась и на чем базируется. Чтобы раскрыть этот вопрос полноценно и на понятном всем языке, вспомним биологию, которую многие из нас изучали в старших классах средней школы.

Итак, что такое ДНК? ДНК - это дезоксирибонуклеиновая кислота, то есть органическое вещество, которое встречается только в живой природе, точнее природе организмов, начиная от вирусов и заканчивая человеком. Что-то вроде компьютерной программы, которая вводится с каждую клетку организма, но эта программа называется генетической, и она передается из поколения к поколению. ДНК состоит из повторяющихся блоков органических веществ, называемых нуклеотидами. Фактически, химическая структура ДНК для ДНК-

генеалогии не так важна, а важно повторение этих блоков, нуклеотидов в определенной последовательности, что позволяет определить основные характеристики при расчетах карты ДНК человека. Функциональное значение этих повторений для ДНК-генеалогии роли не играет. Гены - это группы нуклеотидов, несущие определенную целостную информацию, например, о строении определенного вида белка. Не все участки ДНК содержат гены, и роль этих участков до сих пор изучена неполностью. Опять же, понимание роли генов и их функции - это задача генетики, в том числе медицинской генетики. Таким образом, мы не станем акцентировать внимание на генах.

Где хранится ДНК в организме человека? Для этого нам нужно вспомнить, что клетка является первичной функциональной ячейкой нашего сложного организма. Практически, любая клетка содержит ДНК, если не в комплексе, то отрывками. И здесь мы подошли к важному понятию двух основных видов ДНК: ядерной и митохондриальной. Мы не будем также обращать внимание на фрагменты ДНК, которые свободно могут "плавать" во внутриклеточной жидкости, так как для ДНК-генеалогии они пока что интерес не представляют, и их значение не изучено не достаточно полно.

Таким образом, мы подошли к строению клетки, которая состоит из оболочки, ядра (или ядер) и внутреннего содержимого - внутриклеточной жидкости, наполненной различными структурными единицами, в том числе органеллами (рибосомы, митохондрии). ДНК, которая хранится в ядре - это ядерная ДНК. А та, которая в митохондриях, а значит и в цитоплазме клетки - это митохондриальная ДНК.

Поговорим о ядерной ДНК. Где и как она хранится в ядре? Большая часть ДНК укомплектована в определенном строгом порядке в структуры, которые называются хромосомами. Детальное строение хромосом я упусти, но акцентирую ваше внимание на том, что у человека есть 23 пары хромосом, которые хоть и похожи по размерам, но не идентичны между собой, так как половина хромосом достается нам от отца, а другая половина - от матери. Какая хромосома досталась от бабушек и дедушек, от прабабушек и прадедушек? С помощью современных технологий определить это можно, однако это тестирование не имеет рационального практического значения и уж слишком дорогостоящее по технологии своей.

Набор из 23 пар хромосом называют кариотипом, и у каждого человека он индивидуален и уникален, но количество пар хромосом всегда постоянно, за исключением хромосомных заболеваний, когда идет повторение или отсутствие какой-то хромосомы (например, при некоторых видах синдрома Дауна, когда у человека имеется лишняя 21-я хромосома). Определение кариотипа важно в идентификации человека, а также для диагностики хромосомных заболеваний, установления отцовства или близкого родства.

Для ДНК-генеалогии кариотип практического значения не имеет. Однако, обратим внимание на две хромосомы, которые называются половыми хромосомами, так как они определяют пол человека. Остальные 22 пары хромосом называют аутосомными, и обмен генетической информации между парами хромосом происходит постоянно из поколения в поколение. У женщины кариотип всегда 46XX, то есть - у нее есть две половые хромосомы X, одну из которых она получила от матери, а другую - от отца. У мужчины кариотип 46XY, где X-хромосома - всегда от матери, а Y хромосома - всегда от отца.

Считается, что на возникновение различия между X и Y хромосомами ушло около 300 миллионов лет, и это различие стало настолько большим, что Y-хромосома не может обмениваться генетической информацией с X-хромосомой, кроме маленького участка, занимающего примерно 5% длины Y-хромосомы. Но даже если такое происходит - особенно близко к району генов, отвечающих за половую принадлежность, природа позаботилась о подавлении чужеродной генной информации (материнской), чтобы не нарушить процесс развития мужского организма. Таким образом, 95% генетической информации Y-хромосомы никогда не "загрязняется" генетической информацией другой половой хромосомы - материнской X-хромосомы. Y-хромосома содержит 0.38% всей хромосомной ДНК человека и имеет 86 генов (большинство участков Y-хромосомы не являются генами). Интерес для ДНК-генеалогии представляет та часть Y-хромосомы, которая не может обмениваться информацией с материнской ДНК X-хромосомы, а значит - передается от поколения в поколение по мужской линии в почти неизменном виде. Почти - потому что периодически в этих участках ДНК могут возникать мутации (изменения) на уровне нуклеотида, и такие изменения называются единичным нуклеотидным полиморфизмом. Другой вид изменений, который интересен для ДНК-генеалогии - это короткие

повторения нуклеотидов. Если такие изменения проходят на участках, несущих гены, то это может привести к возникновению наследственного заболевания. Но в случае ДНК-генеалогии изучаются участки, не несущие гены, поэтому опять же, наличие или отсутствие заболевания у потомства или дальних родственников значения не имеет.

Усвоим то, что Y-хромосома всегда передается по мужской линии, то есть от деда - отцу, от отца - сыну, от сына - его сыну и т. д., но никогда не передается женщине. Таким образом, исследуя строение определенных участков Y-хромосомы и обнаружение единичных изменений на этих участках, которые передаются из поколения в поколение, создается гаплотип человека (не путайте с кариотипом). Далее, гаплотип человека сравнивают с уже накопленной базой данных гаплотипов других людей, и таким образом можно оценить, к какой гаплогруппе принадлежит человек. А сама гаплогруппа определяется по наличию других мутаций - снипов. Подробнее о гаплогруппах можно прочитать в работе (Клёсов, 2008). В итоге можно найти близких и дальних родственников, сопоставляя архивные и исторические факты, расширяя и уточняя генеалогическое дерево. Можно также сравнить гаплотипы двух или более людей, и подтвердить или опровергнуть их родственную связь с точностью до 99.9%.

Для тестирования могут быть использованы практически любые клетки человека, содержащие ядро. Со смертью человека клетки разлагаются, ядра и хромосомы распадаются, и ядерная ДНК тоже распадается на фрагменты, а со временем может и полностью исчезнуть, что во многом зависит от условий хранения останков. Поэтому, определить фрагменты ДНК Y-хромосомы у мужских останков умерших родственников удастся не всегда. Однако, используя алгоритмы сопоставления уже известных гаплотипов мужчин, возможно определить принадлежность мужчины к той или иной мужской гаплогруппе.

Ошибка в определении принадлежности мужчины к какому-то роду возникает чаще всего не из-за погрешности тестирования, и даже не со стороны ДНК-генеалогии, а в силу того, что биологическим отцом ребенка может быть совершенно другой человек, а не тот, который записан в его свидетельстве о рождении. Таким образом, человек может носить фамилию своего прадеда, который биологическим прадедом ему не является. Отсюда и различие в Y-хромосоме, «корни» которой могут привести к совершенно другому роду.

Современная медицина начала широко использовать донорскую сперму и донорские клетки в лечении бесплодия семейных пар. Если для оплодотворения женской половой клетки использовали донорскую сперму (то есть, сперму не мужа, а постороннего человека), то ребенок-мальчик будет носить Y-хромосому мужчины-донора, хотя по документам он будет числиться сыном мужа его матери.

Так как у женщин нет Y-хромосомы, их отцовскую линию проследить труднее. Для этого нужно провести тестирование отца, если он жив, или родного брата женщины, или же родного брата отца, то есть дяди по отцовской линии.

Итак, с Y-хромосомой разобрались. А теперь обратим внимание на митохондриальную ДНК (мтДНК). Важно понимать, что ядерная ДНК и митохондриальная ДНК - это две совершенно разные ДНК, как по происхождению, так и по функции, и по механизму передачи.

Теперь вернемся к строению клетки. Помимо ядра клетка содержит цитоплазму - внутриклеточную жидкость. Фактически, клетка - это шарик, наполненный жидкостью и ядром внутри (мы не рассматриваем здесь группу клеток и организмов, которые не содержат ядра). Митохондрии - это внутриклеточные структуры с определенной автономной функцией. Их происхождение неизвестно, хотя ученые предполагают, что митохондрии - это определенные виды древних одноклеточных организмов (бактерий), которые потеряли свою специфичность и способность жить вне клетки. Для ДНК-генеалогии важно то, что митохондрии содержат ДНК, которую можно исследовать для определения материнской линии рода. Но почему именно митохондриальную ДНК?

Вспомним ту же биологию человека, а точнее процесс его зачатия. Кто-то скажет, что зачатие - это слияние мужской и женской половых клеток, и будет прав в том, что мы все без исключения начинаем свое существование с клеточного уровня. Хотя слово "слияние" не совсем подходит в случае зачатия человека, хотя бы потому, что размеры мужской половой клетки (сперматозоида) и женской половой клетки (яйцеклетки) различны - это как сравнить велосипед с Боингом. Сперматозоид несет в себе генетическую отцовскую информацию, а так как он является инородным телом для женского организма, то в направлении яйцеклетки он должен двигаться чуть ли не на реактивных

скоростях, чтобы ему не пришлось плохо. Собственно говоря, природа позаботилась, чтобы внедрение сперматозоидов в женский организм было подобно массовой военной атаке - несколько десятков и сотен миллионов сперматозоидов попадают в женские половые органы. Миллионы их гибнут, создавая благоприятную биохимическую среду для остальных, и «вдохновляя» их на подвиги. И только одному счастливчику будет позволено "слиться" с яйцеклеткой. Продвижение сперматозоидов в женском теле очень быстрое: в течение 90 секунд после семяизвержения некоторые сперматозоиды уже находятся в полости матки. То есть, не успел моргнуть, а они уже у цели. Их форма и строение - головка и хвостик - позволяют продвигаться быстро. В головке содержится ядро с хромосомами, включая одну из половых хромосом X или Y, а в верхней части хвостика - копии митохондрий матери мужчины. Однако при слиянии с яйцеклеткой, хвостик чаще всего отбрасывается, и в женскую половую клетку митохондрии мужчины не попадают или же попадают в очень незначительном количестве.

Почему яйцеклетка таких больших размеров? Потому что в ее цитоплазме хранится большое количество питательных веществ, необходимых для питания клеток будущего эмбриона, который становится плодом и рождается уже ребенком. Митохондрии считаются энергетическими станциями клетки, однако только 3% ДНК внутри митохондрии участвует в синтезе "энергетических" веществ. Большая часть мтДНК отвечает за синтез специфических белков.

Таким образом, представим себе картину слияния маленького сперматозоида с огромной яйцеклеткой, которая, фактически, поглощает этот сперматозоид. Ее цитоплазма насыщена тысячами митохондрий и обрывками мтДНК. А дальше идет первое деление оплодотворенной яйцеклетки (точка, точка, огуречик - получился человечек). Получается, что первые клетки, как и все остальные потом, получают цитоплазму материнской яйцеклетки, где есть материнские митохондрии. Если зачали девочку, то у нее тут же внутриутробно формируются ее собственные яйцеклетки, которые будут содержать митохондрии, созданные по принципу копирования материнских митохондрий. И все клетки этой девочки будут иметь митохондрии - копии материнских. Если зачался мальчик, то все его клетки будут содержать материнскую мтДНК в митохондриях, однако половые клетки - те единственные клетки, которые потом попадут в другой женский организм, передать эти митохондрии новому поколению не смогут. Так



получается, что по женской линии передача митохондриальной ДНК бесконечна, а по мужской ее нет.

Ученые, определив такую интересную и уникальную передачу митохондриальной ДНК, заинтересовались: а можно ли тогда определить родственную связь между поколениями по тому же принципу, что используется в исследовании определенных маркеров Y-хромосомы? Оказывается, можно. Хотя мтДНК участвует во многих биохимических процессах и изменения в ней возникают чаще, чем в ядерной ДНК, но эти изменения не выходят за пределы митохондрии и не связаны со смешиванием генетической информации ДНК других митохондрий, а тем более, чужеродных, например отцовских, если такие каким-то образом попали в яйцеклетку. В медицине известен один случай, когда у мужчины в мышечной ткани нашли два вида разных мтДНК - материнскую и отцовскую (мужчина страдал заболеванием мышечной системы). Два вида, но не смесь двух в одном!

То, что мтДНК передается именно через цитоплазму яйцеклетки, подтверждается существованием детей, у которых наблюдается мозаицизм мтДНК, полученных от двух женщин. Сейчас в мире насчитывается более тридцати детей, которые получены методом «улучшения» цитоплазмы яйцеклетки их матери, цитоплазмой донорской яйцеклетки другой женщины, так как материнские клетки были плохого качества именно из-за нехватки внутриклеточной жидкости и митохондрий. Хотя генетически биологической матерью такого ребенка является женщина, давшая ему свои хромосомы (через ядро яйцеклетки) и выносившая этого ребенка, однако на момент зачатия в яйцеклетке этой женщины имелись чужеродные (донорские) митохондрии. Тестирование мтДНК показывает наличие у таких детей материнской и донорской мтДНК.

Дети, родившиеся у женщин, которым подсаживали чужеродный эмбрион, полученный из донорской яйцеклетки и/или донорской спермы, будут иметь мтДНК той женщины, которая была донором яйцеклетки.

Митохондриальная ДНК со смертью человека тоже разрушается, однако ее фрагменты сохраняются лучше, чем ядерная ДНК, поэтому при исследовании костных останков, сухой кожи, волос чаще всего ищут мтДНК.

Теперь, подведем итоги выше изложенного материала:

1. Ядерная ДНК и митохондриальная ДНК являются совершенно разными видами ДНК и механизмы их передачи от поколения поколению различные.
2. ДНК Y-хромосомы является ядерной ДНК, а поэтому передается через половую Y-хромосому, которая хранится в ядре сперматозоида вместе с другими хромосомами.
3. Передача Y-хромосомы возможна только по мужской линии.
4. мтДНК является той частью ДНК, которая хранится в цитоплазме клеток, а точнее в митохондриях клеток, а не в хромосомах.
5. мтДНК передается через женскую половую клетку - через ее внутриклеточное содержимое, но не ядро яйцеклетки.
6. Передача мтДНК у людей возможна только по женской линии. С рождением мальчика эта передача прекращается.
7. Кариотип - это набор хромосом человека . Гаплотип - это определенная упорядоченность определенных участков ДНК и специфических изменений в них. Кариотипирование используется в генетике, часто для определения хромосомных и генетических заболеваний. Гаплотипирование используется в ДНК-генеалогии для определения родства между людьми, а также в судебной медицине для идентификации людей.

При понимании различий между разными видами ДНК и механизмом их передачи от человека человеку, количество ошибок в интерпретации результатов ДНК-генеалогии и необоснованные нападки на неточность этой науки значительно уменьшатся.

## ЛИТЕРАТУРА

Клёсов, А.А. Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, т. 1, вып. 2 (июль), стр. 252-348 (2008).

Schwartz M., Vissing, J. Paternal Inheritance of Mitochondrial DNA, *New England Journal of Medicine*, 347, 576-580 (2002).

Jason A. Barritt, Carol A. Brenner, Henry E. Malter and Jacques Cohen. Mitochondria in human offspring derived from ooplasmic transplantation: Brief communication. *Human Reproduction*, v.16, n.3, 513-516 (2001)

Lahn B, Page D . Four evolutionary strata on the human X chromosome. *Science* 286 (5441), 964-967 (1999)

Graves J.A.M. Sex chromosome specialization and degeneration in mammals. *Cell* 124 (5), 901-914 (2006)

Rozen, S., et al. Abundant gene conversion between arms of palindromes in human and ape Y chromosomes. *Nature*, 423, 873-876 (2003)

Morris, Andrews A. M., Robert N. Lightlowers. Can Paternal mtDNA be inherited?, *The Lancet*, 355, 1290-1291 (2000).

Fordney-Settlage DS. A review of cervical mucus and sperm interactions in humans. 1978, <http://www.popline.org/docs/0473/003765.html>

Sobrero AJ. Sperm migration in the human female. In: Campos da Paz, A., Hasegawa, T., Notake, Y., and Hayashi, M., eds. *Human reproduction*. Tokyo, Igaku Shoin Ltd., 1974, pp. 47-53.

# ДИСКУССИИ

## Арии, осетины, «индоевропейцы» и иранские языки

Приведенная ниже дискуссия состоялась в январе 2009 года в рамках форума «Родство», тема «Пути наших предков». В ней могли принимать все желающие. Некоторую остроту дискуссии придало то, что в ней столкнулись две парадигмы – лингвистическая, и ДНК-генеалогическая. Соответственно, столкнулись системы определений понятий, терминология, взгляды на миграционные процессы древности. Собственно, дискуссия и планировалась как ожидаемое столкновение понятий и парадигм, в надежде на выработку общих междисциплинарных концепций. Получилось это или нет – судить читателю. Но хорошо уже то, что эти понятия и концепции были изложены «лицом» друг к другу.

В дискуссии основное участие принимали лингвист Альберт, который, по его признанию, не владеет материалом ДНК-генеалогии, историк и лингвист Индарби, в свою очередь разбирающийся в ДНК-генеалогии, Георгий – специалист в древнерусских литературных памятниках, славянских и праславянских обрядах и верованиях, а также специалисты в антропологии, и прочие любители ДНК-генеалогии на хорошем уровне.

А.А. Клёсов

Приступим.

**А. Клёсов.** Я хотел бы вернуться к вопросу, который поднимал ранее, но в отсутствие таких специалистов. Когда мы говорим "иранизмы", "иранские языки", какой смысл в это мы вкладываем?

Дело в том, что арии пришли в Иран во 2-м тысячелетии до нашей эры (это либо середина, либо начало 2-го тысячелетия), и принесли туда арийский язык (или языки). Так вот, вопрос: когда мы говорим (или

слышим от других), что в таких-то языках иранизмы, то это на самом деле арийские языки еще ДО попадания их в Иран, или это ТЕРРИТОРИАЛЬНО принесенное из Ирана?

**Михаил.** Я тоже с нетерпением жду мнения знатоков. По моим представлениям, "иранской" называют группу языков, образовавшихся при распаде единого арийского (то есть в Индию принесли один язык или диалект, образованный от единого арийского, а в Иран - другой.) Одновременно бОльшая часть "иранских" языков так и осталась к северу от Ирана (от устья Дуная до, наверное, Байкала), пока их не вытеснили тюркские языки... Я понимаю, что Иран -важное звено, поскольку там эта группа языков впервые обрела письменность, которая сохранилась в виде памятников.

**Индарби.** Добрый день Анатолий Алексеевич. То что вы говорите - бесспорно. Но иранские языки охватили не только R1a1. Поэтому в вопросе лингвистики, дабы не вызвать путаницы, я придерживаюсь традиционной лингвоклассификации. Иранизм подразумевает и привнесённое из Ирана и привнесённое из Восточной Европы и Великой Степи, так как фаза общеарийского языка сменилась фазой его распада на отдельные диалекты, а затем языки. Оставаясь генетически ариями, эти племена говорили уже на разных, родственных, но взаимно непонимаемых языках. Бесспорно родство русского и хинди, но они уже давно разные. Когда говорят «иранизм», то подразумевают слово, пришедшее из языка этой группы народов, даже если они генетически различные.

Более того, сам термин Иран не противоречит термину Арья - Иран - Арьян, "страна ариев". Придя в Иран, арии принесли этноним и название страны.

**Георгий.** Однако общее между этими терминами просматривается довольно слабо. Так можно притягивать и играть словами до бесконечности. Если говорить о том, что не противоречит топониму Иран, то ближе всего к нему такие известные на сегодня топонимы, как:

-- *Ира*

"Вершенное до этого совпадает, потому сказанное есть о старом, о Богах, мы творили былое, хороша **Ира**, как деды наши рассказывали то всем."

-- *Ирам*

"упустили двадцать лет брани, годь на **Ираме**, сзади егуны."

-- *Ирий* (с натяжкой)

"ант в **Ирие** одержит мечем много".

Арья и Иран как-то не вяжутся между собой. По описаниям это, похоже, две разных территории. Хотя в истории всё бывает.

**Игорь.** Я не знаток лингвистики и истории. Но вроде все авторитеты в данных областях сходятся на том, что два этих слова - одного корня и смысла. Вопрос только, которое из них является топонимом, а которое - этнонимом. Здесь всё путается. Топоним вроде должен быть первичен.

**Индарби.** Топоним вторичен. Иран - от арья с суффиксом н. Сравните - «Арианам вэджа». Этноним арья означает в праиндоевропейском - вожди, господа.

**Георгий.** Авторитеты-то сходятся. Однако насколько сильна базовая основа этих «схождений», это тоже надо смотреть. Чего там больше, схожести или расхождений - профессионалам видней. Я высветил то, что лежит на поверхности и противоречит той самой схожести. Ни в коей мере не хотел подвергнуть сомнению авторитет лингвистов, которых у нас на форуме немного. Их ценить надо.

Проверить мои рассуждения не сложно. Для этого надо посмотреть, есть ли в одной веде упоминание обоих топонимов (либо этнонимов) - Арья и Иран - или их там нет. В одной и той же веде следует проверить потому, что веды писались в разные времена и топонимы одной и той же территории могли менять своё название. Я проделал сегодня эту работу и вот результат. В одной и той же веде находим оба этнонима:

"По чести жив, о трудностях.

То был в степи болярин Скотень, тот либо не подлегши до хазар, был иронцем, от Ирони помощи просил. Тому конница послана была.

**Иранцы** о том решили иначе:

- Боятся русы, боятся русы остаться под хазарами. Кий либо долез до града Киевского, там уселись ежели русичи, которые не валялись под хъариями, идут до Скотеня. Так Русь стала, ваша коли иронцы не хотели, с веков наша, дань не брали. Так оставим русам жизнь русско-хазарскую

и берем эти дары свои.

Дань. Дети. Женам великое зло было. Творилось зло, оттого горя годь налезла на Русь и колу Скотеня. Тот измечился. Порассуждав, наши потянулись на них, тогда конница иронцев утратилась. Разбили годь, расколоты были годи. Бежали с поля окровавленные, это лилась чермлёная земля была ерунами, росла Русь землею годьскою. Мечами зницы всякой и земля их не вмещала.

До своих арии, а тут хазары поят нас, вече утратили нам. Налезли на него, тут русы завраждовали до брани ..." Велесова Книга, веда 6.

Теперь давайте посмотрим 25-ю веду:

**"Имеем мы и стада скота, который бережем от зла его - Бога Висята, стада убережены будут. Так всеми его Арецко пришли от земли Арийской к краю Иньскому. Тулуц имеем до перехода да Ра и травный скот зелени злачной ..."**

Из данной цитаты видно, что в Индию (Инь) пришли из земли Арийской, а не наоборот. О том же свидетельствуют и данные ДНК - генеалогии. На север Ирана арии продвинулись из Индии, а не наоборот. Если бы Иран был Арией, то продвижение бы просматривалось в обратную сторону, из Ирана в Индию, а этого ни по данным ДНК-генеалогии, ни по ведам не наблюдается.

Это и вынуждает меня подвергнуть сомнению сходство этих двух топонимов, либо этнонимов, либо топонима и этнонима. Можно конечно закрыв глаза, пройти мимо этих фактов, сделав вид, что не обратил на это внимание, но будет ли польза от этого? Не лучше ли просто рассмотреть эту проблему со всех точек зрения. Кто при каком мнении останется, это уже дело второе. Рассмотрение данного вопроса с лингвистической точки зрения является прямой темой нашего разговора, и почему бы лингвистам не помочь разобраться в этом вопросе с их стороны. Разве мы не для этого в теме?

**А. Клёсов.** Добрый день, уважаемый Индарби. Собственно, я полагаю, что знаю ответ на свой вопрос. Но мне хотелось бы состыковать свое знание с мнением (или мнениями) специалистов. Давайте я приведу пример. Есть термин "американские индийцы" (это по-русски "индейцы", но на всех остальных языках "индийцы"). И произнося "индийцы" в этом

контексте, мы все прекрасно понимаем, что речь идет не о "тюрбанных" индийцах, а о краснокожих индийцах. На самом деле термин "американские индейцы" неверный и давно устарел, но как-то привыкли. В американском языке он уже исчезает, меняется на "нативные американцы". А сами "индейцы" его никогда и не используют, для них это оскорбление. Они говорят "навахо", "чероки" и прочие.

Так вот, если с "ираноязычными" такая же история, то хоть и неверно, но тоже понятно. Хотя здесь многофункциональнее, потому что "ираноязычные" могут быть современными жителями Исфахана, а могут быть арии 5000 лет назад. Но путаница налицо. Я встречал утверждения археологов, что на Днестре по соседству жили праславяне и иранцы, и что их даже порой хоронили вместе. Вы можете понять, о каких "иранцах" там шла речь?

Я для себя перевожу так, что и те и другие были одни и те же люди, видимо, праславяне. Но некоторые оказались "иранцами", потому что рядом с ними нашли, скажем, посуду, которую их предки или потомки унесли в Иран, и она получила название "иранской".

Иначе говоря, "арийский" и "иранский" во многих случаях просто введенные синонимы, и начали с «арийского, как это было в филологии в 18-19 веках. Тогда было в ходу понятие "арийские языки". Потом появилась сильная "иранская" школа, которая в терминологии одержала верх. Теперь уже есть целый букет иранских языков, в том числе индоевропейских (то есть арийских и продуктов их более поздней конверсии), и арийский уже тоже называют иранским, или "индоевропейским", или "пра-" или "прото-индоевропейским". Литовский, древнеславянский и несколько древних родственных языков должны по праву называться "арийскими", но тоже попадают в "иранские". Арийская топонимика в России оказывается "иранской". Для меня, например, это звучит также оскорбительно, как для навахо что они "индейцы", и говорят на "индийских языках", и древние предки навахо - "индейцы", а заодно получается, что они пришли из Индии, и культуру навахо принесли из Калькутты.

Вы пишете, что «иранские языки охватили не только R1a1». Но про R1a1 я в своем вопросе и не упоминал. Языки и гаплогруппы далеко не всегда (точнее, никогда не) совпадают.



*>Бесспорно родство русского и хинди, но они уже давно разные.*

Странно было бы утверждать противоположное. Я-то о временах на тысячелетия раньше.

*>Когда говорят иранизм, то подразумевают слово, пришедшее из языка этой группы народов, даже если они генетически разные.*

КАКОЙ группы народов - можно уточнить? У древних славян он из Ирана пришел? С каких пор Дон, Ока, Кама, Вятка - "иранизмы"? А карельские озера – откуда там иранизмы, если они из Ирана? А ведь именно так и пишут.

**Вячеслав.** А как быть с теми "иранизмами" которые пришли в славянские (преимущественно восточно-славянские) языки из сарматских уже на стыке эр или в первые века Новой эры? Их ведь тоже не назовешь арийскими заимствованиями в славянский язык. Ведь и те и другие - арии, но уже разошедшиеся и языково и культурно. Поэтому как мне кажется совсем уж отказываться от названий иранский и "иранизмы" пока рановато, во всяком случае пока не договорятся о новой терминологии

**Виктор.** Выяснив для себя где-то в середине 80-х годов, после штудирования имеющейся в СССР (и не только) литературы, происхождение, взаимосвязь и распространение т.н. "индоевропейских" языков (а, как вы знаете, в то время употребление слова арийский активно не приветствовалось), с того самого времени в моём лексиконе начисто стало отсутствовать слово "индоевропейский". Особенно к населению, говорящему на языках, родственных арийскому и весьма распространённым в Восточной Европе (в которой я и сам проживаю). Исключительно "арийский". Вот 20 лет уж как. Переучиться было нелегко. Но, честно, оно того стоило.

**Индарби.** Я приведу пример. Если мне скажут, что слово трамвай попало в чеченский из арийских языков, я закономерно спрошу, а из какого именно? Тогда мне ответят – из германских посредством славянского. Тогда я уточню, а именно? Ответ: из английского посредством русского. Ока не иранизм, Ока, по одной версии балтизм, по другой из финских языков. Или пример: город Руза. Если я скажу что название арийское, я почти ничего не скажу. А если скажу балтизм, и приведу пример: лит.

gusa - речка. текущая между лесом и полем - это будет яснее. Вот что я хотел узнать.

А на Днепре хоронили совместно людей, которые уже говорили на разных языках. Помните, мы говорили на форуме о лексикостатистике и глоттохронологии. Уже в начале 3 тыс. до н.э. индо-иранская лингвогруппа представляла самостоятельный язык в системе родственных языков. И со временем обособлялась всё более и более. Назвали их так по количеству носителей языка в современном мире. Под «иранизмом» понимают и скифское слово, и сарматскую лексику, и язык пушту и т.д. В русском языке встречаются иранизмы из скифского и сарматского - топор, собака, бог, богатый, господь, Рай и т.д. При этом есть и их славянские эквиваленты - колун, пёс, жирный и т.д. Некоторые немного сменили семантику.

**А. Клёсов.** Да с теми иранизмами, которые пришли в восточно-славянские языки недавно, нет проблем. Не о том речь. Я же не случайно написал, что про сегодняшней Исфахан и Тегеран вопросов нет. Это как если бы я написал про американских индейцев, а Вы бы возразили, а что типа тогда с Индией делать? Да ничего делать не надо, пусть будут здоровы.

Вопрос про то, что в древние времена, когда арии еще не принесли свой язык в Индию и Иран, когда еще не было "индоевропейских языков", некорректно применять термин "иранизмы". Или это столь же корректно, как называть нативных американцев "индейцами", и называть их язык санскритом и хинди, просто потому, что "классификация такая".

**А. Клёсов.** Ну ладно, прямого ответа на свой вопрос я пока не получил, но по этой теме не привыкать. Хотя когда я читаю литературу 150-200-летней давности, там главное понятие - арийские языки. То есть, иначе говоря, здесь вопрос не "истины", а как назвать. Тогда называли так (и для меня это предпочтительнее, так как есть "историческая правда"), потом решили называть иначе. Логика здесь нет, если только ее не притягивать за уши.

*>Уже в начале 3 тыс. до н.э. индо-иранская лингвогруппа представляла самостоятельный язык в системе родственных языков*

Но у меня вопрос по цитате выше. Откуда такая цифра, удревлённая на

тысячу лет даже по данным лингвистов? Как это стыкуется со временем перехода ариев в Индию и Иран?

**Альберт.** К вопросу – «Когда мы говорим "иранизмы", "иранские языки", какой смысл в это мы вкладываем?.. Когда мы говорим (или слышим от других), что в таких-то языках иранизмы, то это на самом деле арийские языки еще ДО попадания их в Иран во 2-м тысячелетии до н.э., или это ТЕРРИТОРИАЛЬНО принесенное из Ирана? (А. Клёсов)»

Абсолютно убежден в том, что речь в таком случае идет о ТЕРРИТОРИАЛЬНО привнесенном из Ирана! Правда, под Ираном следует понимать не только территорию современного Ирана, но и территорию Афганистана и частично Пакистана. Ареал расселения иранских народов охватывает территорию на юг от Малого Кавказа, Закаспий, территорию южнее Копетдага, Памира и Гиндукуша. Это изначальная, уверен, территория расселения иранских народов. Разумеется, время от времени, происходила инфильтрация иранцев на север от изначального ареала. Это древнее расселение скифами савроматов-мидийцев в Подонье, расселение иранцев в Средней Азии - в Хорезме, Согде, Хотане. Причем, иранцы населяли в Средней Азии города (которые сами же и образовывали!) и города-государства. Разумеется, распространение иранизмов шло и из среднеазиатских городов-государств. Но, наибольшее влияние имела Персия. И политическое, и лингвистическое!

Еще одна цитата: «По моим представлениям, "иранской" называют группу языков, образовавшихся при распаде единого арийского языка (то есть в Индию принесли один язык или диалект, образованный от единого арийского, а в Иран - другой.) Одновременно бОльшая часть "иранских" языков так и осталась к северу от Ирана (от устья Дуная до, наверное, Байкала), пока их не вытеснили тюркские языки... Я понимаю, что Иран -важное звено, поскольку там эта группа языков впервые обрела письменность, которая сохранилась в виде памятников (Clavis)»

Никак не могу с обозначенным согласиться! На север от исконного ареала, расположенного южнее Копетдага и Каспия, иранцы проживали только в городах. Нигде они не вели кочевой образ жизни. Версия об их вытеснении тюркскими языками, совершенно не может считаться обоснованной. Нигде в Великой Степи не осталось следов иранских языков. Видно, оттого, что их и не было там! На самом

деле доказательств того, что к Великой Степи иранцы не имеют никакого отношения очень много. Если есть желание, могу начать их приводить. Но, поскольку тут уже было сказано, что это будет немного вне темы, подожду, пока появятся соответствующая тема и оппоненты.

О том, что исконный ареал находился на территории нынешних Ирана, Афганистана и частично Пакистана, в определенной степени свидетельствует и то, что между иранцами и индийцами как территориально, так и лингвистически, находятся дарды, нуристанцы и кафиры. То есть, мы имеем полный ряд родственных индо-иранских групп именно на территории значительно южнее Великой Степи.

Далее, Ариана и Иран – это почти одно и то же. Только «Ариан» несколько шире, чем современный Иран, поскольку арии – это не только иранцы, но и индийцы, дарды, нуристанцы и кафиры. Переход «Ариан» (древнеиранское) > «Эран» (среднеиранское) > «Иран» (новоиранское) весьма хорошо засвидетельствован исторически.

**Вячеслав.** Простите, а откуда такая уверенность, что «абсолютно убежден в том, что речь в таком случае идет о (языке), ТЕРРИТОРИАЛЬНО привнесённом из Ирана!»? И на чем это базируется? Вообще-то это, если помягче сказать, несколько противоречит тем данным ДНК-генеалогии на которые опирается большинство посетителей этого форума.

**А. Клёсов.** Я тоже с написанным («Альберт») категорически не согласен. Этому противоречит вся динамика миграции ариев с Балкан на восток, заселением Средней Азии и Южного Урала, и последующего перехода в Индию и Иран (или в обратном порядке, в Иран и затем в Индию). То есть поток гаплогрупп, людей, языка шел с севера на юг, в Иран и Индию.

А фраза – «(Альберт) *Это изначальная, уверен, территория расселения иранских народов*». Время не укажете? "Изначальная" - это когда? И какие гаплогруппы Вы полагаете эти "изначальные" имели? R1a1? И как они тогда в "изначальные" попали? Какими путями, с какой стороны?

**Валерий.** Да и вообще, надуманная история заимствований нуждается в коренном пересмотре. Об этом говорят не только данные ДНК-генеалогии, но и лингвистики - в частности, исключительная близость русского и санскрита. И это несмотря на 3500 лет отдельного

существования. Как известно, никаких иранцев тогда просто не существовало.

**Вячеслав.** К цитате из (Руслан) – «К настоящему времени 362 образца осетин проанализированы по восьми SNP маркерам Y хромосомы, позволяющим выделить 8 гаплогрупп: G2 (P15), J1 (M267), J2 (M172), I (M170), R1b3 (M269), N (LLY22), F (M89), K (M9). Наиболее яркой чертой оказалось резкое преобладание в их генофонде гаплогруппы G2 (70%). Столь резкое преобладание в генофонде народа только одной гаплогруппы является редкостью для популяций человека. В данном же случае гаплогруппа G2 вообще достигает у осетин своего мирового максимума». И вот летят в тартарары все теории об арийскости осетин. Кроме языка - вообще ничего... Ну ладно нет антропологических типов, но вот то что R1 a1 отсутствует начисто....

**Михаил.** Та же история на Британских островах: в большинстве районов R1a1 от 0 до 2-5%. Кельтам, как и осетинам, арийский язык навязала правящая верхушка, которая, видимо, была немногочисленна или в большинстве своем погибла (разве мало случаев выборочного геноцида?) Ну вот например такая гипотеза (не будьте строги, чисто умозрительная). Когда R1a1 и R1b1 объединились и образовали этническую группу "кельты" (галлы, галаты), то R1a1 оказались в сословии жрецов-друидов. В римскую государственную систему они не вписывались, поэтому были уничтожены римлянами в первую очередь. В Ирландии, возможно, они стали лишними при принятии христианства. Не обязательно физическое уничтожение - достаточно обета безбрачия.

Альберт. К цитате «(Индарби) Под иранизмом понимают и скифское слово, и сарматскую лексику, и язык пушту и т.д. В русском языке встречаются иранизмы из скифского и сарматского...» Скифских слов не сохранилось. Абаев "восстановил" все из личных имен, переданных греками.

Что касается – «а откуда такая уверенность? И на чем это базируется? ...это противоречит данным ДНК-генеалогии». Я не знаток в генеалогии. Но, насколько я могу судить, между русскими, украинцами, поляками - с одной стороны, и иранскими народами - с другой, существуют очень большие расхождения в гаплотипах?! Я прав? Если возникает острое желание отнести R1a (так, кажется, принято обозначать самый характерный для русских гаплотип?) к ариям, то возникает вопрос: а что, кроме славян не было у ариев потомков? Да и почему у непосредственных потомков ариев - индийцев и иранцев, другие

гаплотипы? Хотя, признаться, я могу в этих вопросах ошибаться, поскольку уж совсем не разбираюсь в гаплотипах. Зато, я неплохо разбираюсь в языках. И могу достаточно четко сказать, что никакого иранского следа на территории Степи нет. Есть незначительный след на территории проживания мидийцев-савроматов. И всё! Всё остальное - не более, чем фантазии!

Еще цитата «(Клёсов). С написанным (Альбертом) категорически не согласен. Этому противоречит вся динамика миграции ариев с Балкан на восток, заселением Средней Азии и Южного Урала, и последующего перехода в Индию и Иран (или в обратном порядке, в Иран и затем в Индию). То есть поток гаплотипов, людей, языка шел с севера на юг, в Иран и Индию».

И далее, в ответ на моё «Это изначальная, уверен, территория расселения иранских народов», вопрос – «(Клёсов) Время не укажете? "Изначальная" - это когда? И какие гаплогруппы Вы полагаете эти "изначальные" имели? R1a1? И как они тогда в "изначальные" попали? Какими путями, с какой стороны?»

Я вслед за Гамкрелидзе и Ивановым считаю, что миграция праиндоевропейцев (я бы не стал их называть ариями, поскольку арии - это лишь восточная группа индоевропейцев, объединяющая иранцев, дардов, нуристанцев, кафиров и индийцев) произошла с территории Малой Азии на запад и восток. Здесь, судя по всему, уже сложилось определенное мнение по поводу определенных гаплогрупп, как "арийских". Вряд ли стоит быть в таких сложных вопросах столь категоричными. Стоит, видимо, некоторые свои позиции подвергнуть критическому анализу. Опять-таки, к сожалению, ДНК-генеалогии - не моя специальность, и мне очень трудно разобрать всю эту биологическую терминологию. Поэтому я орудую несколько иными инструментами, более доступными мне.

Тот факт, что начиная от Малой Азии (курды) сплошным массивом на восток проживают индо-иранцы, причем, имея территориально и лингвистически плавный "переход" к индийцам через дардов, уже, полагаю, о чем-то говорит. На север от Гиндукуша, Памира и Копетдага происходили лишь инфильтрации индоарийцев (вернее сказать, иранцев!). Территория Степи была занята другими этническими группами, родственными индоевропейцам, но, тем не менее, другими. Убежден в том, что это были тюрки, и тогда, как и сейчас.

В отношении времени, я не люблю называть даты, если они не определены документально, поскольку называя даты, мы начинаем предполагать и фантазировать (а я этого очень не люблю!).

Что касается «*исключительной близости русского и санскрита*» - особенность санскрита и в том, что в нем, наряду с балто-славянскими, очень хорошо сохранились праиндоевропейские основы. Это ведь, как известно, древний индоевропейский язык, в котором сохранились корни в наглядном, так сказать, виде, а не выводятся путем реконструкции! А учитывая, что балто-славянские языки оказались самыми устойчивыми, и менее других индоевропейских, подверглись временным изменениям, то, разумеется, их близость с санскритом достаточно велика. Кстати говоря, и ностратических основ в санскрите сохранилось максимальное количество. Я этот вопрос исследовал на предмет наличия индоевропейско-тюркских изоглосс.

Вопрос наличия иранизмов в русском языке подлежит очень тщательному и серьезному исследованию. Отдельные иранизмы вполне могли появиться. Ведь имеется же, как известно, в Западной Сибири огромное количество сасанидского серебра (сасаниды правили Ираном с 3 по 7 вв. новой эры). Но подавляющее большинство т.н. "иранизмов" - это, уверен, исконно славянские основы.

**Михаил.** В ответ на «(Альберт) *Верхушка не в состоянии навязать свой язык гораздо более многочисленному подвластному населению. Напротив, верхушка принимает язык подчиненного населения*». Далекое не всегда. Примеры? Турецкий язык в Малой Азии. Английский язык в Ирландии (волна национализма начала 20-го века возродила ирландский язык из небытия). То же - немецкий язык в Чехии. Венгерский язык в Венгрии: какая часть нынешнего населения ведет родословную от пришельцев-мадьяр? 10%, может быть? Ну и все тюркские языки, исключая, может, якутов.

**Вячеслав.** К «(Альберт) *Я не знаток в генеалогии. Но, насколько я могу судить, между русскими, украинцами, поляками - с одной стороны, и иранскими народами - с другой, существуют очень большие расхождения в гаплотипах?! Я прав?*» Нет, не правы. НЕ иранскими народами, а ираноязычными и не всеми. Например, несколько сотен миллионов индийцев имеют арийскую гаплогруппу R1a1». И это - «(Альберт) *Да и почему у непосредственных потомков ариев - индийцев и иранцев, другие гаплотипы?*»

Опять неверно. Вы просто посмотрите карты распространения гаплогрупп, там все ясно видно, а потом уже можно дискутировать.

К ссылке на Гамкрелидзе и Иванова *«(Альберт) считаю, что миграция праиндоевропейцев... произошла с территории Малой Азии на запад и восток»* - как и другие теории, она имеет право на жизнь. Но слишком уж многие вещи из этой теории лично для меня не убедительны. К тому же мне кажется, если уж мы обсуждаем эти темы на форуме ДНК-генеалогии, то мы как бы соглашаемся с тем, что это действительно наука, а не гадания на кофейной гуще, и тем самым принимаем некие постулаты. А вы, не в обиду, все это как бы всерьез не воспринимаете?

И это - *«(Альберт) ... могу достаточно четко сказать, что никакого иранского следа на территории Степи нет... - не более, чем фантазии!»* Я живу в Восточной Украине. Вы хотите сказать, что гидронимы этой страны - плод чьей-то фантазии? Здесь можно спорить - принесли ли их "иранские племена" в более поздние времена или это имена периода арийского единства, но отрицать их наличие....

И это - *«(Альберт) Территория Степи была занята другими этническими группами, родственными индоевропейцам, но, тем не менее, другими. Убежден в том, что это были тюрки, и тогда, как и сейчас».* То есть римские описания алан как высоких голубоглазых блондинов и т.д. - это все о тюрках? А археология, а антропология? По большей части смежные науки подтверждают выводы ДНК-генеалогии, а не наоборот.

**Борис.** Ну хорошо, допустим осетины не арии, в смысле не индоиранский народ генетически. Получается что некто ираноязычный подкрался к осетинам и научил их иранскому языку, и потом убежал в неизвестном направлении. Тогда кто мне скажет, кто генетические предки осетин? Кто были носителями этого G и на каком языке они разговаривали до того как некто ираноязычный нашептал им на ухо свой язык?

**Альберт.** Такого, понятное дело, быть не может! Никто никому языки не шепчет, и не убегает. Языки ведь так просто не приобретаются! Осетины и были ираноязычны. Но они уже в пределах Кавказа получили изрядную долю и крови (судя по всему, с материнской стороны!) автохтонного населения. Да и язык осетинский свидетельствует о том, что



автохтонный компонент у осетин был по женской линии.

**Георгий** – Альберту: Не могли бы Вы процитировать те первоисточники (без Страбона), которые утверждают, что Ария (или Ариана) и Иран это почти одно и то же?

Как только поймём, что скифы это и есть славяне, так все слова скифские сразу и обнаружат себя, ибо скифы это и есть славяне западного Причерноморья и Киевского княжества.

Гаплогруппа и народ не идентичные понятия. Скорее наоборот. Гаплогруппа прослеживает родовые, а не этнические связи. В этом смысле они являются разными понятиями.

**Вячеслав.** Если исходить из Сафронова то антропологический облик ариев был средиземноморский, а через довольно короткий промежуток времени мы уже видим основным типом ариев нордид тип ( причём скорее всего восточный нордид). Если R1a1 были средиземноморцами культуры Винча, причём довольно многочисленными, то как за столь короткий срок они утратили свой доминантный по отношению к местному довольно малочисленному охотничьему населению тип? И где именно, на какой территории довольно плотно контактировали и сосуществовали представители этих двух разных типов, причём это должно было происходить длительное время, и если бы это были представители культуры Винча (пусть их потомки) они бы просто числом местных задавили. У меня на этот счёт несколько иное мнение и если интересно могу изложить здесь или в другой теме.

А «иранские» языки осетинам могли передать аланы. Предки осетин к примеру могли быть небольшим горским народом на периферии аланского государства, или частью другого народа, которые со временем перешли на язык аланов и уже не ассоциировали себя с генетическими предками, а причисляли себя к аланам. Сейчас к примеру большинство восточных украинцев ассоциирует себя с Россией а не с Украиной. А разговаривать осетины до того могли на каком-либо из восточно-кавказских языков.

**Михаил.** Я тоже так это представляю: государство, в которое входили предки осетинов, было намного обширнее их нынешней этнической

территории. Видимо, это было государство, предшествовавшее первому Тюркскому каганату, потому что иначе государственный язык был бы иной.

**Индарби.** Не в короткий промежуток времени произошла смена антропологического облика ариев. В культуре шаровых амфор представлены средиземноморцы, кордиды, нордиды, кроманиды. О каких охотниках вы говорите? Историю надо знать досконально. Культура Линейно-ленточной керамики была представлена земледельцами. Также и другие соседние культуры. Просто у них было не пашенное земледелие. Да и этнонимы осетин не этимологизируются ни с иранских языков, ни с других языков индоевропейского круга (Абаев). Вот Абаев был единственным на Кавказе ученым, лишенным всякой предвзятости и фальши.

**Борис.** Да я не к тому спросил, кем были эти неизвестные ираноязычные народы. Это второй вопрос для меня. Первый заключается в том, что я не очень понимаю как можно передать горцам другой, чужой для них язык? Тем более если этими горцами были к примеру пранахи, которые не очень-то обожают ассимилироваться в чужой этносреде. Как ни крути, но осетинский язык на 75% иранский и подавляющее число слов имеют иранское происхождение. Да и топонимика указывает на то что ираноязычные некто (не важно кто) довольно давно проживали на территории как Северной, так и Южной Осетии. Вот один пример: в Южной Осетии есть село которое называется Вахтана, это осетинское село, оно расположено не в горах, и этимологизируется с древнеиранских как варка (волк) +тану (тело)= "волчье тело" (я где то читал что на месте основания этого села нашли когда то тело мертвого волка, отсюда мол и пошло название), но что интересно в современном осетинском нету слова варка в значении волка. Есть, правда, в охотничьем языке слово вархаг (волг, от варх) и имя родоначальника нартов Вархага, но в основном мы говорим "бирагъ". То же можно сказать и о слове тан, у нас оно означает не все тело а только нижнюю часть живота, или просто кишки, внутренности. И это только один пример, а их много. И вот что мы получаем: на территории обеих Осетий жили какие то иранцы, которые оставили свои топонимы, сегодня на их месте живут также ираноязычные осетины, но оказывается между ними нет никакой генетической преемственности и родства!? Как это можно понимать? А нартский эпос куда денем? В общем, вопросов куча...

**Вячеслав.** А кто спорит что осетинский язык – арийский? Но насчет топонимики вопрос. К примеру, больше всего славянских гидронимов (уже именно славянских, а не арийских) на Балканах. Но как и когда осваивались Балканы славянами, можно более-менее достоверно проследить по историческим источникам. Славяне пришли туда как завоеватели, и сплошь и рядом меняли топонимы на свои, так что наличие большого количества топонимов не свидетельствует об автохтонности языка на какой-то территории, а скорее наоборот.

**Индарби.** *«(Борис) А по вашему кто есть настоящие осетины: картвелы, нахо-дагестанцы или абхазо-адыги? Или от всех понемножку?»*

Осетины и есть настоящие осетины. Просто все народы Кавказа имеют солянку из ДНК. Топонимика Осетии - древнейшая, пракартвельская. Субстрат - нахский. Последняя археологическая культура - Кобанская - охватила регион от Кубани до Дагестана, а пришла с Южной Осетии. Думаю, что мы все родственники в какой-то мере.

**А. Клёсов.** В отношении, что теории «арийскости» осетин не подтверждаются – так на этом Форуме этих "теорий" никогда и не было, и к ним в лучшем случае относились с недоверием. Потому что ДНК-генеалогия либо противоречила этому (даже на малом количестве доступного материала), либо не подтверждала.

Вообще читая материалы по этой теме, когда их создают люди, несведующие в ДНК-генеалогии, поражаешься тому, насколько у них в голове каша. Что касается языков, лингвистики - к этому вопросов нет, и хотя я, например, не владею материалом, но верю, что их воззрения отражают современное развитие науки (оставляя в стороне, насколько верно это самое развитие науки, и как оно будет пересмотрено впоследствии).

Но меня занимает следующее - если я с легкостью произношу, что не владею материалом лингвистики, то почему наши уважаемые лингвисты (или те, кто себя к ним причисляют), не могут такие же слова произнести в отношении миграций прошлого, популяций, истории народов? Они же тут такое пишут - уши вянут. Причем, как правило, категорично. Они с такой легкостью приравнивают языки к гаплотипам и гаплогруппам, к потоку гаплогрупп, к их истории, что начинаешь не верить им в

отношении и лингвистики. Раз у людей нет критического отношения к одному, то, видимо, нет его и к другому.

И в очередной раз начинаю видеть примеры, как неумное приравнивание арийского языка (или языков) к "иранскому" приводит к совершенной путанице.

Перехожу к примерам. Для затравки - мое мнение о том, откуда взялись древние "иранизмы" на территории России и Украины. Под "древними" я имею в виду 4-6 тысяч лет назад. Подчеркиваю, что я не специалист в лингвистике, и эти представления получены исключительно в результате изучения гаплогрупп, гаплотипов и мутаций в них, и "картирования" Европы и Азии с помощью этого инструмента. Напоминаю, что в отличие от языка, религий, культуры и антропологического облика, гаплотипы и гаплогруппы не ассимилируются. Они всегда одни и те же, и только накапливающиеся мутации дают сведения о том, когда (и иногда где) жили предки.

На первый взгляд, лингвисты должны за этими сведениями стоять в очередь. Ан нет! Они ЗНАЮТ всё и так, и категорически высказываются на этот счет. Причем время от времени их концепции радикально меняются, но уже другое становится категоричным. Доверия это, конечно, к их концепциям не прибавляет.

Так вот, наши ДНК показывают, что примерно 5-6 тысяч лет назад началось активное движение носителей гаплогруппы R1a1 от Балкан-Карпат на восток. В те же времена (или чуть позже) они двинулись и на запад, и на север, к Прибалтике и затем (на несколько веков позже) в Скандинавию, но об этом сейчас не будем. Наш интерес в этом контексте - Украина-Россия, Прибалтика, Кавказ, Средняя Азия, Иран, Индия.

Так вот, волна ариев (а именно род R1a1, и никакой другой не может называться ариями, что я сейчас продемонстрирую) двинулась 5-6 тысяч лет назад на восток, охватывая территории от Средне-Русской возвышенности на север до Прибалтики и на юг до Северного Кавказа. Сейчас там везде возраст R1a1 примерно 4800 лет, дифференцировки нет, поскольку все перемешалось. Никаких "иранцев", как и "индоевропейцев" там, естественно, не было. Вообще понятие "индоевропейцы", которое уважаемый Альберт употребляет, следуя устаревшей (на мой взгляд) дефиниции лингвистов, а за ними и археологов, это - профанация. Нет

"индоевропейцев", есть индоевропейская группа языков. Есть славяне, финно-угры и прочие, и их предки. Когда археолог говорит, что нашел стоянку "индоевропейцев" - это опять чудовищный жаргон. Археолог не знает, на каком языке говорили те люди, и знать не может. Жаргон означает то, что эти люди были предками современных россиян (например), а поскольку русский язык относится к семье индоевропейских языков, то те, на стоянке - "индоевропейцы". Почему не назвать их предками славян - мне лично непонятно. Или предками угро-финнов. Или современных татар. Или осетин.

"Индоевропейцы" технически - это R1a1, пришедшие в Индию и там оставшиеся. Как афроамериканцы в США. Но называть "афроамериканцами" жителей Кении - это такая же профанация, как называть русских или англичан "индоевропейцами". Не надо путать языки и людей, их носителей.

Так вот, эти R1a1, идущие долгой волной по Украине и России, Прибалтике и Северному Кавказу 5-6 тысяч лет назад, говорили на языках, которые уместно назвать "арийскими". Потому что те же языки (естественно, динамически мутировавшие, но не кардинально) они принесли как арии в Индию и Иран. Вот эта привязка к ариям и позволяет называть их ариями и язык арийским. Гаплогруппа у всех их - R1a1. Половина русских, украинцев, прибалтов, много иранцев, среднеазиатов и 16% индийцев (100 млн человек) имеют ту же гаплогруппу, R1a1, арийскую гаплогруппу. Назвать ее арийской - это оказать знак уважения тем, кто называл себя ариями в Индии, Иране, Средней Азии. В России они себя так не называли (или пока такого не нашли), но род, гаплогруппа та же.

На самом деле половина, или 47% R1a1 от общего числа россиян по европейской части России - число заниженное, потому что на севере (выше Пскова) заметно разбавлена североуральской, сибирской гаплогруппой N, а в центре и на юге России R1a1 уже выше 60%, а местами достигает трех четвертей населения.

Так что не "иранизмы" те гидронимы и прочие топонимы, а арийские. Не "индоевропейцы", а арии и их потомки. Ничего "фашистского" там нет и не было. Все эти притягивания к фашистам - на самом деле нечистоплотность и профанация. А чаще - скудоумие. Магия политических ярлыков. Проблема с фашистами - что у них арии были

«сверхчеловеки». Никто здесь о гаплогруппе R1a1 так не говорит, и сказать не может.

Так вот, продолжаю, что древние "иранизмы" на территории России, Украины, Северного Кавказа - это никакие не "иранизмы", а арийские. Это - следы арийского языка, бывшего в ходу на этих территориях 6-3 тысяч лет назад. И русский язык - его языковой наследник, как и прибалтийские языки, как и прочие славянские и, видимо, балтские (хотя это уже не моя епархия). Как и принесенный в Индию санскрит (или его основа, которую Панини дошлифовал позже). Как и арийский, принесенный в Иран, и оказавшийся в основе иранских "индоевропейских" языков.

Все эти разговоры, что это уже, в настоящее время не арийский язык, что он за долгое время изменился - это само собой. Все языки меняются, по своим объективным законам. И русский изменился, но с классическим санскритом в известной степени схож. Причем больше, чем западноевропейские "индоевропейские" языки.

Зная ответ на этот вопрос, что изложил выше (или представляя себе так эту картину), я и задал вопрос уважаемому Альберту - откуда взялись так называемые "иранизмы" на территории России и Украины, в тайной надежде, что он ответит хотя бы уклончиво, а в идеале - скажет, что это, конечно, автохтонные арийские языки.

Но не тут-то было. Он категорично (sic!) ответил:

*> Абсолютно убежден в том, что речь в таком случае идет о ТЕРРИТОРИАЛЬНО привнесенном из Ирана! Правда, под Ираном следует понимать не только территорию современного Ирана, но и территорию Афганистана и частично Пакистана.*

Увы, лингвист оправдал мои худшие ожидания. Вот как аукивается понятие "иранские языки", внеисторически привнесенное в лингвистику. Так что, уважаемый Индарби, все это ерунда, что лингвисты под "иранскими" Иран в буквальном смысле не подразумевают. Ясно, что подразумевают. Более того, у них, лингвистов, полностью стерта историческая память об ариях и путях миграции, что для лингвистов должно быть религией.

Что еще хуже, он пишет дальше (выделено):

*>Ареал расселения иранских народов охватывает территорию на юг от Малого Кавказа, Закаспий, территорию южнее Копетдага, Памира и Гиндукуша. Это изначальная, уверен, территория расселения иранских народов.*

Хуже, потому что нет ничего "изначального" в расселении народов. В Иране заметные гаплогруппы - G, J2, R1a1. G, возможно, иранская с древнейших времен, оттуда и попала на Кавказ. Если так - то вот простейшее объяснение осетинских корней. Но возможно и наоборот - предки осетин принесли G в Иран. Мне в это интуитивно верится с трудом, потому что Иран - перевалочная база племен начиная с 40 тысяч лет назад. G могли попасть туда еще 40 тысяч лет назад из Месопотамии. Я недавно нашел, что гаплогруппа G у гагаузов в Молдавии имеет возраст 8 тысяч лет. Думаю, что с Кавказа, или из Анатолии.

J2 в Иране определено из Месопотамии. Видимо, этим же путем принесена и в Индию. А R1a1 - от ариев, с севера. Из Средней Азии, куда R1a1 пришла с волной ариев из Восточной Европы, с Украины-России.

Вот если лингвист держит это в голове, думаю, у него многое станет на свои места.

*>(Альберт) Разумеется, время от времени, происходила инфильтрация иранцев на север от изначального ареала. Это древнее расселение скифами савроматов-мидийцев в Подонье, расселение иранцев в Средней Азии - в Хорезме, Согде, Хотане.*

Наверное, происходила, исключать нельзя. Хотя никак не была доминирующей. А последняя фраза вообще по сути неверна. Всё наоборот - арии пришли из тех мест в Иран, хотя впоследствии возможны и челночные варианты в оба направления.

*>(Альберт) Причем, иранцы населяли в Средней Азии города (которые сами же и образовывали!) и города-государства. Разумеется, распространение иранизмов шло и из среднеазиатских городов-государств. Но, наибольшее влияние имела Персия. И политическое, и лингвистическое!*

Это уже первое тысячелетие до нашей эры. Намного позже событий, о которых мы говорим. Вы бы еще Тегеран-43 вспомнили.

*>(Альберт) Я не знаток в генеалогии.*

Вот с этого и надо было начинать. Но Вы - на ДНК-генеалогическом сайте. Это должно что-то для Вас означать??

*>(Альберт) Но, насколько я могу судить, между русскими, украинцами, поляками - с одной стороны, и иранскими народами - с другой, существуют очень большие расхождения в гаплотипах?! Я прав?*

По сути - неправы совершенно. Более того, некорректная постановка вопроса. Расхождение в гаплотипах (и гаплогруппах) существует и между индийцами и русскими. Но так не сравнивают (или сравнивают в очень специфическом варианте). Потому что в Индии есть индоевропейцы (как я говорил, этот термин для индусов корректно применим, и только для них), и есть дравиды. Причем и дравиды разные - австралоиды, тибетцы, монголоиды, негроиды и прочие. Но если сравнивать R1a1 индийцев и R1a1 славян - то они практически идентичны. По имеющимся базам данных у меня лично большее сходство в гаплотипах с индусами-ариями, чем с русскими (правда, гаплотипов русских не так много известно). Это и есть наследие ариев. Мои родственники и ушли в Индию 3600 лет назад.

Как раз между русскими, украинцами, поляками и иранцами (и индусами) R1a1 очень схожи. Но история стран наложила другие пути миграций в славянских странах и в Иране. К нам не приходил Александр Македонский со средиземноморскими гаплотипами, но приходили другие завоеватели, с западноевропейскими, татарскими и скандинавскими гаплотипами. Естественно, финальный набор будет разный. Лингвисту это, наверное, знать не обязательно, но все-таки стоит.

*>(Альберт) Если возникает острое желание отнести R1a (так, кажется, принято обозначать самый характерный для русских гаплотип?) к ариям, то возникает вопрос: а что, кроме славян не было у ариев потомков?*

Язвительность вопроса отмечена. Но он опять некорректен. Не ариев относят к славянам, обратите внимание (это было бы неправильно), а славян R1a1 - к ариям. И это я уже пояснил. Арии, пришедшие в Индию - R1a1. Славяне, половина России - R1a1. Арии пришли с севера. Им знакомы снег, холода, волки, береза, бук - хотя это для нас здесь уже



излишне. То, что для лингвистов было откровением, для ДНК-генеалогов ясно сразу, просто глядя на гаплотипы.

Так что у ариев R1a1 были разные потомки, но все так и остались R1a1, просто по определению. Как и у славян R1a1. Вот и всё, очень просто. Как и у американских индейцев гаплогруппы Q потомки - не эвенки и не марийцы, хотя у последних (многих) - тоже гаплогруппа Q. Изначально - один род. Как и у R1a1. Это - азы ДНК-генеалогии. Советую их освоить.

*>(Альберт) Да и почему у непосредственных потомков ариев - индийцев и иранцев, другие гаплотипы?*

Это категорически неверно. У потомков по мужской линии - та же гаплогруппа R1a1. Гаплотипы или практически те же, или несколько изменились за счет мутаций, за прошедшие 3-4 тысяч лет. Но и на глаз видно, что практически одни и те же.

*>(Альберт) Зато, я неплохо разбираюсь в языках. И могу достаточно четко сказать, что никакого иранского следа на территории Степи нет. Есть незначительный след на территории проживания мидийцев-савроматов. И всё! Всё остальное - не более, чем фантазии!*

Ну и что из этого следует? Что там тюркские языки? Надеюсь, Вы это можете легко объяснить. Даже я догадываюсь, что арии не обязательно в Степи так до сих пор и живут.

**Индарби.** Альберт, след иранской группы языков прослеживается от Монголии до Восточной Европы. Говорить обратное - быть голословным. Даже тюркская кастовая терминология носит следы хотанского языка. Беспредметный спор. Зачем опровергать то, что доказано тысячами научных трудов? Это сейчас стало модно начинать научный труд словами: "Раньше нам не разрешали говорить правду..." И сразу читатель покупается... Более того, я сам принимал участие в раскопках роксоланских захоронений в Хорезме. Так что пришли сарматы не с юга, а с востока.

**А. Клёсов.** Очень хорошо. Продолжаю.

*>(Альберт) Я вслед за Гамкрелидзе и Ивановым считаю, что миграция праиндоевропейцев (я бы не стал их называть ариями, поскольку арии - это*

*лишь восточная группа индоевропейцев, объединяющая иранцев, дардов, нуристанцев, кафиров и индийцев)*

Я, вопреки указанным авторам, вообще не признаю термин "праиндоевропейцы" в применении к людям. Если "праиндоевропейский" - это язык, предшествовавший индоевропейской группе языков - то это арийский язык. Назовите, если сможете, другие "праиндоевропейские" языки, я их с удовольствием добавлю. Баскский, семитские, алтайские, уральские, угро-финские языки просьба не предлагать.

Те, кого Вы перечислили как "восточную группу индоевропейцев" (опять путаясь, потому что опять относите этот термин к людям, а не языкам), это либо носители R1a1, либо говорящие на языках индоевропейской группы и имеющие другие гаплогруппы. Это - нормально. В чем, собственно, Ваше уточнение? Что масло масляное?

То, что миграция ариев "произошла с территории Малой Азии на запад и восток" верно, только это были не арии, а более ранняя совокупность родов и племен. Гаплогруппы E,F,I,J ушли на запад, в Европу, а D,G,H,L,M,N,O,P,R - на восток. Было это примерно 40 тысяч лет назад, о чем у указанных выше авторов, видимо, и мысли не было так глубоко закапываться. Фантазии не хватило. Эти гаплогруппы двигались тогда в спайке гаплогрупп, еще неразделенных. Но язык (или языки) у них были. Бореальные, ностратические - хоть горшком назовите, но были. Потому что шли, определенно переговариваясь. А арийский язык (или языки) появились, видимо, не ранее 10-15 тысяч лет назад. Именно у тех, с гаплогруппой R1a1, или их ближайшие соседи. Может, гаплогруппы I2, не знаю. Но I2 в Индию не ходили, стало быть, ариями их назвать нельзя. Однако то, что сейчас говорят на языках индоевропейской группы - это пожалуйста. Видите, какую путаницу Вы вносите, "следуя за", и перенося лингвистическую категорию на генеалогическую.

*>(Альберт) Здесь, судя по всему, уже сложилось определенное мнение по поводу определенных гаплогрупп, как "арийских". Вряд ли стоит быть в таких сложных вопросах столь категоричными. Стоит, видимо, некоторые свои позиции подвергнуть критическому анализу.*

Думаю, после сегодняшней лекции Вы многое поняли. Если есть желание "подвергнуть критическому анализу" - милости просим.

*>(Альберт) Тот факт, что начиная от Малой Азии (курды) сплошным массивом на восток проживают индо-иранцы, причем, имея территориально и лингвистически плавный "переход" к индийцам через дардов, уже, полагаю, о чем-то говорит.*

Ну зачем же так уклончиво. Уж пожалуйста, скажите, о чем это говорит в отношении гаплогрупп? Или чего другого? Напомню, что таким же плавным "переходом" там же идет гаплогруппа J2, от Месопотамии до Индии. И, кстати, в другую сторону, от Месопотамии до севера Италии. И о чем же это говорит? Не таитесь, раскройте.

*>(Альберт) На север от Гиндукуша, Памира и Копетдага происходили лишь инфильтрации индоарийцев (вернее сказать, иранцев!). Территория Степи была занята другими этническими группами, родственными индоевропейцам, но, тем не менее, другими. Убежден в том, что это были тюрки, и тогда, как и сейчас.*

Ну и что? Поясните, пожалуйста, что это меняет в отношении того, что я писал выше. Да, не забудьте андроновскую культуру. К сведению, они R1a1 (в той степени, в которой это стало известно недавно биоархеологам).

*>(Альберт) В отношении времени, я не люблю называть даты, если они не определены документально, поскольку называя даты, мы начинаем предполагать и фантазировать (а я этого очень не люблю!).*

К сожалению, Вы и без дат много фантазируете. Вот если бы попытались то, что говорите, хотя бы поместить в контекст дат, то осознали бы, что фантазируете.

*>(Альберт) Особенность санскрита и в том, что в нем, наряду с балто-славянскими, очень хорошо сохранились праиндоевропейские основы. Это ведь, как известно, древний индоевропейский язык, в котором сохранились корни в наглядном, так сказать, виде, а не выводятся путем реконструкции! А учитывая, что балто-славянские языки оказались самыми устойчивыми, и менее других индоевропейских, подверглись временным изменениям, то, разумеется, их близость с санскритом достаточно велика. Кстати говоря, и ностратических основ в санскрите сохранилось максимальное количество. Я этот вопрос исследовал на предмет наличия индоевропейско-тюркских изоглосс.*

Почему бы вместо этого многословия не написать "арийский язык" (или языки)?

*>Вопрос наличия иранизмов в русском языке подлежит очень тщательному и серьезному исследованию. Отдельные иранизмы вполне могли появиться. Ведь имеется же, как известно, в Западной Сибири огромное количество сасанидского серебра (Сасаниды правили Ираном с 3 по 7 вв. Новой эры). Но подавляющее большинство т.н. "иранизмов" - это, уверен, исконно славянские основы.*

Первая фраза уместна, но скорее всего эти "иранизмы" - просто архаизмы, оставшиеся от арийского языка. Не хотите под таким углом посмотреть? Но тогда они не "появились", а были всегда, точнее, с тех далеких времен. Видите, как лингвистика может повернуться? Последняя фраза верна.

*>(Альберт) На север от исконного ареала, расположенного южнее Копетдага и Каспия, иранцы проживали только в городах. Нигде они не вели кочевой образ жизни.*

Я при таком стиле изложения уже запутался, о ком речь. Кто такие «иранцы»? Жители Ирана? Другие, говорившие на иранских языках? Арии? Или кто?

Если южнее Каспия, то, видимо, иранцы по территории. Почему они должны были вести кочевой образ жизни? Кто с этим спорит?

Если речь идет об иранцах R1a1, то есть потомках ариев (но поскольку Вы опять избегаете упоминать время, то вообще неясно, о какой эпохе речь), то почему они должны быть кочевыми?

Арии были и кочевыми, и жили в городах. Они, понимаете ли, гибкими были. Поступали сообразно обстоятельствам. Так что в это прокрустово ложе их не загнать.

*>(Альберт) Нигде в Великой Степи не осталось следов иранских языков. Видно, оттого, что их и не было там! На самом деле доказательств того, что в Великой Степи иранцы не имеют никакого отношения очень много.*

Так и я о том. Никаких иранцев там не было. Арии были. Была

андроновская археологическая культура. Или Вы опять о другом?

Только что такое у Вас "Великая степь"? Если Великая степь русов, то те R1a1 и были ариями, или предками ариев. Если "Великий простор" ариев - то и так ясно, что там были арии. А при чем здесь вообще некие "иранцы"?

*>(Альберт) О том, что исконный ареал находился на территории нынешних Ирана, Афганистана и частично Пакистана, в определенной степени свидетельствует и то, что между иранцами и индийцами как территориально, так и лингвистически, находятся дарды, нуристанцы и кафиры. То есть, мы имеем полный ряд родственных индо-иранских групп именно на территории значительно южней Великой Степи.*

Опять Вы про "Исконный ареал"... Исконный - это когда, в каких временных рамках? 50 тысяч лет? 10 тысяч лет? 2 тысячи? Средние века? Что такое "родственных индо-иранских групп"? Родственных в каком отношении? Территориальном? Языковом? Гаплогруппы? Ислам? Буддизм?

Если не гаплогруппы, то при чем это? Мысль-то какая? О чем?

**Борис.** *«(А. Клёсов) G, возможно, иранская с древнейших времен, оттуда и попала на Кавказ. Если так - то вот простейшее объяснение осетинских корней». Спасибо вам, я кажется понял... Действительно вы были правы когда сказали что лингвистам следует следовать за генетикой и тогда все станет на свои места. У меня кажется стало! Итак, картина вырисовывается такая:*

В Иране в глубокой древности жили некие индоевропейцы, говорившие на иранских языках, это были G. Предположим что ими могли быть известные по источникам закавказские эры, которых некоторые считают предками осетин - иров (столица эров Хоранта - явно иранское, у нас даже есть фамилия которая точно так же произносится - Хоранта/Хорановы, и имя их правителя, очень похожее на осетинское имя Ахсартаг, точно к сожалению не помню, но все это может указывать что эры были иранцами). А на севере, в России или еще где, жили индоевропейцы арии, которые R1a1. Они в последствии мигрировали на юг, в частности в Иран, где смешались с ираноязычными G, и так

получились современные иранцы. Ну и дальше по маршруту Индия и все такое... Вроде бы так получается?

А это значит что никакие скифы, сарматы и аланы нам язык не передавали, так как они были именно индоевропейцами арийцами, а осетины это индоевропейцы иранцы и пришли они со своим иранским языком с юга, а не с севера. Как же заблуждаются наши историки-идеологи со своими скифо-сарматами....

А как по вашему, арийские и иранские языки очень ли сильно близки друг к другу? Я просто не могу еще понять тот факт что осетино-славянские изоглоссы стоят на втором месте по количеству сходжений, после осетинско-общейранских. Скорее всего это скифы (сарматы, аланы) наследили, ведь они достаточно длительное время проживали в Осетии и пользовались нашими удобными перевалами. По этой же причине видимо и наличие того факта что почти вся земледельческая терминология в осетинском идет из европейских языков, и в других иранских ее нет.

А еще ваша теория объясняет то, почему осетинский наиболее близок памирским языкам, хотя их разделяют огромные расстояния, и сплошной массив из юго-иранских языков и диалектов (осетинский и памирские, я напомним, относятся к североиранской группе иранских языков). Дело в том что осетины и памирцы живут довольно изолировано в горах, и их, вероятно, арийское нашествие коснулось незначительно, в отличие от остальных иранцев, которых арийцы изрядно "подкорректировали" если можно так сказать. И если посмотреть на карту, то можно увидеть что осетины и памирцы живут как бы по краям иранского мира, а арийцы в основном пробивали середину. Наверное осетинский и памирские являются наиболее "чистыми" иранскими языками на сегодняшний день.

**А. Клёсов.** В принципе, уважаемый Борис, Ваша мысль правильна (точнее, разумна). Но я подправляю:

*>В Иране в глубокой древности жили некие индоевропейцы, говорившие на иранских языках, это были G.*

Подправляю:

*В Иране в глубокой древности (скажем, 6-10 тысяч лет назад) жили некие*

*носители гаплогруппы G, говорившие на своих языках.*

Поправляю я потому, что понятие "индоевропейцы" здесь (как и везде) неуместно. Если они жили в Иране и имели древнюю G, то причём здесь Европа? Если они уже говорили на языке индоевропейской группы, то это уже была не глубокая древность, а, скажем, середина 1-го тысячелетия до н.э., 2500 лет назад. Я бы на месте осетина оскорбился, что зарождение осетинов помещают столь недавно. Армяне, скажем - это 6-7 тысяч лет назад, а то и больше. Но если Вы настаиваете, что осетинам в самом деле 2000-2500 лет, то я скромно умолкаю. Я просто не знаю.

*>А на севере, в России или еще где, жили индоевропейцы арийцы, которые R1a1.*

Слово "индоевропейцы" здесь лишнее, потому что по контексту они (их братья) еще не перешли в Индию или Иран. Значит, просто R1a, арии. Я бы советовал не употреблять термин "арийцы", он скомпрометирован нацистами. "Арии" более уместно.

*>Они в последствии мигрировали на юг, в частности в Иран, где смешались с ираноязычными G, и так получились современные иранцы.*

Это разумно. Только тогда "ираноязычные" - это автохтоны, и это - другие иранские языки, не имеющие отношения к индоевропейским. Современные иранцы, помимо автохтонной G и привнесенной не так давно (3500±500 лет) R1a1, имеют еще J2 и несколько минорных гаплогрупп. Все, видимо, более старые, чем арийская R1a1.

*>Ну и дальше по маршруту Индия и все такое... Вроде бы так получается?*

Здесь пока белое пятно. Или они перешли в Индию и Иран двумя параллельными путями (как вариант - в Иран 3900 лет назад из Средней Азии, а в Индию 3500 лет назад с Южного Урала), или они сначала перешли в Индию 3600 лет назад, а потом двумя потоками - один из Индии, другой из Средней Азии - перешли в Иран примерно 3300-3200 лет назад. Гаплотипы это пока не выявляют. Пока мало R1a1 иранских, чтобы их анализировать. Ждем.

Вот теперь вроде все в порядке. Да, лингвисты это должны держать в голове.

*>А это значит что никакие скифы, сарматы и аланы нам язык не передавали*

Нам – это осетинам, как я понимаю. Вот насчет языка - не знаю. Если сейчас язык у осетин принадлежит к индоевропейской группе, то процесс передачи (точнее, заимствования) языка прошел по другим механизмам. Или осетины действительно недавнее образование (скажем, 2500 лет назад), тогда иранские G, их образовавшие, уже говорили на арийском, или язык осетинам передали северяне-арии.

*>Как же заблуждаются наши историки-идеологи со своими скифо-сарматами....*

В отношении гаплогруппы или в отношении языка? Это стоит разделять.

*>А как по вашему, арийские и иранские языки очень ли сильно близки друг к другу?*

Опять, какие иранские? Лингвисты же все запутали. Иранские 5 тысяч лет назад, автохтонные, или иранские арийских времен, 2500 лет назад? Первые должны быть очень далеки друг другу, вторые - близки.

*>Я просто не могу еще понять тот факт что осетино-славянские изоглоссы стоят на втором месте по количеству схождения, после осетинско-общеиранских.*

Если Вы перепишите фразу как

"Я просто не могу еще понять тот факт что осетино-славянские изоглоссы стоят на втором месте по количеству схождения, после осетинско-**арийских**", то все станет совершенно понятно. Потому что это одно и то же, только "арийских" более архаично по сравнению с "славянских".

**Борис.** Теперь я кажется вас понял окончательно. Вы имеете в виду то, что так называемое "индоевропейское родство, единство" это не изначальное, а **приобретенное** со временем состояние, т.е. приобретенное в результате миграций и смешения, а если совсем точнее, то приобретенное в результате миграции ариев R1a1 с севера на юг. То есть изначально небыло никакого "индоевропейского праязыка" и не было никакой "индоевропейской прародины", все понял.



По другому вопросу - я тоже не знаю время появления осетин. Если верить тому что осетинам их язык передали в основном сарматы, то тогда осетины вообще младенцы на Кавказе, так как время сарматского влияния - это первые века нашей эры и по средневековье. А армяне действительно древние, древнее чем иранцы.

Возможно, осетины действительно недавнее образование (скажем, 2500 лет назад), тогда иранские G, их образовавшие, уже говорили на арийском, или язык осетинам передали северяне-арии. В целом, осетины со своим иранским не могут быть древним образованием. Ведь когда зародились иранские языки, следуя вашей логике? Тогда, когда на территорию Ирана переселились арии, смешались там с местными и... пошли-поехали иранские языки. А это 1500 лет до н. э. Вчерашний день. Но лингвисты нам говорят что осетинский иранский пришел не с юга - с Ирана, а в основном с севера, и если так, то осетины еще более молодым народом оказываются. Но если учесть еще эров, и предположить что они были ираноязычным народом, то может иранская речь шла к нам не только с севера (скифы, самраты, аланы) но и с юга (эры, да и собственно персы, мало ли их было).

Я, видимо, сам заблуждался, так как предполагал, что скифы, сарматы и аланы - это просто северные арии, но еще были некие иранцы - родственные по языку ариям, которые жили в Иране и которые собственно и стали осетинами с их G и иранским языком. А потом арии-северяне просто внесли свой вклад в виде осетино-европейских и осетино-славянских лексических схождений. И еще я заблуждался, что думал, что в Иране в глубокой древности проживали родственные северянам-ариям народы. Но теперь я понял вашу мысль, под самыми древними "иранскими" вы просто подразумевали территорию, но не язык. Язык у них видимо был хуррито-урартским, а может и коренным эламским.

И еще. Вы когда-нибудь были на Кавказе? В горах? Там и сейчас-то трудно на жизнь местную влиять, и это в наш то век, когда космические корабли бороздят просторы вселенной.. а на Кавказе и сейчас кровная месть не везде забыта... А что же было в древнее время? Тогда вообще было колоссально трудно степным народам как-либо влиять на горцев, потому что горцы всегда и были гордыми и независимыми, и было им чуждо сословное деление, и цари и князья, а было все демократическим, все вопросы решались на народных собраниях, в спорах.. Горцы-осетины не

знали ни одного имени скифского, сарматского либо аланского царя, потому что они вряд ли даже подозревали что за события творятся на равнине. Как можно в таких условиях передать язык без генетического смешения? Чтобы это произошло, нужно было чтобы арии не просто на перевалах стояли в Осетии, а конкретно жили на всей территории, женились и выходили замуж за местных, воспитывали детей.. В общем, нужна совместная жизнь в горах, по другому никак не передашь. Либо нужно чтобы осетины были изначально автохтонно-аборигенно ираноязычными (в смысле ариоязычными) жителями Кавказских гор., но этому противоречит генетика. Это тупик номер ОДИН для меня.

Не нужно думать, что предки осетин уже тогда представляли многотысячный народ. Это могло быть к примеру несколько, как вы говорите, пронахских селений, вошедших в сферу влияния ираноязычных алан и со временем перенявших их язык и ассоциирующих себя с понятием АЛАН.

Но проблема в том, что мы, осетины, не ассоциировали никогда себя с понятием Алан! Моя прабабушка даже имени такого не знала, не говоря уже о скифах и сарматах. И так у всех осетин, поверьте мне. Мы ассоциировали и ассоциируем себя только с понятием ИР/ИРОН, у нас есть понятие иронджинад то есть "осетинственность", но нет понятия аллонджинад или еще что... Это сегодня, благодаря идеологической деятельности наших историков-идеологов, осетинам уже предлагают поменять этноним ИРОН на якобы исконный АЛЛОН!! Республику называли Аланией, хотя спроси любого старика в горах Осетии о том, что такое скифы, сарматы или аланы, то он тебя переспросит "а кто это?", если конечно он не читал заранее труды наших историков. Аланы для нас стали идеей только совсем недавно, когда осетины узнали что они оказывается и есть эти алано-скифы. В общем путаница полная, и в голове тоже...

В отношении связи осетинского и арийского языка - как уже Индарби отмечал, в осетинском из четырех тысяч основ только восемьсот имеют индоевропейское происхождение, это всего лишь 20% от всей массы. Но зато эти 20% охватывают важнейшие термины, которые, как правило, остаются неизменными на протяжении тысяч лет.

**Михаил.** По иранской теме. Во-первых, не верю, что топонимы (гидронимы) сохраняют свое название 4-5 тысяч лет. Думаю, что

"иранским" топонимам на Дону и на Днепре не 5000 лет, а обычно 1500. Иногда 2000. Именно поэтому я не хочу перекалфицировать их из "иранских" в "арийские". Давайте посмотрим, какие топонимы сохранились на Украине:

- а) фракийские
- б) славянские
- в) иранские
- д) балтские

.....

Как известно, все четыре перечисленные языковые группы - индоевропейские, сиречь производные от языка ариев. Поэтому некорректно один из них назвать арийским - остальные обидятся. Фракийские языки приносили на территорию Украины с юго-запада, со стороны нынешней Болгарии. Славянские - с запада, со стороны Карпат, где они и созрели в качестве самостоятельного наследника арийского языка. Балтские - с севера. А иранские? отнюдь не из Ирана, они там только "сфотографировались". Речь идет о степной ветви наследников арийского языка. Та же "иранская" топонимика в Забайкалье, и опять же не из Ирана принесена.

Известно, что миграция R1a1 по степи на восток достигла нынешней Манчжурии, зафиксирована не только ДНК-тестами современных монголов и бурят, но и ДНК из захоронений: андроновских, тагарских, таштыкских и, наконец, хунну. В эпоху хунну-гуннов шел возврат носителей "иранских" языков с востока на запад, репатриация своего рода. С тех времен, по моему мнению, и сохранились "иранизмы" на Украине. Последними носителями "иранских", а правильнее сказать - степной ветви арийских языков на Украине были русы (руги, росомоны), впоследствии перешедшие на славянский.

**А. Клёсов.** Согласен. Но то, что напутали (или запутали) лингвисты, продолжает свой славный поход. Откройте статьи и книги по Аркаиму, и прочитаете, что там жили "иранцы".

**Вячеслав.** Если на определенную территорию волна за волной приходят волны новых насельников, то топонимы вряд ли сохранятся так долго (во всяком случае большая их часть). Но если эту территорию занимает один и тот же народ - пусть меняющий свое самоназвание, язык которого не стоит на месте и развивается, уходя от изначального за тысячелетия на значительное расстояние, но это все же один и тот же народ - тогда

сохранение топонимов такой давности вполне возможно. Это я не о степной и лесостепной Украине, а о местах чуть севернее - Центральной России. Я уже давал ссылку с анализом гидронимов <http://www.booksite.ru/fulltext/1/001/001/073/j4.htm> и <http://www.trinitas.ru/rus/doc/0211/005a/02110020.htm>. Это конечно не истина в последней инстанции, но в то что может быть такое количество просто совпадений, причем ПРЯМЫХ, я просто не верю.

А насчет Украины согласен с Вами. Где-то читал работу о напластовании арийской лексики - на старые общеарийские гидронимы накладывались с одной стороны фракийские, с другой иранские и т.д. Если найду, выложу.

Альберту: Я живу в Восточной Украине. Вы хотите сказать, что гидронимы этой страны - плод чьей-то фантазии? Здесь можно спорить - принесли ли их "иранские племена" в более поздние времена или это имена периода арийского единства, но отрицать их наличие....

**Альберт.** Я же ведь сказал, что ДНК-генеалогией не владею.... Но напрасно вы считаете, что руководствуясь только лишь ДНК-генеалогией, можете смело делать выводы о путях миграций народов. Смеею заметить, что частенько в истории происходили глобальные миграции, менявшие всю этническую картину территории. Миграция русских на территорию нынешней России - одна из таких глобальных миграций. А значит, факт наличия на нынешней территории русских (носителей «арийской» гаплогруппы) отнюдь не значит, что вся территория нынешней России была так же «усеяна» этой гаплогруппой и до миграции русских на эту территорию. А значит, какие основания считать, что миграция ариев происходила через Россию? Никаких!

По поводу гидронимов - я уже сказал о мидийцах-савроматах, упомянутых Диодором Сицилийским! Какие, помимо, Днестра и Днепра, гидронимы можно отнести к иранским? А т.н. «арийских» топонимов, гидронимов и оронимов вы там найдете огромное количество, поскольку живут-то там сейчас потомки тех самых «ариев» - украинцы и русские!

Считаю неправильным говорить об ираноязычных народах, а не иранских!

А чисто европеоидных тюрков я уже ранее перечислял. Это турки, азербайджанцы, гагаузы, карачаево-балкарцы, кумыки, горно-предгорные крымские татары, караимы (последние - смешанный еврейско-тюркский народ).

**Вячеслав.** "В топониміці України фігурує істотний шар гідронімів іранського походження (Дніпро, Дністер, Буг, Сула, Хорол, Удай, Самара, Артополот, Надра, озера Саки та Донузлав, Овда, Удав, Сура, Каламітська затока тощо і т.і.) ". Это для примера. Можно еще много. Эти названия принято считать иранскими, хотя я допускаю, что некоторые из них могут относиться к временам арийского единства (в том числе и славянских и иранских языков).

К последнему - Вы "тюрками" называете тюркоязычных представителей абсолютно разных генетически и антропологически народов. Это все равно что англосаксами назвать англоязычных негров из Гарлема. Да, сейчас они есть те, кто есть, но генетически и антропологически понятие "тюрков" в отношении среднего азербайджанца просто некорректно. Языково - да, но генетически и антропологически они родственны другим западно-иранским народам. Антропологически - каспийский тип, как и персы, кумыки, иракские (восток) и кувейтский арабы, таты и другие. Генетически - думаю, знатоки подскажут.

Курды, как и армяне, как и талыши, как и евреи и др. принадлежат к переднеазиатскому типу, а большая часть турок относятся к анатолийскому кластеру этого типа, переходному между переднеазиатским и понтийским типами. Этим они и отличаются, а "тюркскость" или "иранскость" здесь не причем. Эти типы сформировались в этих краях задолго до того, как здесь появились носители тюркских языков (скорее всего и иранских тоже) и такие понятия как Турция, Азербайджан и т.д. просто не существовали.

**«Познающий».** Уважаемый Альберт, если Вы пытаетесь что либо со стороны лингвистики говорить про народы и "ДНК", то как минимум даты указывайте, хотя бы предположительные. Дабы у читателя было правильное понимание Ваших мыслей. И главное, определиться с терминами. Ваши лингвистические термины могут быть сходны в написании, но отличаться в смысловом значении от того, что используют посетители Форума. Например, меня смутила такая Ваша фраза: *«Ареал расселения иранских народов охватывает территорию на юг от Малого*

*Кавказа, Закаспий, территорию южнее Копетдага, Памира и Гиндукуша. Это изначальная, уверен, территория расселения иранских народов». Что за народы такие и в какие временные периоды?*

О другом. На одном карачаевском сайте я хотел у местных узнать, было ли у мидийцев слово "дон". Если уж савроматы - мидийцы, и если все "дон"ы пошли от них, то и у мидийцев в языке тоже должно присутствовать слово "дон". Кажется это логично. Но я уверен что мидийцы такого слова не знали. Может Индарби лучше знает и подскажет?

**А. Клёсов.** *«(Альберт) ...частенько в истории происходили глобальные миграции, менявшие всю этническую картину территории. Миграция русских на территорию нынешней России – одна из таких глобальных миграций».* Можно с этого места поподробнее? Что такое "миграция русских"? "Русские" - это целая обойма разных родов, каждый с совершенно разной историей? О какой "глобальной миграции русских" вы говорите? Восточных славян? Угро-финнов? Западных/южных славян? Что, так все вместе и мигрировали, причем глобально? С какой-токой территории? Ну, знаете...

*>»(Albert) А значит, факт наличия на нынешней территории русских (носителей «арийской» гаплогруппы) отнюдь не значит, что вся территория нынешней России была так же «усеяна» этой гаплогруппой и до миграции русских на эту территорию». Не могли бы пояснить предметнее? Откуда "русские" мигрировали, откуда вы взяли, что "русские" являются носителями "арийской" гаплогруппы (только не забудьте, что здесь много других русских, носителей других гаплогрупп)?*

*>»(Albert) А значит, какие основания считать, что миграция ариев происходила через Россию? Никаких!»* Опишите, будьте любезны, через какие территории и откуда проходила миграция ариев. Да, и когда тоже. Только предметно, пожалуйста.

**Борис.** К сожалению, никто не сможет сказать что-либо определенное о языке мидийцев, помимо того, что он был иранским. Учитывая особенности ДНК осетин, можно, я считаю, с достаточной определенностью сказать, что они являются выходцами из какой-то небольшой области. Чем шире ареал проживания этнической группы, тем большее количество разных гаплотипов должно было быть

примешано в этнической группе. Осетины, как мы сейчас наблюдаем, достаточно гомогенны. А значит, мне представляется, что они все распространились из какой-то небольшой области. Мне кажется, что территория Эрети на востоке Грузии, наиболее подходящая для этого.

**А. Клёсов.** Пора на этом этапе завершать, хотя дискуссия далеко не закончена. Но опыт дискуссий с некоторыми лингвистами показывает, что они постоянно путаются в вопросах территорий, языка, гаплогрупп (то есть корней популяций). Они переносят лингвистические категории на генеалогические, то есть категории древних родов, связанные передачей мужской половой хромосомы по цепочке поколений. А эти связи намного древнее языковых. Язык приобретается, хромосома Y остается, она - первична. Они этого не хотят или не могут понять. И при этом очень категоричны. Если я неправ, и очень хотел бы оказаться в этом неправым, то приглашаю лингвистов дискуссию продолжить, и привести наш «продукт» к синтезу выводов лингвистики и ДНК-генеалогии. А такой продукт определенно должен существовать. Но для этого следует понятия лингвистики деликатно встраивать в понятия ДНК-генеалогии, и наоборот. А для этого абсолютно неизбежны компромиссы. Категорическое «так принято» ломает дискуссию.

Некоторые лингвисты, с кем у нас велись дискуссии, не устают повторять в разных вариантах следующее -

*>И напрасно вы считаете, что руководствуясь только лишь ДНК-генеалогией, можете смело делать выводы о путях миграций народов.*

И где это они у нас вычитывают? Я, например, не устаю повторять, что данные ДНК-генеалогии надо всегда рассматривать в историческом контексте. Если у жителей США гаплогруппа R1b имеет общего предка 4500 лет назад, это вовсе не значит, что англосаксы прибыли в Америку 4500 лет назад. Но когда у части американских индейцев общий предок имеет гаплогруппу сибиряков, к тому же давностью 16 тысяч лет, то это ценное дополнение к данным археологии, которые помещают время появления индейцев в Америке между 11 и 20 тысяч лет назад.

Когда я вижу R1a1 у индусов, с общим предком 3750 лет назад, это мне немало говорит о миграциях, вкупе с древними индийскими литературными памятниками, сведениями об ариях, и раскопками на южном Урале, а также о путях появления семьи "индоевропейских

языков". И лингвист говорит об "исконных" территориях этих языков в Иране, я вижу, насколько он не в теме. Тем более когда они не дают датировок. А ДНК-генеалогия стоит на датировках.

Когда лингвист или историк говорит, что в Аркаиме жили «иранцы», то он должен четко формулировать – там жили те, кто никогда, ни они, ни их предки (по мнению дискуссанта) не были в Иране, и просто говорили (по мнению дискуссанта) на языках, которые называли «иранскими», либо там жили мигранты из Ирана. Это важно четко определять с самого начала.

Естественно, то, что я излагал в ходе дискуссии – это вовсе не претензия на истину. Это – попытка связать воедино противоречивые части, а связать их порой можно разными способами. Я попытался минимизировать эти противоречия, и надеюсь, что специалисты либо согласятся, либо меня предметно (и убедительно) поправят. Но фактами – на то они и специалисты, а не «так принято».

На мой взгляд, сформировавшийся изучением гаплотипов-гаплогрупп, нет понятия "индоевропейское родство, единство". Вот это и есть заблуждение, которым мы обязаны лингвистам. Для них "родство" несет другой смысл, и на самом деле это никакое не "родство", никакого "рода" там нет. Есть близкая по структуре, фонетике и прочим особенностям группа языков. Ну и какое это "индоевропейское родство"? Арии разнесли свой язык по Европе, принесли его в Восточную Европу, оттуда потомки тех же ариев принесли этот язык в Индию-Иран, и на больших территориях заговорили на относительно близких языках. То есть язык ассимилировали, а гаплогруппы, естественно, теми же и остались. Какие это "индоевропейцы"? Как можно говорить о "корнях индоевропейцев"? Это все равно, что говорить о корнях "советских людей". Да кто откуда. Это совсем другая плоскость, другая система координат. И если понимать, что те, кто принесли язык в Индию, это род R1a1, который говорил на арийском языке (или языках, но это уже детали в этом контексте), то тогда "праиндоевропейцы" - это буквально арии, а основа индоевропейских языков - это арийский язык. То есть вопрос переходит в другую плоскость - где зародилась гаплогруппа R1a1? Зародилась в этом контексте, это идентификация территории получения общим предком рода определенной мутации в его Y-хромосоме. Родо-определяющей мутации.



Но поскольку носители индоевропейских языков - не только R1a1, а и R1b, и J2, и N (там более сложно), и G, и I, и E, то вопрос о прародине носителей индоевропейских языков (а не "индоевропейцев", нет таких) сводится к поиску мест и времен зарождения их всех. Это и есть задача ДНК-генеалогии. Задача лингвистики - понять, на каких языках говорили носители этих древних родов (наверняка не на языке гаплогруппы R1a1, не на арийском языке), и каков был механизм вытеснения их языков арийским.

Вот так, по-моему, может выглядеть большая задача лингвистики. Но для этого им надо отойти от всей этой концепции "индоевропейцев" как людей, потому что это мешает, от "иранских языков" как на самом деле арийских в последующей динамике, и так далее. Вот такое мое неквалифицированное представление. Если я неправ, и ответ на этот вопрос уже есть (в чем я сильно сомневаюсь), я хотел бы это услышать. Если неправильна моя постановка вопроса, я бы тоже был бы признателен ее откорректировать.

Всем участникам и наблюдателям спасибо. Дискуссия будет продолжена.

# ДИСКУССИИ

## Гагаузы – происхождение, ДНК-генеалогия

В начале 2009 года выходит статья Александра Варзари «В поисках происхождения гагаузов: сведения из анализа Y-хромосомы (ссылка в конце), доступная в сети в предварительном варианте. В резюме статьи говорится, что гагаузы – это небольшая тюркоязычная этническая группа, живущая на юге Молдавии и на северо-востоке Болгарии. Происхождение гагаузов туманно. Есть соображения, что они происходят от кочевников-тюрков из евразийских степей, есть соображения – что имеют турецкое (анатолийское) происхождение. Для того, что «определиться с этими гипотезами», как пишут авторы, были рассмотрены 89 семи-маркерных гаплотипов гагаузов из двух молдавских селений. Было показано, что пять наиболее распространенных среди них гаплогрупп – это I2a (20%), R1a1 (19%), G (13.5%), R1b1b (12%), E1b1b1a (11%). Я (АК) опускаю десятые доли процентов, потому что для 89 гаплотипов это математическая небрежность, если не сказать неграмотность – делать точность якобы до тысячных долей при наличии менее сотни субъектов.

Авторами были избраны три типичных подхода популяционной генетики – «генетические расстояния», «неметрическое многомерное представление» и «молекулярные вариации». Как их не называть, они сводятся к тому, что все гаплотипы сваливаются в одну массу, как и все гаплогруппы, и попарно анализируются, строя соответствующие графики. Многообразие попарных сопоставлений гаплогрупп называются FST, гаплогрупп – RST. Генеалогические линии при этом не выделяются, и анализ идет чохом всех со всеми. Естественно, при этом получается крошка, которая иногда может иметь какой-то смысл, чаще – никакого практического смысла. Например, если в Анатолии и среди гагаузов будет один и тот же состав гаплогрупп (что практически немислимо, принимая во внимание разную историю этих территорий и населяющих их людей), то картины будут сходными. Если, например, сравнивать так население России и Индии, то картины будут совершенно разными, поскольку в Индии практически нет многих российских гаплогрупп (N, I), а в России – многих индийских. Но при этом будет пропущено то, что половина России и половина Северной Индии имеют

R1a1, и не только имеют, но и гаплотипы почти идентичны. Однако при индивидуальном «погаплогруппном» анализе, а внутри гаплогрупп – генеалогических линий, можно многое узнать о сходстве популяций, совершенно пропускаемом при «чоховом» «популяционном анализе».

К сожалению, совершенно устаревшие методы «популяционного анализа» продолжают некритически применяться при анализе генеалогических линий человеческих популяций. Где нужно использовать тонкую отвертку, используют кувалду.

К сожалению, в работе Варзари с соавт. Так и получилось. Считали «коэффициенты разнообразия» поперек всех гаплогрупп и гаплотипов. Тонкая структура генеалогического дерева гаплотипов превратилась в одну практически бесформенную массу. Точнее, там получилось несколько пятен. Вокруг пятна (две точки) гагаузов появилось несимметричное (скошенное в одну сторону) пятно балканцев, а чуть выше – пятно турок. Алтайцы, уйгуры, казахи и киргизы ушли совсем в сторону. Что естественно, у них много других гаплогрупп. Но то, что R1a1 казахов, алтайцев и киргизов практически идентично R1a1 у гагаузов, причем идентично по гаплотипам и аллелям, этот анализ, конечно, полностью теряет. Как и то, что R1b1 у анатолийцев и гагаузов тоже одинаков.

Если коротко, то проведенный анализ дает очень мало, и позволяет сказать, что усредненная совокупность более близка к тем или тем. Но не более того. Вроде сопоставления средних температур у нескольких больниц.

Датировок общих предков по гаплогруппам в приведенном подходе, конечно, не было и быть не могло. В итоге авторы пришли к финальному выводу, что гагаузы представляют балканскую популяцию, но имеют общее с тюрками, с селюками, а также, что гагаузы на примере рассмотренных двух селений не представляют «гомогенной группы». Статья заканчивается совершенно общей фразой, что «полученные данные предполагают критическую роль социальных факторов в формировании хромосомного пула гагаузов, а также возможного влияния генетического дрейфа». Интересно, к какой этнической группе это не относится?

Я провел примерный анализ представленных 89 гаплотипов по генеалогическим ветвям, и обнаружил, что линия R1a1 гагаузов типично славянская и старая, линия R1b1b не типичная европейская, и может быть привнесена из Анатолии, что линия G самая древняя, ей более 8 тысяч лет, и может быть кавказского происхождения. Линия E – молодая, занесена к гагаузам всего 800-1000 тысячу лет назад. Линия I1 – типичная европейская, и по гаплотипам и по времени общего предка, примерно 7-й век до нашей эры. Линия I2 (I2a и I2b) – более старые, середина второго тысячелетия до нашей эры, опять же европейская. Линия J2 типично старая, 5500 лет, и могла либо появиться у гагаузов в древние времена, либо быть занесена недавно. Это – или средиземноморье, или Месопотамия, или Кавказ, или Турция. Последнее очень вероятно.

Иначе говоря, ничего уникального в гаплогруппах и гаплотипах у гагаузов нет, обычный набор. Что-то из Европы, что-то из Анатолии, что-то от славян. У балканцев то же самое (у болгар, например), да и у турок. Так что различить это практически невозможно. Разные гаплотипы-гаплогруппы могли приходить в среду гагаузов в разные времена. В общем, я бы их отнес к болгарскому варианту.

Я направил вариант всей статьи (приведена в этом выпуске Вестника) Александру Варзари для информации и комментариев до ее публикации. Получил короткий ответ:

*Мои основные замечания к Вашей статье:*

- 1) Вы не видите отличий между биологическими и социальными категориями.*
- 2) Вы не дифференцируете историю популяций от истории линий (гаплогрупп). Более полный ответ на Ваши критические замечания я смогу дать только в том случае, если они будут представлены в уважаемом журнале.*

Мне осталось пожать плечами. Тем более что в декабре 2008 – январе 2009 года в рамках форума «Родство» происходила и продолжает идти дискуссия о происхождении гагаузов в которой активное участие принял Сергей, который на свою причастность к теме ответил так:

**Сергей.** Я имею отношение к этому региону и людям его населяющим. Данные архивов Молдавии позволили мне составить родословные

деревья своих предков вплоть до переселения 1828 года - 8 колен по отцовской и материнской линиям. Я знаю своих предков по имени и знаю к какому роду-племени они себя причисляли. Попутно (последние 5 лет), пришлось познакомиться массой информации по вопросу истории Молдавии, Болгарии и Балкан.

Моя родина - юг Бессарабии (Молдавии). Прародина - Болгария. Естественно, я болгарин.

Спекуляции в вопросе происхождения гагаузов Бессарабии зиждятся на "научнообразных трудах", намеренной лжи и манипуляциях населением. Болгар и гагаузов и так ничто не сможет разделить. Корень их общий, по крайней мере, он гораздо более близок, чем пытаются представить некоторые. Краткое описание превращения болгар в гагаузы, спустя 100 лет после поселения в Бессарабии, понять невозможно без того, чтобы не коснуться данной темы. При этом подчеркиваю, что шовинизм и национальная нетерпимость мне глубоко чужды.

**Жас.** Первоначально были телеские (огузские) племена, об этом есть статья в 5-ом выпуске Вестника. Из них некоторые жили в Семиречье (Юг Казахстана), откуда их вытеснили карлуки, те ушли к Аралу, завоевав часть канглы (печенегов), другая часть ушла на Запад, и стали известны в русских и византийских источниках.

Огузы же в 10 веке начали продвигаться на юг и на запад. Предводитель рода Кынык Сельджук выделился от остальных огузов и начал экспансию на юг. Около середины 11 века огузы разделились на две ветви, часть ушли на запад (их потомки - гагаузы), часть на юг (потомки азербайджанцы плюс разные тюркские племена Ирана).

Реально узнать, кто были огузы, можно сопоставив, например, гаплотипы гагаузов и анатолийских и иранских тюрков, что-то общее можно будет найти. Сами сельджуки-огузы из себя представляли на то время реальный «салат», из которого трудно определить кто из них откуда. [http://www.eurasica.ru/articles/genealogy/...ana\\_hivinskogo/](http://www.eurasica.ru/articles/genealogy/...ana_hivinskogo/)

Вот список их родов. Племена Кайыг и Баяут - по происхождению от монголов, часть племен телеские, остальные - можно только гадать. Беджене - печенег - канглы. Канглы - род до сих пор присутствует у казахов и других тюркских народов.

**Сергей.** Гагаузы - это прозвище языково-отуреченных болгар Добруджи, большая часть которых переселилась в Бессарабию на стыке 18-19 веков. Ничего общего с турками, кроме навязанного в свое время языка. Есть совершенно четкие архивные данные о задунайских переселенцах Бессарабии, которые замалчиваются, игнорируются или искажаются. Как и кто "открыл" гагаузов и для чего это делалось - чистой воды политика по разделению болгар Бессарабии на стыке 19-20 веков. Верх взяли заезженные штампы турецких, румынских, и самое главное - советских "ученых" о происхождении малого народа - гагаузов. Кому-то пришлось по душе "уз - гагауз", может и французы тогда потомки огузов? Интересно докопаться до истинного раскрытия этнонима. Некоторые гагаузов "назначили" даже конечной ветвью печенегов и половцев (авторитетный Гумилев). История долгая и всевозможных искажений (как и версий о происхождении гагаузов) в вопросе предостаточно.

Вот перевод: Y-DNA-тесты гагаузов балканские (болгарские): «Гагаузы имеют высокую долю ближневосточных линий ДНК. Это согласуется с историческими документами по миграции гагаузов в Южную Бессарабию с Балканского полуострова. Далее - Genetic findings testifies to the emergence of the Near Eastern lineages in the Gagauz paternal gene pool likely long before the entry of the [Seljuk Turks](#) and the [Ottoman Turks](#) into the Balkans."

[http://en.wikipedia.org/wiki/Gagauz\\_people](http://en.wikipedia.org/wiki/Gagauz_people)

[http://edoc.ub.uni-muenchen.de/5868/1/Varzari\\_Alexander.pdf](http://edoc.ub.uni-muenchen.de/5868/1/Varzari_Alexander.pdf)

А примеров языково-отуреченных христианских народов и так предостаточно: греки (урумы и караманлис), армяне, грузины и т.д. Также обстоят дела с болгарами-гагаузами.

**Жас.** Основных версий о происхождении гагаузов три. Прочитую с одного сайта:

Версия № 1. Гагаузы - потомки половецко-печенежских и огузских племён, оказавшихся отрезанными от остальной степи Киевской Русью и осевших на востоке Балканского п-ва. Здесь, переняв византийскую веру от болгар, они входят в тесный контакт с балканскими народами, что в сильной степени сказывается на формировании гагаузов, как особого балканского тюркоязычного народа. Устное народное творчество, обычаи и традиции, суеверия, кулинария, одежда и мн. др.- всё это элементы, объединяющие столь разнородное население Балкан (сербы,

греки, фракийские турки, болгары, румыны, албанцы и др.). Позднее, после захвата Балкан турками-османами, гагаузы (от тюркского Хак-Огуз - "Настоящий, неиспорченный огуз") тесно контактируют со своими ближайшими сородичами, но уже отличающимися по вере. Вульгарный турецкий язык ощутимо влияет на язык бывших кочевников. На нём говорили простолудины. Османская знать говорила на языке Osmanlı - смеси арабского, фарси и тюркского. В гагаузской религиозной терминологии существует много слов с арабскими корнями: - "Бог" - "Аллах, Аллаа", "дьявол" - "шейтан", "ад" - "джендем", "дух" - "рух", "паломник" - "хаджи", и многие другие. Происходило всё это в промежутке между 11-м и 14-м веками.

Напомню, Османская Империя - пример средневекового фашистского государства. В отличие от фашизма новейшего времени, османы были заиклены на вероисповедании. Гагаузы, дабы избежать репрессий, заимствовали ряд исламских спонятий, что в конечном счёте успешно прижилось и до сих пор хранится.

Данной версии придерживались и придерживаются большинство советских и современных гагаузских и российских этнографов, в том числе и автор этого сообщения.

Версия № 2. Обилие слов с арабскими корнями породила версию о сельджукском происхождении гагаузов. В 13-м веке сельджукский султан Иззетдин Кейкавуз (искаженно "Гагауз") предпринял очередной поход в В. Фракию (современные Стамбул, Текирдаг, Эдирне, Варна). Его войско потерпело поражение от византийцев и оказалось неспособным вернуться в Анатолию, к тому времени почти целиком завоёванную сельджуками. Мусульмане сельджуки женятся на местных болгарских и греческих женщинах. Некоторое время им и нескольким поколениям потомков удаётся сохранять веру отцов. В конечном итоге, не выдержав репрессий византийцев, потомки войска Кейкавуза принимают православие.

Версия туманна и шатка. Ей отдают предпочтение многие турецкие этнографы и большинство тех, кто принадлежит к Партии Национального Движения в Турции.

Версия № 3. Самая ранняя версия. Первоначально разработана в 19-м веке российскими этнографами-тюркологами. Гагаузы - отуреченные

болгары. Версия даёт ответ на вопрос, почему народ, говорящий по-турецки, исповедует православие. Якобы некоторая часть болгар предпочла отказаться от своего языка, но сохранить православную веру. Хорошо, но почему этому последовала только горстка болгар? И какие преимущества это им дало? В конце концов, гагаузы, говорившие практически на одном языке с турками, вместе с болгарами решили уйти из пределов Османской Империи и поселиться в Бессарабии, ставшей владением русских императоров.

Дело в том, что когда гагаузы откликнулись на призыв императрицы Екатерины Второй к православным народам Балкан, угнетаемым турками, освоить дикие степи Южной бессарабии, возникли некоторые проблемы. Например, чиновник, регистрировавший новоприбывших колонистов, не понимал почему вместе с болгарами приезжают и турки. Ведь Россия с ними воюет! И потом, они ещё и крещённые! Долго не разбираясь, они записывали их как болгар или сербов. Так у гагаузов появились фамилии: Янев, Железов (болгар. Желез - гагауз. Демир), Добров, Кирияков, Терзинов, Чобанов и др. Данной версии в настоящее время придерживаются многие болгарские учёные.

Впрочем, есть еще одна экзотическая версия Версия №4. Гагаузы — потомки тюркоязычных протоболгар, переселившихся в VII веке с берегов Волги на Балканы и принявших в IX веке христианство. Но тут мало сторонников, единичные ученые.

Наличие R1a у гагаузов можно трактовать как в пользу болгарской версии, но не стоит забывать, что сами огузские (телеские) племена во многом сами были R1a (примеры - киргизы, алтайцы), так что тут нужны расчеты жизни предков и их место на общем древе.

**Игорь.** Есть данные ([http://edoc.ub.uni-muenchen.de/5868/1/Varzari\\_Alexander.pdf](http://edoc.ub.uni-muenchen.de/5868/1/Varzari_Alexander.pdf)):

**Table 5.8 Y-chromosome haplogroup frequencies (%) and haplogroup diversity in six Dniester-Carpathian populations studied**

Haplogroup Moldavians(Karahasani),Moldavians(Sofia),Romanians(Buhusi, Piatra-Neamt), Ukrainians (Rashkovo), Gagauzes(Kongaz), Gagauzes(Etulia), Total

Sample size -----72----- 54----- 54----- 53----- 48----- 41----- 322



E3b1-M78 -----	8.3----- 13.0--- 7.4--- 0.0 ---12.5 ---9.8--- 8.4
E3b3-M123-----	4.2----- 0.0----- 0.0--- 0.0 ---4.2 ---0.0 ---1.6
G-M201 -----	0.0 ---1.9 ----5.6 ----0.0 ---10.4 --17.1 --5.0
I*-M170 -----	1.4 ----0.0 ----1.9 ---0.0 ----0.0 ---0.0 ---0.6
I1a-M253 -----	2.8 ----7.4 ----3.7 ---3.8 ----8.3 ---0.0 ---4.3
I1b-P37 -----	16.7 ---25.9 ---40.7 --20.8 1---8.8 --22.0 --23.9
I1c-M223 -----	4.2 ----1.9 ----1.9 ---0.0 ----4.2 ---2.4 ----2.5
J*-12f2 -----	0.0 ----0.0 ----0.0 ---0.0 ----2.1 ---0.0 ----0.3
J1-M267 -----	5.6 ----1.9 ----0.0 ---1.9 ----2.1 ---0.0 ----2.2
J2*-M172 -----	2.8 ----3.7 ----1.9 ---1.9 ----2.1 --4.9 --2.8
J2a1a-M47 -----	0.0 ----0.0 ----0.0 ---1.9 ----0.0 ---0.0 ---0.3
J2a1b*-M67 -----	1.4 ----0.0 ----0.0 ---0.0 ----0.0 --2.4 --0.6
J2a1b1-M92 -----	0.0 ----0.0 ----1.9 ---0.0 ----0.0 ---0.0 ---0.3
J2b-M12 -----	0.0 ----0.0 ----1.9 --3.8 ----2.1 ---0.0 ---1.2
K2-M70 -----	0.0 ----1.9 ----0.0 ---0.0 ----6.3--- 0.0 ---1.2
N2-P43 -----	1.4 ----0.0 ----0.0 ---0.0 ----0.0 ---0.0 ---0.3
N3a-M178 -----	0.0 ----3.7 ----0.0 ---5.7 ----4.2 ---0.0 ---2.2
Q-M242 -----	0.0 ----1.9 ----0.0 ---0.0 ----0.0 ---0.0 ---0.3
R1a1-M17 -----	34.7 ---20.4 ---20.4 --41.5 ----12.5 --26.8 --26.7
R1b*-P25 -----	0.0 ----0.0 ----0.0 ---5.7 ----0.0 ----0.0 ---0.9
R1b3-M269 -----	16.7--- 16.7 ---13.0 --13.2 ----10.4 ---14.6 --14.3

haplogroup diversity 0.820±0.030; 0.853±0.024; 0.779±0.043; 0.771±0.044;  
0.837±0.026; 0.913±0.017; 0.839±0.011

Предпоследние два столбца здесь - гагаузы из двух субпопуляций - Конгаз и Этулия.

**Сергей.** Жас Муратович, большое спасибо за ответ. Версии о происхождении гагаузов известны - всего их уже более 19, что само по себе говорит о том, как далеко истина. Реально есть две: тюркская и болгарская. Доминирует первая, но она фальшива насквозь. В Молдавии (Бессарабии) достаточно хорошо сохранились архивные данные по переселению задунайских переселенцев (болгар, греков, албанцев, молдаван и т.д.) на стыке 19-20 века:

1. Все переселенцы сами именовали себя не иначе как болгары, и так было вплоть до переписи 1890 года (почти 100 лет после переселения). Этот факт игнорировать нельзя. Само слово "гагауз" зафиксировано в 1867 году, после краткого посещения профессором Григоровичем

селений колонистов в Бессарабии. Именно после этого отчета на свет появилась гипотеза о тюркском происхождении болгар-гагаузов.

2. Болгарами переселенцев именуют известные личности 19 века - Суворов, Румянцев, Кутузов, Инзов и т.д. В архивах это есть, доверять им можно.

3. Сами гагаузы признают себя чистыми болгарами. Это - опросы болгар-гагаузов в Болгарии и переселившихся болгар-гагаузов из Бессарабии до начала 20 века.

В архивах Молдавии есть письмо-прошение к царю Александру на болгарском языке, где колонисты-болгары 1806-1812 просят царя внять их просьбе и позволить всем болгарам-колонистам, в том числе переселившимся ранее (1774 год), позволить жить одним обществом, как это было обещано им до переселения.

4. Фольклорные (очень консервативный параметр) обычаи, обряды и традиции тождественны болгарским.

5. Гагаузы-тюркофоны, однако синтаксис языка болгарский

6. Реальное разделение болгар и гагаузов, ранее сформировавших Болгарское водворение в Бессарабии, началось к концу 19 века и продолжилось при вхождении Бессарабии в состав Румынии (1918-1940). Впервые гагаузская молодежь стала отправляться на стажировки в Турцию, и появились интеллигенты, продвигающие идеи отдельности гагаузов. Советский Союз "достойно" продолжил эстафету и окончательно разделил некогда единых болгар-колонистов.

7. Все игрища "ученых" с окончанием "уз" смешны, и серьезные ученые знают про созвучие "уз" со словом "огуз" и не более того. Этноним гагауз - прозвище болгар-тюркофонов, данное им османами. Более того, это прозвище привезли переселенцы третьей волны 1829-1830 годов (все волны переселения были после русско-турецких войн).

8. Очень характерно, что сторонники тюркской теории игнорируют и искажают архивные данные 19 века. Вместо того, чтобы идти последовательно, "сверху вниз" из 20 века, они сразу перескакивают в 11-

12 века и идут дальше вплоть до шумеров, фантазируя и по сути манипулируя сознанием людей.

9. Процесс отуречивания (религиозного и языкового) местного населения северных окраин Турецкой империи в конце 18 века имел место быть. После Кючук-Кайнарджийского мира 1774 года процес набрал максимальные обороты, т.к. османы предвидели продвижение Российской империи южнее Дуная. Потому и проводили отуречивание местного населения от Балканского хребта и до Дуная (Лудогорье и Добруджа), создавая этнический заслон против продвижения России. Плюс ко всему "отатаривали" Добруджу, что разбавляло болгар (болгар переселяли в Бессарабию, а на их место переселялись ногайские татары Буджака) и способствовало турцизации. Продукт насильственной турцизации (в архивах это есть) - гагаузы и гаджалы (болгарские турки). Первые восприняли только язык, вторые и язык и веру.

Уверен, что ДНК-генеалогия позволит представить уточняющие данные по вопросу. Кстати, абсолютно ничего личного против тюрского мира. Это вопрос поиска исторической истины.

**Жас.** Я не специалист в истории гагаузов и историографию этого вопроса не изучал, не знаком ни с архивами, ни с опросами, и я не хотел бы вести тут историческую дискуссию (так как имею поверхностное знание предмета и не могу с вами спорить полноценно), но хотел бы напомнить что до изобретения телевидения и других средств массовой информации очень трудно было заставить какой-нибудь народ изменить родной язык. Ведь он в основном используется дома, где не нужно говорить на официальном.

Я подозреваю, что турецкий знали все в Османской империи (как многие из СССР знают русский), но свои-то языки все сохранили, турки никого не заставляли менять язык и и веру, у них была религиозная самоидентификация (мусульманин-немусульманин), а не как сейчас, национальная. Так почему они сменили язык а не веру? Ведь язык труднее сменить, надо, чтобы матери детей с детства на гагаузском воспитывали, а не на болгарском.

Жители Восточного Туркестан, после запрещения буддизма в Китае в 7-8 веке, все сразу записались в брахманистов, хотя не меняли веры, сменили название, чтобы китайские чиновники их не доставали. И те их не

доставали, а добросовестно в отчетах написали, что всё, в Восточном Туркестане нет ни одного буддиста.

Казахов до 20-х годов 20 века русские называли киргизами или киргизкайсаками, от этого мы киргизами не стали, ни енисейскими, ни тяньшаньскими.

Примеров масса, поэтому просьба не сводить все к историческим дискуссиям, тут все таки ДНК-генеалогический сайт.

Просьба - если у вас есть данные по гаплогруппам болгар, выложите их и мы сравним их с двумя гагаузскими популяциями.

**Сергей.** Гаплогруппы болгар можно посмотреть здесь:

[http://www.familytreedna.com/public/bulgar...ixed\\_columns=on](http://www.familytreedna.com/public/bulgar...ixed_columns=on)

**Игорь.** Да, колоссально интересны данные по гагаузам. И так, без данных ДНК-генеалогии:

Небольшой (250 тыс) огузо-тюркоязычный этнос, проживающий, в основном, в Молдавии. Единственные тюрки в мире, исповедующие православие (!). Письменность - латиница. Девятнадцать (!) официальных версий происхождения народа: от ранних огузов (печенегов, половцев), от прото-булгар, от тюрков-сельджуков, отуреченных болгар-османов и т.д. То есть - в любой момент истории края от гуннов и до Османской империи - более тысячелетия.

Может ли здесь что-то добавить или уточнить ДНК-генеалогия? Без гаплотипов (только по современным гаплогруппам) немного, но кое-что:

1. Максимальное присутствие у R1a+R1b - треть в совокупном составе. Это ничего нам не говорит, так как они в равной степени могли быть автохтонами и огузами-пришельцами (жаль, нет гаплотипов).

2. Далее, по нисходящей: I, E, J, G - это явные автохтоны (не кочевники), составляющие в сумме основную часть населения. Из них только G могли придти из Турции, остальные - местные или с близлежащих Балкан.

3. Крохотный процент N (4%) - вот где единственно возможный явно "кочевой" элемент ранних тюркских завоеваний. (Напомню, что в

современной Венгрии, основанной N-ханты-манси, процент N сейчас также исчезающе мал).

Итак, какой предварительный вывод - завоеватели-кочевники в генетическом проигрыше: они смогли оставить язык, но не оставили род. Таким обозом пришельцы (тюрки-огузы или сельджуки) дали только язык. Автохтоны R1a, I, E - православие и основные гаплогруппы. А R1b - только алфавит (и то - недавно).

**Жас.** Гаплогруппа G у нас, казахов - это аргыны (тюркское племя) Пока только 6 результатов из 7, но племя насчитывает около 1 миллиона человек. Огузы уже ко времени образования были многосоставным этносом. Это телеские (огузские) племена плюс другие племена, которые проиграли карлукам битву за семиречье. Бегство на Запад (Арал) различных племен сплотило их в один этнос.

R1a не обязательно славяне, ведь алтайцы (тоже происходящие от телеских племен) тоже во многом R1a. R1b - интересно это азиатская или евро-ветвь?

**Игорь.** Уважаемый Жас, Вы всегда сообщаете неожиданные (для меня) ключевые сведения. Это вполне может поставить мои спекуляции с ног на голову (или наоборот). Гаплогруппа G у гагаузов вполне прилично представлена. Я, не зная Вашей информации, отнёс её к миграции G из Анатолии или Балкан (что маловероятно). Но если их G - от ранних кочевников, то это может быть чётким свидетельством в пользу чисто "огузской" версии происхождения гагаузов. Не расскажете ли подробнее об аргынах? Как появилась G у казахов?

**Жас.** Я просто на данном этапе не хотел делать выводы. То, что мы сейчас делаем - это пытаемся подсмотреть в замочную скважину, что там было. Но полная картина будет, когда база данных гагаузов будет по гаплотипам.

Откуда появились аргыны? У нас род часто назывался по имени основателя. Основателя Аргынов звали Аргун, популярное имя в те времена. Жил он около 14-го века. Гаплотипы вы можете посмотреть на <http://www.ysearch.org/>, на гаплогруппу G, найдете несколько человек-аргынов.

**Игорь.** Спасибо, Жас. О выводах никто и не говорит, пока - прикидки. Если основатель рода аргынов из 14 века, то они никак не могли участвовать ни в сельджукской экспансии на юг, ни в продвижении второй ветви огузов, печенегов и половцев - на запад в 11 веке и ранее. Следовательно, этот род у вас - пришлый. Вопрос - откуда, и куда ещё пошел.

На вопрос - откуда, Вам Кавказ не нравится - Аргун? И гаплогруппа совпадает, там она явно автохтонна (G). То есть - G-аланы (которые были "составным" народом, возможно). Куда - он вполне мог позднее, в ордынские времена, в Бессарабию проникнуть с татарами. Или с Тимуром в Турцию - кто знает? Но это - просто предположения. И их гаплотипы здесь пока не помогут, откуда осетинских и гагаузских не узнаем. Но это так, к планам на будущее...

**Сергей.** Поддерживаю Ваши предварительные выводы. Схожие выводы в исследовании Александра Варзарь. Архивные данные Национального Архива Молдавии содержат поименные списки переселенцев 1806-1812 годов, и они полностью стыкуются с данными выводами. Род гагаузов - болгарский (балканский I, E, J, G) Язык - турецкий - воспринятый язык. Гагауз - прозвище болгар-тюркофонов, созвучное слову огуз. Из тюркоязычия и слова гагауз сделаны теории и создан "кочевой народ". Надеюсь последующие данные приблизят к истине.

**Жас.** Я думал, что аргуны могли быть ветвью асов, как род Ширин. А асы (ясы) - это те же аланы (осетины), просто тюркизированные. Но это всего лишь рабочая гипотеза.

**Сергей.** Почему, если про аргынов ничего не ясно, надо их связывать с гагаузами, встраивая огузское племя? Тем более речь о 14 веке, в то время как огузская и сельджукская теории о гагаузах говорят о другом периоде. Принос G в Бессарабию другим путем вполне вероятен - тот же господарь Бессарабии - Кантемир: According to family legends, the ancestor of this family was a Tatar khan Temir who settled in Moldavia in the 16th century. His name 'khan Temir' was pronounced as 'Cantemir' there. <http://genealogy.euweb.cz/balkan/cantemir.html>  
Ресурс вообще интересный: <http://genealogy.euweb.cz/>

**Жас.** Возможно, Кантемир был из рода Мансур (крымские мангыты, потомки едыге). А мангыты скорее всего были С3. Как никак монгольский род. При желании можно найти много кандидатов на роль G среди гагаузов, но без нормальных данных по 12- и 25-маркерных гаплотипов разговор непродуктивен.

**Игорь.** Соглашусь с Вами, что этот путь проникновения G в Молдавию (через Кантемира) вполне возможен. Кстати, мой дед был родом из села Кантемировка в верховьях Дона. Основали это село русские генералы Димитрий и Константин Кантемиры в 18-ом веке - потомки того самого господаря Бессарабии 16-го века хана Темира, родословную которого я нашел по предоставленной Вами ссылке. Родственники Галицких и Трубецких - они там есть! Именно по имени этого села была названа ныне гвардейская танковая Кантемировская дивизия, принявшая свой первый бой под этим селом.

**Сергей.** В работе, на которую я ссылался, есть трактовка наличия G-M201 у гагаузов:

Haplogroup G-M201 is unevenly distributed among the populations. High frequency of the G-M201 lineages in the Gagauzes draws them in one circle with the Anatolian, the Transcaucasian and the southern Balkan populations (Semino *et al.* 2000; Di Giacomo *et al.* 2003; Nasidze *et al.* 2003; Cinnioglu *et al.* 2004). Haplogroup G-M201 was not revealed in the Ukrainians and in the Moldavians from Karahasani.

[http://edoc.ub.uni-muenchen.de/5868/1/Varzari\\_Alexander.pdf](http://edoc.ub.uni-muenchen.de/5868/1/Varzari_Alexander.pdf)

или [http://www.medgenetics.ru/UserFile/File/Do...u-\(English\).pdf](http://www.medgenetics.ru/UserFile/File/Do...u-(English).pdf)

Совокупность описанных гаплогрупп гагаузов позволяет заключить, что они по роду-племени - балканские аборигены (болгары, сербы, бошняки, македонцы, румыны, арумыны, куцовлахи, каракачани и т.д.) и являются тюрками только по языку. Тюркская гаплогруппа С у них не встречается вообще.

**Игорь.** Это как раз было моей первоначальной версией, если Вы заметили. Действительно - Турция ближе к Бессарабии, чем Туркестан. Но нужно рассматривать и другие варианты. Мы же прикидки делаем, а не выводы.

**Сергей.** Согласен, Турция ближе к Бессарабии. Однако и Турция сменила Византийскую империю в 14 веке, а Константинополь пал окончательно в

15-м. Всего- то 30 поколений как они обосновались в Анатолии. Т.е. турки в Анатолии не совсем автохтоны, G у турков не доминирует, и также встречается везде на Балканах.

**Игорь.** Не так. G зародилась именно в Анатолии (вариант - Палестина). Но очень давно. И на Балканы она могла попасть "естественным" путем миграции, а не перемещениями кочевников. Второй вариант (менее вероятный, согласен) - всё же кочевники, скажем, с Кавказа, где тоже много G. Занесло же яссов к туркам - исторический факт.

Просто на данном этапе надо прикинуть варианты. Прежде чем браться за гаплотипы и сравнивать - кто откуда мог быть.

**Денис.** На самом деле огузо-тюркоязычный этнос - не единственные турки в мире, исповедующие православие. Есть еще чувашаи и якуты. Что касается того, что турки мргли дать только язык - турки могут быть и R1a, и R1b, и J2, и C, и Q.

**Сергей.** Ваш комментарий основан на вышеупомянутой работе по ДНК-исследованию карпатоднестровского региона или на глубоком знакомстве с архивным и историческим материалом 19 века о преселенцах-болгарах Бессарабской губернии? Представленная Вами (по убыванию) последовательность гаплогрупп может и тюркская, но уж далековато был их совместный предок. Быть тюрком по языку и по роду не одно и тоже, хотя до настоящего времени в мире народы делят в основном по лингвистическому принципу.

Второй вариант переселения - менее вероятный, согласен - всё же кочевники, скажем, с Кавказа где тоже много гаплогруппы G. Занесло же яссов к туркам - исторический факт.

Мы часто говорим об одном и том же, но есть недопонимание. Анатолия была, мягко скажем, нетурецкой вплоть до 13 века н.э. Народы Византии, населявшие Анатолию задолго до турков (греки, армяне, грузины, курды, болгары, албанцы и т.д.) и сейчас носители G с немалым процентом встречаемости.

О религии - гагаузы тоже христиане, и сумели сохраниться именно благодаря религии. Тем не менее ученые Турции, Румынии и России



сделали их отдельным самобытным народом на основании их тюркоязычия и созвучного с "огуз" прозвища 19-го века - гагауз. Из двух поначалу равноправных теорий о происхождении гагаузов 20 века - тюркской и болгарской - на протяжении 80-100 лет ожесточенно преподносится как "доказанная" именно тюркская. И здесь данные ДНК-генеалогии очень кстати, т.к. политика на Y-хромосомы не влияет. Надеюсь, данных станет со временем еще больше.

Цалкские и крымские урумы, как и караманлисы - греки по роду и тюркофоны по языку. Гагаузы - болгары по роду (такowymi считали себя все без исключения переселенцы 1806-1812 года) и тюркофоны по языку.

**Сергей.** Возвращаюсь к вопросам:

1. А в каком окружении жили болгары с 1396 по 1878 года???
2. С какой стати болгары Добруджи (предки гагаузов) переселились в Бессарабию в 1765-1774 и в 1806-1812 года и поселились колониями на место выселенных предварительно ногайцев? Вот еще откуда может быть гаплогруппа G в Бессарабии.
3. Только в период с 1764 по 1878 было шесть многолетних русско-турецких войн, причем непосредственно на территории проживания болгар (предков гагаузов в Добрудже вокруг г. Варна). Волны переселения местного населения совпадали с очередным возвратом русских войск из Турции.
4. Кто из предков современных гагаузов именовал себя гагаузом при самом переселении и в период царских переписей 1818, 1835, 1850 годах? Напоминаю, гагаузы впервые упомянуты в переписи отдельно от болгар лишь в 1890 году.
5. Что значит этноном гагауз? Когда он впервые зафиксирован в литературе?
6. Кем себя считают гагаузы вне территории Молдавии?
7. Чем объясняется чрезвычайная близость гаплогрупп гагаузов и остальных балканских автохтонов. Нет существенных отличий набора гаплогрупп от болгар и македонцев, кроме языка.

## Жас.

1. Они жили в Османской империи, но не в окружении туркоязычного населения.

2. Одни и те же гаплогруппы мало что значат, у турков тоже схожие гаплогруппы, вы гаплотипы давайте. Если судить по гаплогруппам, то можно сказать, что алтайцы и киргизы - это русские, потому что R1a, а якуты тоже русские, потому что N. Тут нужны гаплотипы

3. Про гагаузов я уже вас сам спрашивал, откуда у болгар мог появиться этноним гагауз, и что он означает.

4. Предлагаю закончить историческую полемику, так как разговор сугубо исторический, я материалом не владею, вы же считаете, что ваша версия верна, несмотря на то, что:

версия о тюркском происхождении гагаузов сейчас считается главной.

Вот данные по болгарам [http://ru.wikipedia.org/wiki/Y-хромосомные...ических\\_группах](http://ru.wikipedia.org/wiki/Y-хромосомные...ических_группах)

Болгары ИЕ (Славянский, южный) R1b 17,0%; R1a 14,7%; E 20,7%

Гаплотипы гагаузов давались выше.

Если человек похож на вас гаплогруппами - это не означает, что он ваш двоюродный брат, для определения родства нужны не снипы а СТР-маркеры. Есть определенное сходство (при том, что гагаузские популяции между собой разнятся), но это ничего не доказывает, ведь нет времени жизни общего предка для них, нет 12-25-37 маркеров чтобы определить родство, без них ваши гаплогруппы ничего не значат.

**Сергей.** Странно, Вы сами ссылаетесь на исторические факты, но мне предлагаете завершить историческую полемику.

Кто это назначил тюркскую версию о происхождении гагаузов основной? Просто традиционно и необоснованно слабо, к сожалению, звучит голос сторонников болгарской (балканской) версии об их происхождении.

Прилагаю данные FTDNA (Bulgarian DNA Project) - гаплотипы 22 болгар на октябрь 2008:

[http://www.familytreedna.com/public/bulgar...?fixed\\_columns=](http://www.familytreedna.com/public/bulgar...?fixed_columns=)

Тот же линк на странице Results :

Haplogroup I - 22,6% ( 22% I1b1, 0,05% I1a, 0,01% I1b2a)

hapl. E1b1b 21,5% (10,4% E1b1b1, 9,9% E1b1b1a- alfa cluster, 0,5% E(M123\*);

hapl. J -17% ( J1-0,01%, J2(M172)- 16%, 6,5% J2b1\*(M102\*), 4,3%J2\*(M172\*), J2f\*(M67), J2f1(M92))

hapl. R1a и R1a1- 13%;

hapl. R1b1- 12,5%;

hapl. G2 0,04%;

hapl. Q 0,02%;

hapl. L 0,01%.

**Жас.** Какие исторические факты? В первых двух постах сегодня, я оспорил ваш тезис о том, что турки - это неязыковая общность. На что вы ответили что якуты и турки - турки по языку и все же дальние родственники, и что вопрос лишь - насколько удален общий предок. А также что гагаузы Молдавии родственны тюркам по языку, но по роду они не ближе туркам в частности и тем более тюркам вообще, чем болгары, сербы, македонцы и другие жители Балкан.

То есть вы не сочли нужным доказывать то, что турки ближе к якутам чем к гагаузам.

Далее, Вы сказали, что гагаузы ближе к болгарам, чем к туркам (с этим можно согласиться, ведь жили все-таки рядом), но это никак не доказывает болгарскую версию, ведь тюркская версия не производит гагауз от турков, она их производит от огузов.

Дальше мы начали упражняться в аналогиях, вы упорно настаиваете, на том, что гагаузы это как урумы и караманлисы, на что я ответил,

что есть и аналогии другого вида, (чуваши-булгары и казахи, которых называли киргизами).

Дальше вы мне предложили, как в журнале найти 5-10 отличий между греками-тюркофонами и болгарами-тюркофонами. Я не стал этим заниматься, так как эти картинки (греков-тюркофонов и болгар-тюркофонов) я в жизни не видел и написал, даже если картинки стоят в одной рамке, они могут быть нарисованны по разному, карандашами, фломастерами, тушью, красками и т.д.

На пункт о близости гаплогрупп я ответил, что по гаплогруппам трудно судить каково происхождение народа, без конкретных гаплотипов. Общетеоретические исторические вопросы (анalogии) мы затрагивали, но когда вы начинаете писать о тех вещах, в которых я не разбираюсь на профессиональном уровне, я открыто пишу, что это не моя епархия, поэтому увольте, подождем гаплотипы.

А насчет того, кто это назначил тюркскую версию о происхождении гагаузов основной, то Вы сами написали, что большинство историков придерживаются огузской точки зрения, а попытки болгарских и турецких ученых сделать гагаузов болгарами и турками соответственно, мне все-таки напоминают фольк-историков. Хотя у болгарской версии есть больше аргументов в свою пользу, чем у турецкой, это однако не делает ее версией, которой придерживаются большинство ученых.

**Сергей.** Вы правы, дождемся гаплотипов.

Огузская и сельджукская версия о происхождении гагаузов игнорируют архивный материал 19 века (совсем свежий пласт информации), не учитывают этнографические и фольклорные данные по вопросу. Их надо знать, для аргументации своей позиции.

От современных гагаузов до их переселенцев начала 19 века всего-то 7-8 поколений, четыре из которых были болгарами, а четыре уже гагаузы. В 20 веке турецкие, румынские и советские ученые развили свои теории, разделили компактно проживающих болгар юга Бессарабии. У всех на то были свои мотивы - тему не буду развивать.

Но к поиску истины это не имеет отношения, имя то братьям надо вернуть. Нехорошо задним числом кому-то позволять переписывать имя

своих дедов. Сначала архивы - составление родословных и др. информация, поездки в Болгарию в села, давшие переселенцев; теперь вот новые возможности ДНК - генеалогии. Спасибо за дискуссию, Жас.

**Дмитрий.** Даю ссылку на абстракт статьи  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/1910790...pt=AbstractPlus>  
(статья Варзари, которую я обсуждал во введении к дискуссии - АК).

Авторы склоняются к тому, что гагаузы восприняли тюркский язык, будучи по происхождению балканцами. Отмечают также некоторое сходство с турецкими гаплотипами, что может быть некоторым подтверждением "сельджукского" происхождения гагаузов.

**Сергей.** Выводы в целом верные, а апологеты так называемой сельджукской версии уже и сами в нее не очень верят. В 1952 П. Витек издает свой наукообразный труд "Гагаузы - народ Кейкауса", в котором возводится имя Кейкаус к "гагауз", чем якобы и доказывается их сельджукское происхождение. Простодушному народу сообщается ложь, о том, что в прошлом у них якобы было в 13 веке н.э. государство в Добрудже и т.д. Сыпятся их теории как карточный домик вместе с их авторами.

Фальшивый поиск "тюркскости" гагаузов (болгар-тюрофонов) длится уже около 110 лет. Любой мельчайший признак сходства со всем тюркским сторонниками тюркского этногенеза гагаузов преподносится как неопровержимое свидетельство их тюркского происхождения. Зато несравнимо больший пласт свидетельств о болгарской (балканской) принадлежности болгар-гагаузов эти "учоны" преподносят как влияние соседей болгар.

**Роман.** Есть еще одна работа по гагаузам -

Nasidze et al - The Gagauz, a Linguistic Enclave, are not a Genetic Isolate // Annals of Human Genetics, Volume 71 Issue 3, Pages 379 - 389  
<http://www3.interscience.wiley.com/journal...118246/abstract>

The Gagauz, a linguistic enclave, are not a genetic isolate.

**Сергей.** Хотелось бы почитать статью Насидзе целиком, особенно данные исследуемых. Насчет смешения болгар-гагаузов по мтДНК: все болгары

юга Бессарабии (Буджака) компактно его населяют с 1806-1812 годов, т.е. всего-то около 200 лет.

Напомню, переселенцы были на тот момент из Турецкой империи, большей частью из предместий Варны, Ямбола и региона Добруджи, где молдаван и украинцы единицы. Селились переселенцы компактно на безлюдной и необработанной территории, на месте прежних ногайских стоянок - даже название колоний остались прежние, ногайские. Ногайцев-кочевников Екатерина выселила из Буджака в самом конце 18 века на Ставрополье и частично в саму Добруджу (Россия и Турция часто производили взаимообмен населением)!

Какой же такой род сохраняют болгары-гагаузы "по папе"? В самом деле интересно, особенно если вспомнить при каких обстоятельствах в самом конце 19 века прозвище тюркоязычных болгар Бессарабии возвели в ранг этноса.

**Сергей.** Хотелось бы увидеть на основании чего Насидзе сделал такие выводы? Смещению подвержены многие народы, но что ему позволило сделать вывод о смещении по мт ДНК у гагаузов? Гагаузы - именно прозвище, данное им турками, т.е. по сути экзоэтноним начала 19 века, которым именовались языково-отуреченные болгары Добруджи, Беломорской Македонии и Тракии. Никогда в болгарском водворении Бессарабии этот термин не использовался вплоть до 1869 года, в качестве самоназвания. Тюркоговорящих болгар называли - гагаузами, а болгароговорящих - туканами. И то, и другое - прозвища, но происхождение-то болгарское. И болгары-гагаузы в Болгарии сегодня ревностно оберегают свое болгарское самосознание, решительно отвергая инсинуации по поводу их бытового тюркоязычия.

Гагаузов начали активно обособлять от болгар в период непростых русско-болгарских отношений (разрыв отношений 1886-1896 года). Именно в 1897 году гагаузы отдельно выделены впервые в переписи населения России. Помимо этого, внутренние отношения между болгарами (тюркоговорящими и болгароговорящими) Бессарабии были непростыми, т.к. ненависть ко всему турецкому в середине 19 века, по известным причинам, была высокой и вполне объяснимой.

И тут подбрасывают утку о тюркском происхождении гагаузов, о их великих предках и т.д. Окончательно гагаузы и болгары разделены

только после в 1945 года: стажировки в Турцию, Баку и множество "научных трудов" о тюркском происхождении гагаузов. Советский Союз закрепил создание нового народа, тогда это приветствовалось. Первой перед распадом СССР гагаузов взяла "под свое крыло" Турция.

**Игорь.** Задумайтесь, уважаемый Сергей, а истину ли Вы ищете? Что правду, не сомневаюсь, правда - Ваша. И болгар, и гагаузов живущих бок о бок, ничего не должно разделять - ни вера, ни род, ни язык (каковы бы они ни были). Ну так уж сложилось, что язык другой, так давайте докажем, что мы всё равно из одного корня - так, что ли?

Понимая благородную задачу такой миссии, всё же возражу. ДНК-генеалогия в этом случае непредсказуема. Вдруг окажется что сын - неродной? И что же делать с этой истиной отцу, если он и вправду его любит? Искать истину любящему человеку рискованно. Это я не к тому, что не надо её искать. Просто - относиться к этому хладнокровно, понимаю, что истина может быть той или иной, но правда - за вами. Вот поэтому меня несколько смущает некоторая эмоциональность Ваших доводов. Так что давайте придерживаться в дальнейшем фактов. И оставим в стороне политические обвинения.

**Михаил.** Кажется, не называли фундаментальную работу по молдавским этносам, где есть гаплогруппы и конкретные гаплотипы гагаузов:  
**Population History of the Dniester-Carpathians: Evidence from Alu Insertion and Y-Chromosome Polymorphisms**  
**Dissertation der Fakultät für Biologie der Ludwig-Maximilians-Universität München vorgelegt von Alexander Varzari aus Moldawien**  
**27.07.2006**

**Игорь.** Спасибо, Михаил. Собственно, с этой диссертации Варзари весь сыр-бор и начался. Но критикуют его. Говорят - данные "натянуты". Поэтому и хочется сравнить с Насидзе.

**Роман.** Из комменариев у Динекиса:

#### **Цитата**

These are the data that I have extracted from Varzari's 2006 thesis paper, "Population History of the Dniester-Carpathians: Evidence from Alu Insertion and Y-Chromosome Polymorphisms":

Romanian speakers (Moldavians from Sofia and Karahasani, Moldova and Buhusi and Piatra-Neamt, Romania). Из 180 человек - 9.4% E1b1b1a-M78, 1.7% E1b1b1c-M123 (all in the Karahasani sample), 11.1% E, 2.2% G-M201, 4.4% I1-M253, 26.7% I2a-P37, 2.8% I2b1-M223, 1.1% I-M170(xI1-M253, I2a-P37, I2b1-M223), 35.0% I, 2.8% J1-M267, 2.8% J2-M172(xJ2a1a-M47, J2a1b-M67, J2a1b1-M92, J2b-M12), 0.6% J2a1b-M67(xJ2a1b1-M92), 0.6% J2a1b1-M92, 0.6% J2b-M12, 4.4% J2, 7.2% J, 0.6% T-M70 (in Sofia, northern Moldova), 0.6% N1b-P43 (in Karahasani, southern Moldova), 1.1% N1c1-M178 (in Sofia, northern Moldova), 1.7% N, 0.6% Q-M242 (in Sofia, northern Moldova), 26.1% R1a1-M17 (20.4% in both Sofia, northern Moldova and Buhusi & Piatra-Neamt, northeastern Romania; 34.7% in Karahasani, southern Moldova) 28/180 = 15.6% R1b1b2-M269, 41.7% R.

Turkish speakers (Gagauzes from Kongaz and Etulia, Moldova), из 89 человек: 11.2% E1b1b1a-M78, 2.2% E1b1b1c-M123 (both in the sample from Kongaz), 13.5% E, 13.5% G-M201, 4.5% I1-M253, 20.2% I2a-P37, 3.4% I2b1-M223, 28.1% I, 1/89 = 1.1% J\*-12f2(xJ1-M267, J2-M172) (Kongaz), 1.1% J1-M267 (Kongaz), 3.4% J2-M172(xJ2a1a-M47, J2a1b-M67, J2a1b1-M92, J2b-M12), 1.1% J2a1b-M67(xJ2a1b1-M92) (Etulia), 1.1% J2b-M12 (Kongaz), 5.6% J2, 7.9% J, 3.4% T-M70 (all in Kongaz), 2.2% N1c1-M178 (both in Kongaz), 19.1% R1a1-M17 (12.5% in Kongaz, 26.8% in Etulia), 12.4% R1b1b2-M269, 31.5% R.

Ukrainian speakers (Rashkovo, Transnistria) (53 человека): 3.8% I1-M253, 20.8% I2a-P37, 24.5% I, 1.9% J1-M267, 1.9% J2-M172(xJ2a1a-M47, J2a1b-M67, J2a1b1-M92, J2b-M12), 1.9% J2a1a-M47, 3.8% J2b-M12, 7.5% J2, 9.4% J, 5.7% N1c1-M178, 41.5% R1a1-M17, 5.7% R1b1-P25(xR1b1b2-M269), 13.2% R1b1b2-M269, 60.4% R.

**А. Клёсов.** Интересная дискуссия. Мне недавно прислали полный текст статьи про гагаузов А. Варзари с соавт., и я в качестве упражнения посчитал все 89 приведенных 7-маркерных гаплотипов, а именно построил дерево, которое развело гаплогруппы по ветвям, и далее, как по воинскому уставу, определил базовые гаплотипы каждой ветви и... в общем, сам полный анализ будет в ближайшем выпуске Вестника.

**Сергей.** Я немного не понял и прошу простить новичка, а в чем принципиальные расхождения в трактовках данного исследования?

Попалась еще одна ссылка:

<http://www3.interscience.wiley.com/journal...584502/abstract>



Являясь сторонником балканского происхождения гагаузов (тюркоговорящих болгар-христиан балканского полуострова) на основании данных документальной генеалогии, интересуюсь мнением профессионалов в области ДНК-генеалогии о населении Балкан (основных рода) и болгар-гагаузов в частности.

На мой взгляд, в исследование г-на Александра Варзарь по изучению карпато-днестровского региона помимо молдаван, молдован-румын, украинцев Приднестровья и гагаузов, стоило бы включить и протестировать еще и живущих совместно или по соседству с гагаузами жителей болгарских сел (колоний) Бессарабии. Предполагаю, что близкое родство было бы еще более очевидным. Ближе не бывает.

А. Клёсов. Про принципиальные расхождения мне пока не пояснили. Но я догадываюсь, в чем они. Я задал ряд вопросов, но пока ответа ни на один не получил. Один вопрос был о том, что в статье неоднократно упоминались "азиатские R1a1", которые даже по 7-маркерным гаплотипам якобы заметно отличаются от "балканских". Я попросил уточнить, правильно ли понял, ожидая, что мне покажут гаплотипы. Мне ответили, что совершенно правильно, но гаплотипы опять не показали. Я опять запросил.

Я отнюдь не хочу рисовать моего корреспондента в неважных тонах, он оказался вполне адекватен, но, как я уже отмечал, "популяционные генетики" народ непростой. Я бы давно показал гаплотипы и спросил - видите? У других свой стиль.

Что меня потрясло - что в этой статье про гагаузов (как, видимо, принято среди популяционных генетиков) были взяты все 15 гаплогрупп (напомню, всего 89 гаплотипов, так что в среднем по 6 на гаплогруппу, да в двух популяциях гагаузов, точнее, из двух деревень, как я понял, Конгас и Этулия), и поперек всех посчитаны "diversity" (!). Оказалось, примерно 0.91, да еще, как водится у людей, не в ладах с математикой,  $0.9131 \pm 0.0173$ . Убейте меня, какой смысл имеет точность до четвертого знака, когда ошибка уже во втором знаке. На самом деле там  $0.92 \pm 0.02$ . А вариация по всем гаплотипам - ПО ВСЕМ ГАПЛОГРУППАМ! -  $0.0885 \pm 0.0067$ . Это все для одного селения. Какой смысл это все считать - не понимаю. И сравнивать с Анатолией или с Балканами.

Теперь Вы понимаете, в чем разница в трактовках? Да небо и земля.

## *Литература*

Varzari, A., Kharkov, V., Stephan, W., Dergachev, V., Puzyrev, V., Weiss, E.H. and Stepanov, V. Amer. J. Human Biol., in the press (2009). Published online December 23, 2008.

# Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

## Часть 5

(начало и продолжения – в Вестнике, том 1, № 2-5)

**Анатолий Клёсов**

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.  
<http://aklyosov.home.comcast.net>

### ПИСЬМО ТРИНАДЦАТОЕ (Перевод)

Я работаю по гаплогруппе R1a1 в YSearch, и у нас появился очень необычный гаплотип. Он не относится ни к польским гаплотипам, ни к линии Сомерледа. Он из Лондона 1400-х годов. Я хотела бы узнать больше об этом гаплотипе.

Margretta

### МОЙ ОТВЕТ:

Дорогая Margretta,

Меня озадачило Ваше «ни польский, ни Сомерлед». Вы действительно полагаете, что что гаплотипы группы R1a1 могут быть только этих двух категорий? Не могли бы Вы представить сам гаплотип? И что такое «из Лондона 1400-х годов»? Тогда жил предок? Или это ископаемый гаплотип?

### ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ:

«Необычный гаплотип» в том отношении, что у него есть два необычные значения маркеров. Это гаплотип

13-25-15-11-13-14-12-12-10-14-13-31 – 16-9-10-10-11-25-14-19-30-12-15-15-16-10-10-19-23-16-16-17-18-38-38-12-11

Его предок имеет очень необычное имя (Grumble) и жил в 1660-х годах в Англии. С такой же фамилией числился прихожанин в 1400 году в Sterney (Англия) и с такой же был крещен там же в 1700-м году. Семейная легенда гласит о том, что предки были викингами и прибыли в Англию с норманнами. Бенджамин Грамбл эмигрировал в Америку в 1732 году.

МОЙ ОТВЕТ.

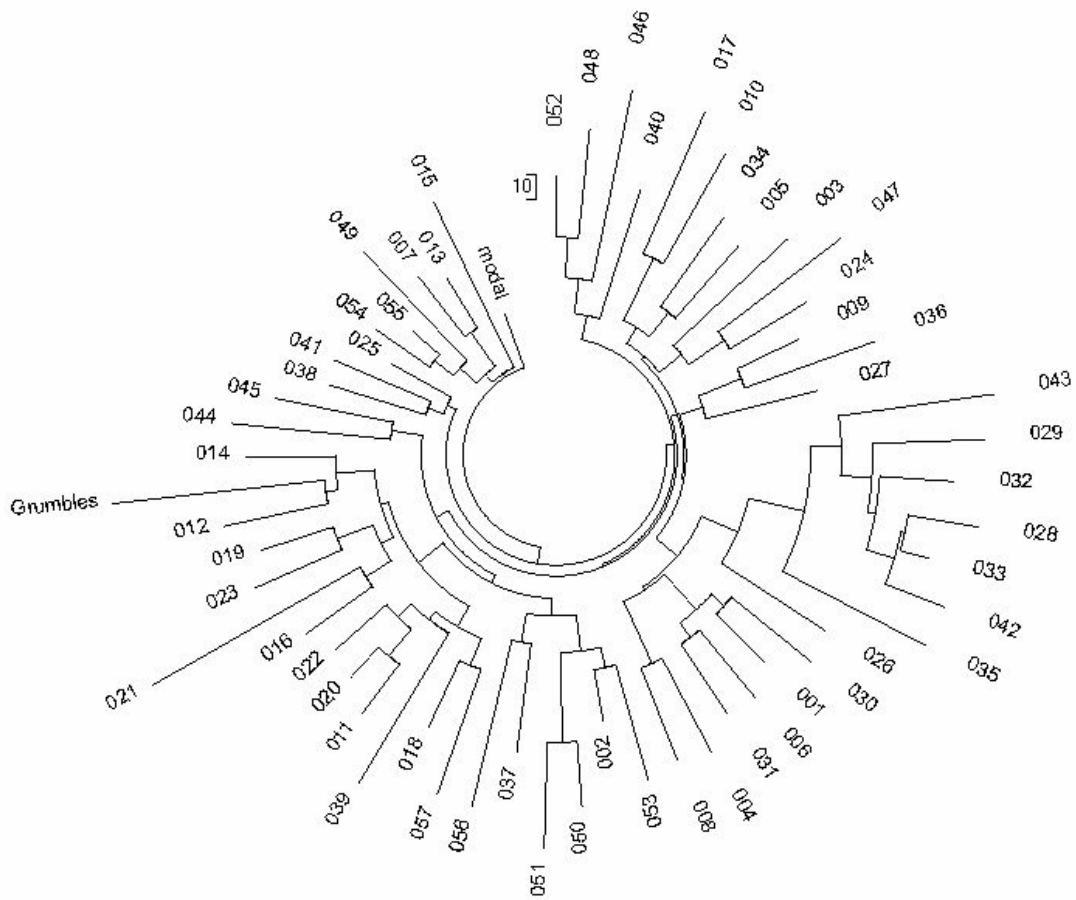
Да, это действительно необычный гаплотип. От базового английского 25-маркерного гаплотипа

13-25-15-11-13-14-12-12-10-14-13-31 – 16-9-10-10-11-25-14-19-30-12-15-15-16

он отличается на 12 мутаций (отмечено жирным шрифтом), то есть на 8825 лет. А поскольку носитель этого базового английского гаплотипа жил 4350 лет назад, то ИХ общий предок жил  $(4350+8825)/2$ , то есть примерно 6600 лет назад. От славянского гаплотипа он отличается на 13 мутаций (9825 лет между общими предками), так что ИХ общий предок жил 7300 лет назад. На 37-маркерных гаплотипах он отличаются на 26 мутаций, то есть на 10050 лет, и ИХ общий предок жил 7400 лет назад.

Обратите внимание, как гаплотип Грамбла выделяется на фоне остальных гаплотипов. Гаплотип 021 также, возможно, от того же предка, поскольку отличается от базового 25-маркерного английского гаплотипа на 18 мутаций, и от гаплотипа Грамбла на 17 мутаций. Это значит, что их двоих общий предок жил 7200 лет назад.

Таким образом, получается, что в Европе есть гаплотипы R1a1 с общим предком, который жил примерно 7200-7400 лет назад.



Так что Вы правы, гаплотип Грамбла идет от очень древнего предка, потому так интенсивно и мутировал. Что касается викингов, то из гаплотипа это никак не следует. Более того, пара YCAII в гаплотипе Грамбла 19-23, а у викингов, как полагают, как и в большинстве в Норвегии, эта пара 19-21. Эта же пара 19-21 преобладает в Шотландии, откуда и предположили, что в Шотландии R1a1 появились из Норвегии, и на имеется у всего «Клана Дональдсов». В Англии и в Ирландии преобладает обычная пара 19-23.

ОЧЕРЕДНОЕ ПИСЬМО

Я впечатлена вашим анализом ситуации. Что Вы в таком случае думаете о следующем гаплотипе, возможно, от того же древнего предка? Это уже француз, с известным предком, который родился в 1641 году.

13-25-15-11-13-14-12-12-10-14-13-31 – 16-9-10-10-11-25-14-19-30-12-15-15-16-10-10-19-23-16-16-17-18-38-38-12-11

## МОЙ ОТВЕТ

Действительно, их гаплотипы очень схожи – между ними нет мутаций на 12-маркерных гаплотипах, только одна мутация на 25-маркерных, и 7 мутаций на 37-маркерных гаплотипах. По 25-маркерным гаплотипам их двоих общий предок жил всего 275 лет назад, в 1730-х годах, но это маловероятно (но не исключено) по сведениям об их известных предках. Но по 37-маркерным гаплотипам их общий предок жил тысячу лет назад, в 10-м веке нашей эры. Он мог произойти или от француза, или от англичанина, и будущая история развела потомков по разные стороны Ла-Манша.

## ПИСЬМО ЧЕТЫРНАДЦАТОЕ (перевод)

В моем проекте I1c имеются 24 67-маркерных гаплотипа и 31 12-маркерный гаплотип. Что вы можете сказать о структуре этой выборки и возрасте общего предка? Среди этих гаплотипов есть три гаплотипа, типированных как I1, но они очень похожи на остальные I1c. Что вы можете по этому поводу сказать?

Rebekah

## МОЙ ОТВЕТ

Дорогая Ребека,

Ваши 24 гаплотипа выглядят на дереве гаплотипов следующим образом (рис. ниже)



Гаплотипы, типированные как I1, имеют номера 6, 7 и 22. Как видите, они в самом деле совершенно не выделяются из общей картины.

Проанализируем сначала 12-маркерные гаплотипы. Из 31 гаплотипов 9 – идентичны друг другу. Это дает  $\ln(31/9)/0.022 = 56$  поколений (без поправки на возвратные мутации), или 60 поколений с поправкой – до общего предка. Те же 31 гаплотип имеют 42 мутации, что дает  $42/31/0.022 = 62$  поколения, или 66 с поправкой на возвратные мутации. Разница составляет всего 10%, то есть у всей выборки есть один общий предок. Это же видно и из структуры дерева гаплотипов, в котором все ветви исходят из одной «ножки», то есть одного общего предка.

Более точный подсчет времени до общего предка производится по 25-маркерным и 37-маркерным гаплотипам. Во всех 24 гаплотипах число мутаций составляет 91 (25-маркерные) и 182 (37-маркерные). Это дает 2275 и 2300 лет до общего предка. Это величины практически идентичные, и показывают, что общий предок этих 24 гаплотипов гаплогруппы I1c жил примерно в 3-м веке до нашей эры.

## ПИСЬМО ПЯТНАДЦАТОЕ

Согласно Еврейской энциклопедии фамилии Рогов, Rogow, Rogoff происходят от названия старинного еврейского городка Рогово Вилкомирского уезда (Raguva) в Литве. В архивах мест вокруг Каунаса очень много Роговых. Есть еще Rogowo в северо-центральной Польше, Рогово под Псковом, и еще несколько селений с подобными названиями.

Я определил свой 67-маркерный гаплотип, и нашел – в базе данных YSearch и проекте JewishR1b - девять похожих 67-маркерных гаплотипов. Это, видимо, белорусские евреи, польско-литовско-латышские евреи, и евреи из Российской империи (без уточнения региона). Как узнать их ДНК-генеалогическое родство? Кто из них имеет более раннее или позднее происхождение друг относительно друга?

## МОЙ ОТВЕТ

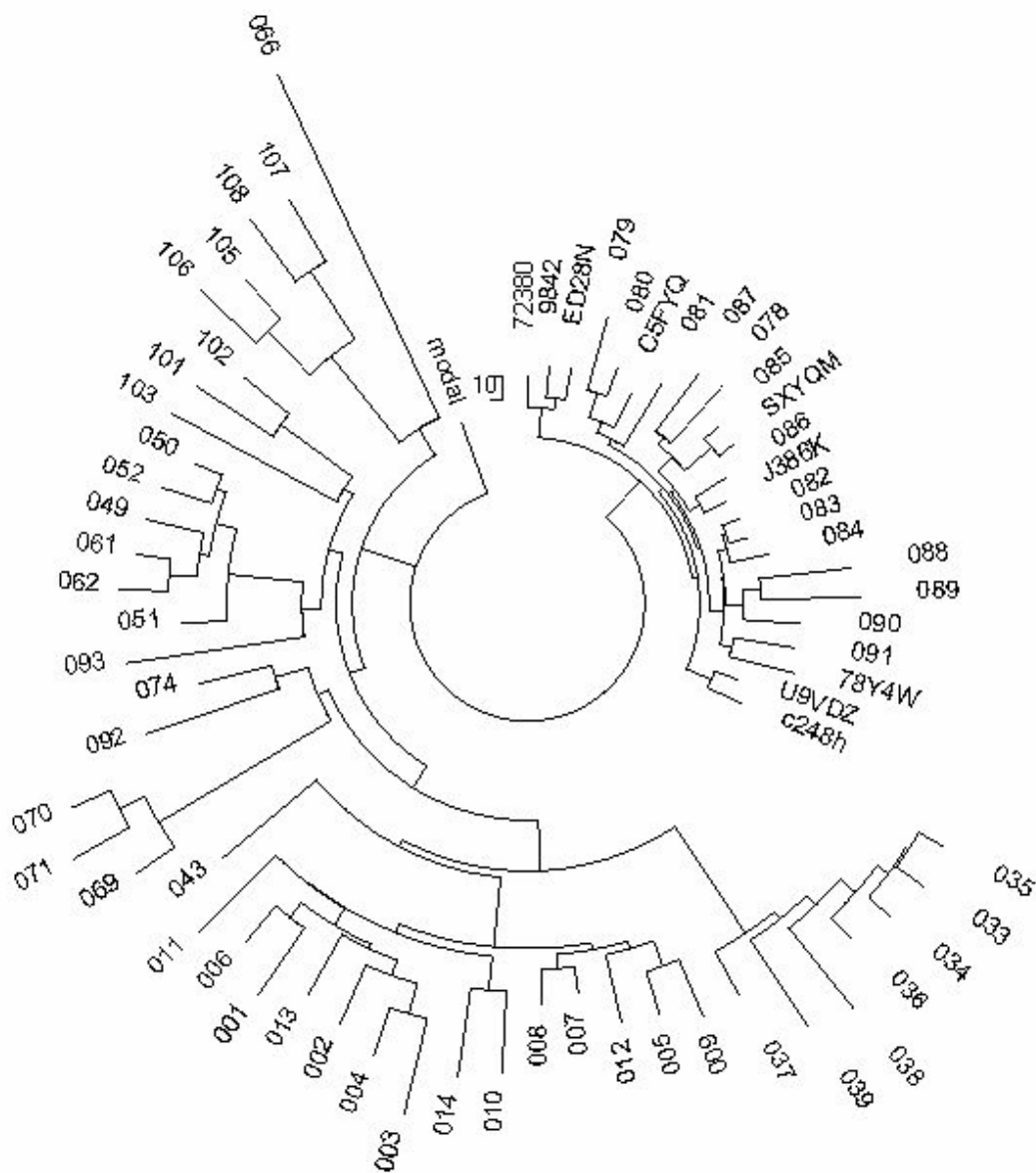
На дереве ниже помещены еврейские гаплотипы гаплогруппы R1b. Видно, что дерево разходится на две совершенно разные половины, практически не связанные друг с другом. Слева – потомки древнего предка, который жил около 5 тысяч лет назад. Справа – совсем молодая ветвь. В ней – 22 гаплотипа (показаны 23, но гаплотипы с индексами 085 и SXYQM принадлежат одному человеку).

Ваш гаплотип - под индексом ED28N, предок из-под Могилева, Беларусь. Рядом с Вашим сидят два гаплотипа, на той же малой ветви. Это – Ваши родственники. Один из них тоже из-под Могилева, другой из Белоруссии.

Самые отдаленные от Вашего гаплотипа на дереве – относительно удалены и территориально. Два самых крайних на ветви внизу – Каунас



(Литва) и Сейны (Польша), на границе с Литвой. Третий снизу - из России, регион неизвестен. В середине (J386K) - Рига (Латвия). Рядом - (SXYQM) - Папиле (Литва), на границе с Латвией. Гаплотип C5FYQ - Россия, регион неизвестен. Вот и все ваши 9 человек, все в одной ветви.



Следующий вопрос – когда жил общий для всех предок? А он явно был, потому что все гаплотипы вашей ветви «сидят» на единой ножке, ведущей к стволу дерева. Вот эта ножка и показывает общего предка.

Рассчитаем, когда он жил. Пойдем по восходящей, от менее точного расчета к более точному. Это покажет, насколько уточняется счет.

Если рассматривать все 22 гаплотипа в 12-маркерном формате, они содержат только 14 мутаций от базового (предкового) гаплотипа

13-24-14-11-11-14-12-12-11-13-13-28

Это дает 30 поколений до общего предка.

В 25-маркерном формате в 22 гаплотипах уже 38 мутаций, что дает 40 поколений до общего предка с базовым гаплотипом

13-24-14-11-11-14-12-12-11-13-13-28 – 17-9-10-11-11-26-15-19-30-15-15-15-18

Наконец, в 37-маркерном формате 78 мутаций, что дает 41 поколение до общего предка с гаплотипом

13-24-14-11-11-14-12-12-11-13-13-28 – 17-9-10-11-11-26-15-19-30-15-15-15-18 – 11-11-19-23-16-15-17-19-37-37-12-11

Итак, мы дошли до предельной величины в 1000 лет до общего предка. Начало 11-го века нашей эры. Хазарские времена, но хазарские ли это гаплотипы – мы знать пока не можем.

## **ПИСЬМО ШЕСТНАДЦАТОЕ**

Много говорится о том, чьи славянские предки R1a1 старше – «русские» или «литовские». Ясно, что в те времена русских и литовцев как таковых не существовало, но были племена, носители гаплогруппы R1a1. Считается, что литовский язык более близок к санскриту, потому старше. Хотя это может быть результатом того, что русский язык более мобильный, и потому более ушел от древнего арийского по сравнению с литовским. Что на этот счет говорят гаплотипы?

## МОЙ ОТВЕТ

В базах данных крайне мало протяженных литовских гаплотипов R1a1. Известно, что «русские», а на самом деле русские, украинские и среднеазиатские гаплотипы (последние неотличимы от славянских, и показывают, что общий предок у всех был один) дают время общего предка 4825 лет назад.

Из «литовского проекта» удалось извлечь десять 25-маркерных литовских гаплотипов гаплогруппы R1a1, которые содержали 70 мутаций от базового гаплотипа

13-25-16-11-11-14-12-12-10-13-11-30 – 15-9-10-11-11-24-14-20-32-12-15-15-16

Это почти в точности соответствует «русскому» базовому гаплотипу

13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30 – 15-9-10-11-11-24-14-20-32-12-15-15-16

На самом деле единственно отличие таковым не является. Средняя величина четвертой аллели слева у «русских» гаплотипов равна 10.48 (21 со значением аллели 11, и 23 со значением 10). То есть это просто минимальное округление. У литовских гаплотипов 6 аллелей со значением «11», и 4 со значением «10», то есть среднее равно 10.60. Это разницей просто не может считаться. Таким образом, предок «русских» и «литовских» гаплотипов один.

Перейдем к расчету времени. Все 10 литовских гаплотипов содержат, как мы упоминали, 70 мутаций. Это дает 4500 лет до общего предка. На 325 лет моложе «русского». И это логично, так как к Прибалтике носители R1a1 вышли позже просто по соображениям географии, поскольку двигались с юга на север.