

Ultima ratio

**Вестник Российской
Академии
ДНК-генеалогии**

Том 2, № 3

2009 март

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	369
Гаплотипы угро-финских русских (северных) славян: семь племен? <i>А. Клёсов</i>	370
Гаплотипы Иберии и анализ истории популяций басков, сефардов и других групп Испании и Португалии. <i>А. Клёсов</i>	390
Практические методы определения возраста больших выборок STR гаплотипов Y-хромосомы. <i>Д.С. Адамов и А.А. Клёсов</i>	422
Критические комментарии к статье «Индийское происхождение гаплогруппы R1a1 подтверждает автохтонное происхождение браминов и кастовой системы» (Sharma et al, J. Human Genetics, январь 2009 г.) <i>А. Клёсов</i>	443
РАССЛЕДОВАНИЯ	
Умереть за княжну. <i>А.А. Клёсов</i>	452
АЗБУКА ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ	
Некоторые понятия генетики и их связь с ДНК-генеалогией. <i>Е. Березовская</i>	482
Полемические комментарии к «Азбуке». <i>С. Каржавин</i>	491
Ответ <i>Е. Березовской</i>	498
ДИСКУССИИ	
Языки арийский и индоевропейские, и их отношение к гаплогруппе R1a1	503
Гаплогруппа N, ее история, распространение, закономерности	515
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи	
ДНК - генеалогии. Часть 7. <i>А. Клёсов</i>	563

Гаплотипы угро-финских русских (северных) славян:

семь племен?

Анатолий А. Клёсов

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

Введение

На первый взгляд, в названии этой статьи полная ересь, если не сказать полная чепуха. Ну, с русскими славянами проблем нет – славяне есть и польские, и украинские, и чешские, и болгарские, и сербские, и многие другие. Славяне, строго говоря, это языковая категория. Точнее, славяне – это этноязыковая общность людей.

С «русскими угро-финскими» проблем тоже нет. Хотя это уже несколько сложнее. Это, стало быть, русские, говорящие на языках угро-финской группы. Или современных русские, предки которых говорили на языках угро-финской группы. Это – языки прибалтийские (финский, ижорский, карельский, вепский, водский, эстонский, ливский и другие), саамские (в частности, на Кольском полуострове), мордовский (эрзя, мокша), марийский, пермский (коми, удмуртский). В свою очередь угро-финские языки – ветвь языков уральских. Есть такие среди потомков, говоривших на тех языках, которые считают своим родным языком русский? Есть, разумеется.

Итак, мы уже имеем пересечение трех понятий – язык, этническая принадлежность, и национальность. Каждое из них имеет свою область рассмотрения, свою терминологию. Сюда добавляется еще историческая координата. Например, в составе Новгородской Руси, или, как её еще называют, Ладого-Новгородской Руси, были представители разных, еще более древних племен. Были тех, у кого предки говорили на угро-финских, или, более широко, уральских языках? Естественно, были. Можно назвать

их славяне? Да так и называют, говоря о древних славянских племенах, и включая Новгородскую Русь.

Итак, нынешний русский человек, который считает русский, славянский язык своим родным, как и считали его предки в нескольких (во всяком случае) поколениях, вполне мог иметь предков среди древних славянских племен, которые могли разговаривать на языках угро-финской, или уральской группы, или происходить от тех, которые на них в прошлом разговаривали.

Если кто обоснованно опровергнет любое положение предыдущего абзаца, то название этой статьи неверное.

Собственно, название это сделано умышленно, чтобы подчеркнуть, что пассы в отношении «угро-финского происхождения» современных русских – неверно, да и просто глупо. И не потому, что «угро-финское» - это что-то предосудительное, а просто потому, что нет такого происхождения. Естественно, могли быть, и были поселения, которые могут классифицироваться как «финно-угорские», но здесь исследователи совершают некоторую подмену, перенося языковые понятия на этнографические, и наоборот. Не говоря уже о понятиях и критериях археологических.

И вот, как будто уже нет достаточного смешения понятий, которые обсуждаются специалистами в рамках разных парадигм, в эти понятия стремительно вошла ДНК-генеалогия, привнеся дополнительную координату. А именно, метку древнего рода, под названием «сний», определяющую гаплогруппу, которая и является определением древнего рода. Причем в отличие от национальности, записанной в паспорте, и которую всегда можно поменять, в отличие от языка, который со временем ассимилируется, адаптируется к окружению, в отличие от этнографических факторов, тоже порой подверженных довольно быстрым изменениям, гаплогруппа не ассимилируется. Она определяется «рисунком» мутаций в ДНК, причем в мужской Y-хромосоме ДНК, которая передается от отца к сыну сотнями и тысячами поколений.

В результате довольно простых и надежных тестов можно определить, к какому роду принадлежит любой человек. Оказалось, что для людей, говорящих на языках финно-угорской группы, и живущих на севере России

(а также в Финляндии, Швеции, и других прибалтийских странах), характерна гаплогруппа N1c.

Если остановится только на русских, то таких по всей России в среднем 14% , но на севере России значительно больше.

Гаплогруппы определялись у русских (по паспорту, как условие отбора тестируемых), кто не менее трех поколений жили на той же территории (то есть отец, дед, мать и бабушка родились в данной области), чтобы все четверо предков были этническими русскими, чтобы родной язык у все был русским, и чтобы тестируемые не были родственниками по крайней мере в третьей степени родства. Это – стандартные требования в исследованиях такого рода.

Что это означает? Что они финно-угры? Нет, они – славяне по языку и другим этноязыковым признакам. Они, естественно, русские. Многие из них наверняка потомки тех, кто входили в состав древних славянских племен. Но они определенно потомки и тех, кто пришли на современные российские земли, говоря на угро-финских и/или уральских языках.

Отсюда – и заглавие статьи.

Эта статья – продолжение работы, опубликованной в предыдущем выпуске «Вестника», и посвященной восточным славянам (Клёсов, 2009). В качестве ее основы взята серия 17-маркерных гаплотипов, опубликованная в статье Roeser и др. (2008), по двенадцати областям Российской Федерации – Архангельской, Брянской, Ивановской, Липецкой, Новгородской, Орловской, Пензенской, Рязанской, Смоленской, Тамбовской, Тверской и Вологодской. Всего в цитируемой статье приведено 545 гаплотипов, из которых 48% (257 из 539 гаплотипов, исключая 6 неверно типированных) принадлежали гаплогруппе R1a1, и 76 гаплотипов (14%) – гаплогруппе N1c. Как отмечалось в предыдущей статье в «Вестнике», как принято у популяционных генетиков, внимание в статье было в первую очередь обращено на формальные факторы. Основное заключение статьи было в том, что гаплотипы показывают «высокое разнообразие, но небольшое генетическое различие между популяциями», что показали расчеты «молекулярных вариаций». Отмечен «градиент различий в Y-хромосоме между Россией и славяноязычными популяциями к западу», и «заметные разрывы между соседними популяциями к востоку, северу и югу». Идентификации генеалогических линий внутри гаплогрупп, расчеты

времен жизни предков этих линий в исходной статье Roewer и др. не проводились.

Теперь – несколько общих соображений. Исторической науке, да и широкому читателю известны примерно полтора десятка (или больше, если считать варианты) основных древних славянских племен и племенных союзов. Их названия упомянуты, часто вскользь, в летописях – в «Повести временных лет», в Иоакимовской летописи, Ипатьевской летописи, Лаврентьевской летописи и других.

Все эти племена и племенные союзы относят к VIII – XII векам, после чего они вошли в состав Киевской Руси или Новгородской Руси, по соответствующему месту их нахождения, и прекратили самостоятельное существование. Если двигаться с северо-востока на юго-запад, то имеем такую картину: ильменские, или новгородские словене (которые составляли основное население Новгородских земель), далее полочане и их потомки (по сообщению Повести временных лет) кривичи, причем кривичи были как минимум смоленские, изборские и северные, к юго-востоку от них, на Средней Оке и до верховьев Москвы-реки – вятичи, к югу – радимичи и дреговичи, далее к юго-востоку, к Курской области – северяне, что к северу отношения никакого не имеет. Оттуда – названия Северский Донец, Северская земля и Новгород-Северский. Вокруг Киева – поляне, к западу Киевской области – древляне, еще чуть западнее – вольняне и бужане, потомки дулебов, живших там с VI века, и оставившие, в частности, след в пражско-корчакской и луки-райковецкой археологических культурах. К югу от полян, по Южному Бугу вплоть до Черного моря – уличи, к западу от уличей, между Днестром и Прутом – тиверцы, а между тиверцами и вольнянами – белые хорваты. Их не стоит путать с другими белыми хорватами, западнославянскими (чешскими). Эти – восточнославянские.

Гаплотипы N1с по областям

Ожидать, что юго-западные племена и племенные союзы имели много носителей гаплогруппы N (и N1с, в частности), не приходится. И сейчас имеется заметный нисходящий градиент гаплогруппы N1с от Карелии-Финляндии к средней полосе России. Вот как этот градиент выглядит в процентном изложении по упомянутым областям Российской Федерации с севера в южном направлении (по данным Roewer et al, 2008):

Архангельская	26%
Вологодская	13%
Новгородская	28%
Ивановская	23%
Тверская	9%
Рязанская	8%
Смоленская	14%
Брянская	16%
Пензенская	10%
Орловская	12%
Липецкая	11%
Тамбовская	6%

Зависимость нечеткая, размытая, но в целом идет на понижение. И это не удивительно, так как трудно ожидать, что потомки древних племен так и продолжают компактно жить на своих территориях. Войны, переселения, ссылки, раскулачивания, служба в армии, гигантские передвижения масс не могли не привести к перемешиванию племен и их потомков. Одна вторая мировая война сдвинула с места миллионы людей, миллионы погибли, миллионы оказались в плену, миллионы в ссылках и лагерях. И вряд ли кто разбирался, кто там восточные славяне, а кто угро-финны. Так что удивительно скорее, что какое-то подобие градиента еще сохранилось, с заметным преобладанием потомков древних угро-финнов в Архангельской, Новгородской и Ивановской областях по сравнению с остальными, в основном более южными областями.

Как читатель, возможно, заметил, я уже произвел подмену понятий, и называю носителей гаплогруппы N1c «потомками угро-финнов», или даже «угро-финнами». Строго говоря, это неверно, и я выше пояснил, почему. Но если мы переносим языковые понятия в прошлое, и называем определенный круг людей прошлого «славяне», понимая под этим их язык и этнографию, а теперь и гаплогруппу R1a1, то простительно столь же неформально называть носителей гаплогруппы N1c, предки которых пришли с северо-востока, Урала, Сибири, Алтая – угро-финнами, понимая границы этой неформальности.

Та же диффузность, что и доля носителей гаплогруппы N1c по областям, относится и к расчетам времен жизни общих предков в каждой из областей. Действительно, времена жизни общих предков по областям показали неупорядоченный набор цифр, из которых можно вынести только то, что

общие предки гаплогруппы N1c по указанным территориям жили в интервале примерно 3200-3500 лет назад, и с тех пор перемешались:

Архангельская	2775 лет назад
Вологодская	3350
Новгородская	3150
Ивановская	3450
Тверская	3075
Рязанская	(1850)
Смоленская	3200
Брянская	2925
Пензенская	3575
Орловская	2950
Липецкая	(4300)
Тамбовская	3975

Выпадающие значения по Рязанской и Липецкой областям (приведенные в скобках) обусловлены крайне малой статистикой – три и пять гаплотипов, соответственно, и эти данные приведены здесь скорее, чтобы показать, как малая статистика может приводить к разбросам. Да и то, как видно, к разбросам довольно умеренным, не фантастическим. Тем не менее, эта информация вряд ли имеет особую ценность по причинам, указанным выше. Если формально усреднить времена до общих предков по областям, если это имеет какой-то смысл, то получим 3200 ± 600 лет. Здесь не учтены «веса» популяций при усреднении, так как число гаплотипов по областям варьирует от трех (Рязанская и Тамбовская область) до 10 и 11 (Архангельская и Новгородская области, соответственно). Если же провести расчеты по всем 76 гаплотипам, то окажется, что все они имеют 317 мутаций от базового гаплотипа

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

(в формате так называемого Y-файлера, в последовательности 19-385a-385b-389¹-389²-390-391-392-393-437-438-439-448-456-458-635-GATAN4), что приводит к жизни общего предка всей выборки 3525 лет назад. Расчеты времен до общих предков проводились с использованием средней скорости мутации, равной 0.002 мутаций на маркер на поколение (Klyosov, 2009).

Это – примерно на тысячу лет позже времени жизни общего предка славян гаплогруппы R1a1 по тем же территориям, что было рассчитано равным

4400±700 лет по областям, и 4750 лет для всей выборки из 257 гаплотипов (Клёсов, 2009).

Естественно, к формированию славянских племен и племенных союзов 9-12 веков н.э., то есть после более чем 2000 лет после появления общих предков гаплогруппы N1с у будущих «финно-угорских славян», «арийские» и «угро-финские» славяне могли в значительной степени перемешаться, но это нам в полной мере неизвестно. Более того, археологи находят сейчас в Ивановской области поселения 4-го века нашей эры, которые они определяют как «финские».

http://www.vesti.ru/videos?vid=142527&cid=7&doc_type=news&doc_id=198415

Какие же племена могли иметь преобладающую гаплогруппу N1с?

Напомним некоторые из славянских племен, относимых к 10-13 векам нашей эры:

- словене новгородские,
- вятичи,
- кривичи,
- полочане
- радимичи,
- дреговичи,
- тиверцы,
- уличи,
- волыняне,
- поляне,
- северяне,
- древляне.

Из них, видимо, первые три могут рассматриваться как вероятные (частичные) носители гаплогруппы N1с. Помимо них, их родственниками по гаплогруппе могли быть:

*в АфетовѢ же части сѣдять Русь, Чюдь и вси языци: Меря, Мурома, Вель,
Морѣдва, Заволочская Чюдь, Пермь, Печера, Ямь, Утра, Литва, Зимѣгола, Корсь,
Лѣтьгола, Любь. Ляхѣве же и Пруси и Чюдь присѣдять к морю Варяжьскому*

Откуда они появились?

Это – пока далекая от понимания история, в которой много белых пятен. Предполагается, что их родительская гаплогруппа, N1 (снип LLY22g), появилась в Китае, или – более общо – в Юго-Восточной Азии, примерно 10 тысяч лет назад. Оттуда носители N1 мигрировали на Алтай, и на этом пути приобрели снип M46/Tat, или P105, который и перевел N1 в дочернюю гаплогруппу N1c. Произошло это примерно 6500 лет назад.

Дальнейшие пути миграции носителей N1c пока остаются неясными, но, видимо, идут через Сибирь на средний Урал (Пермский край) и северный Урал (Коми), и затем в Поволжье, откуда расходятся в Новгородские края и Карелию, и затем на обе стороны Финского залива, и другим путем, через среднее течение Днепра, далее на запад, в Трансильванию, дав начало будущим венграм.

Как видно из изложенного выше, общий предок русских N1c жил 3500 лет назад, но мы не знаем, где. Эта датировка относится или к среднему Уралу, или к Поволжью, или уже к Прибалтике и будущему Новгороду-Пскову. Они могли входить в состав сейсминско-турбинских племен примерно в то же время, то есть в середине 2-го тысячелетия до нашей эры, зона миграций которых простирается от Монголии и Саянских гор до Финляндии и Карпат. Но ясно, что формирование славянских племен практически завершилось через две тысячи лет после того, и в 10-12 веках часть этих племен и племенных союзов уже вошли в состав Новгородского княжества, и затем – Древнерусского государства.

И вот теперь возвращаемся к гаплотипам. Можно полагать, что если по территориям гаплотипы перемешаны, как мы только что имели возможность в этом убедиться, то потомки представителей этих племен остались. Трудно представить, что племена могли исчезнуть полностью. Если некоторые и могли, но далеко не все. Они скорее ассимилировались по языку, культуре, верованиям, антропологическому облику. По геному. Но не по своим Y-хромосомам, которые, как мы знаем, не ассимилируются.

Соответствующие гаплотипы должны присутствовать в современной популяции, всего с немногими мутациями по сравнению с предками, жившими во времена Новгородской республики и ранее.

Давайте в этом убедимся, а именно, что ДНК современников имеют «кластеры» гаплотипов, отличающихся по картине мутаций, что определенно соответствует различным генеалогическим линиям предков. А значит – разным племенам. И чуди, и меря, и мурома, и другим.

Иначе говоря, если эти племена жили отдельно друг от друга, что естественно, иначе не было бы подразделения на племена, то они могли бы различаться по тонкой структуре гаплотипов. Род – один (в данном случае N1c), хотя не все из перечисленных племен непременно принадлежали к роду N1c, а племена разные. И при правильном анализе гаплотипов они непременно должны проявиться в тех же кластерах гаплотипах, ветвей на деревьях гаплотипах, генеалогических линиях.

Проверим эту гипотезу.

Гаплотипы N1c по ветвям дерева гаплотипов

Если нанести все 76 гаплотипов русских носителей гаплогруппы N1c на одно дерево, то на взгляд оно разделяется на пять ветвей – два справа и три слева (рис. 1). На самом деле там, как показал последовательный анализ, семь ветвей, так как первая и последняя ветви (по часовой стрелке) – двойные. Рассмотрим все семь ветвей по порядку.

Но перед этим отметим, что все ветви на дереве на рис. 1 исходят от одной «ножки», соединяющей ветви со «стволом». Это и есть свидетельство в пользу одного общего предка. Как показало рассмотрение дерева, предковый (базовый) гаплотип следующий:

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

Он уже был приведен выше с указанием формата записи.

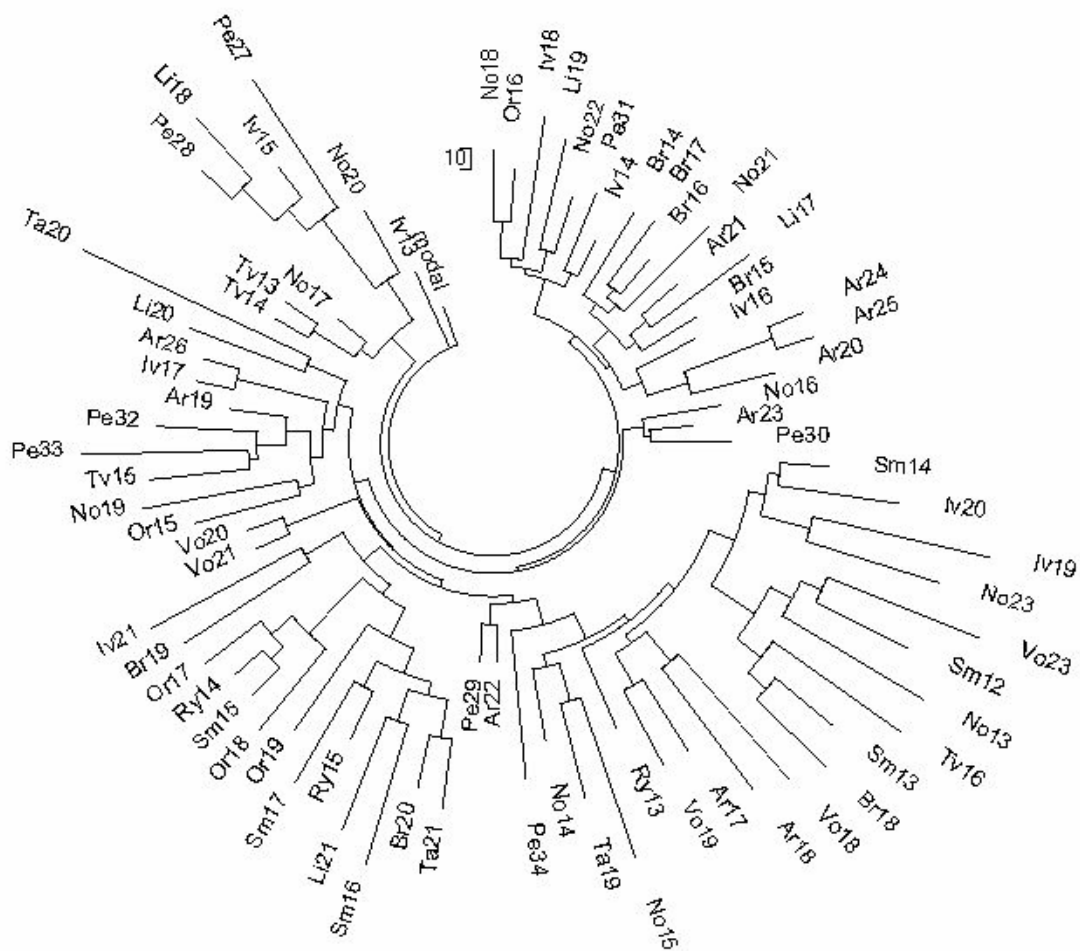


Рис. 1. Дерево из 76 гаплотипов гаплогруппы N1c по двенадцати областям Российской Федерации, построено по данным (Roewer et al., 2008).

Все 76 гаплотипов содержат 317 мутаций от данного предкового гаплотипа, что дает в среднем 0.245 мутаций на маркер, и соответствует 3525 лет до общего предка. Сейчас мы увидим, что этот предок, живший в раннем бронзовом веке, дал начало целой серии славянских племен.

Ветвь первая и вторая

Ветви включают 18 гаплотипов, и расположены в верхней правой части на рис. 1.

Из рис. 2 видно, что сама ветвь состоит из двух частей, 7 гаплотипов в верхней части дерева, происходящих от более недавнего общего предка, и 11 гаплотипов в нижней части и слева.

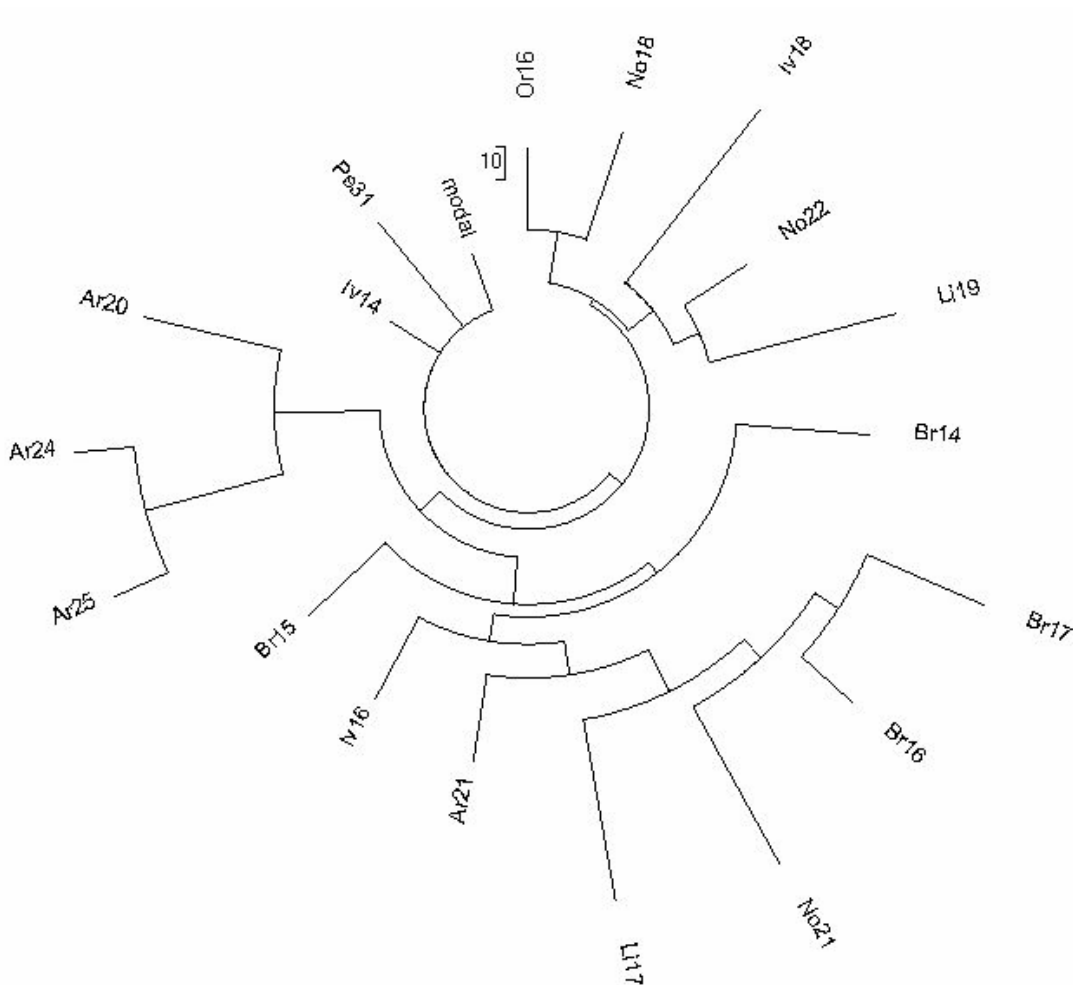


Рис. 2. Дерево первой и второй ветвей из 7 и 11 гаплотипов, соответственно, гаплогруппы N1c.

Более того, обе ветви имеют по одному базовому гаплотипу, отличающемуся друг от друга. У молодой ветви – это ивановский Iv14 слева вверху, непосредственно на «стволе», у более старой – это опять ивановский Iv16.

Базовый гаплотип более молодой ветви следующий:

14-11-13-14-30-**24**-11-14-14-14-10-10-19-14-17-**21**-12

Жирным шрифтом выделены мутации по сравнению с гаплотипом первопредка (см. выше). Они определяются очень надежно, и обе не имеют вариаций во всей серии. Всего на 7 гаплотипов было 12 мутаций, что соответствует 1325 лет до общего предка. 7-й век нашей эры, становление славянского этно-культурного сообщества, как повествуют учебники.

Нижняя, более старая ветвь дает следующий базовый гаплотип:

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

Он всего на одну мутацию отличается от гаплотипа первопредка. На все 11 гаплотипов приходится 34 мутаций, что дает 2500 лет до общего предка.

Обе, старая и молодая ветви, различаются по гаплотипам на 2.4 мутации, что определяет ИХ общего предка на 2860 лет назад. Если же считать по мутациям по обеим ветвям к их предковому гаплотипу, получается 2775 лет до общего предка, разница в 3%.

В более молодой ветви – гаплотипы из разных областей, никакой системы. В старой ветви из 11 гаплотипов – четыре архангельских и четыре брянских. Карта не придает этому никакого смысла, поскольку эти территории совершенно в разных регионах. Случайности при перемешивании.

Ветвь третья

Ветвь включает 21 гаплотип, и расположена справа внизу на рис. 1. Как и первая ветвь, она состоит из многих подветвей, но это обычное дело. Любая популяция состоит из многих подветвей. Но рис. 3 показывает, что все эти подветви сходятся у одному общему предку, который имел следующий гаплотип:

14-11-13-13-29-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12

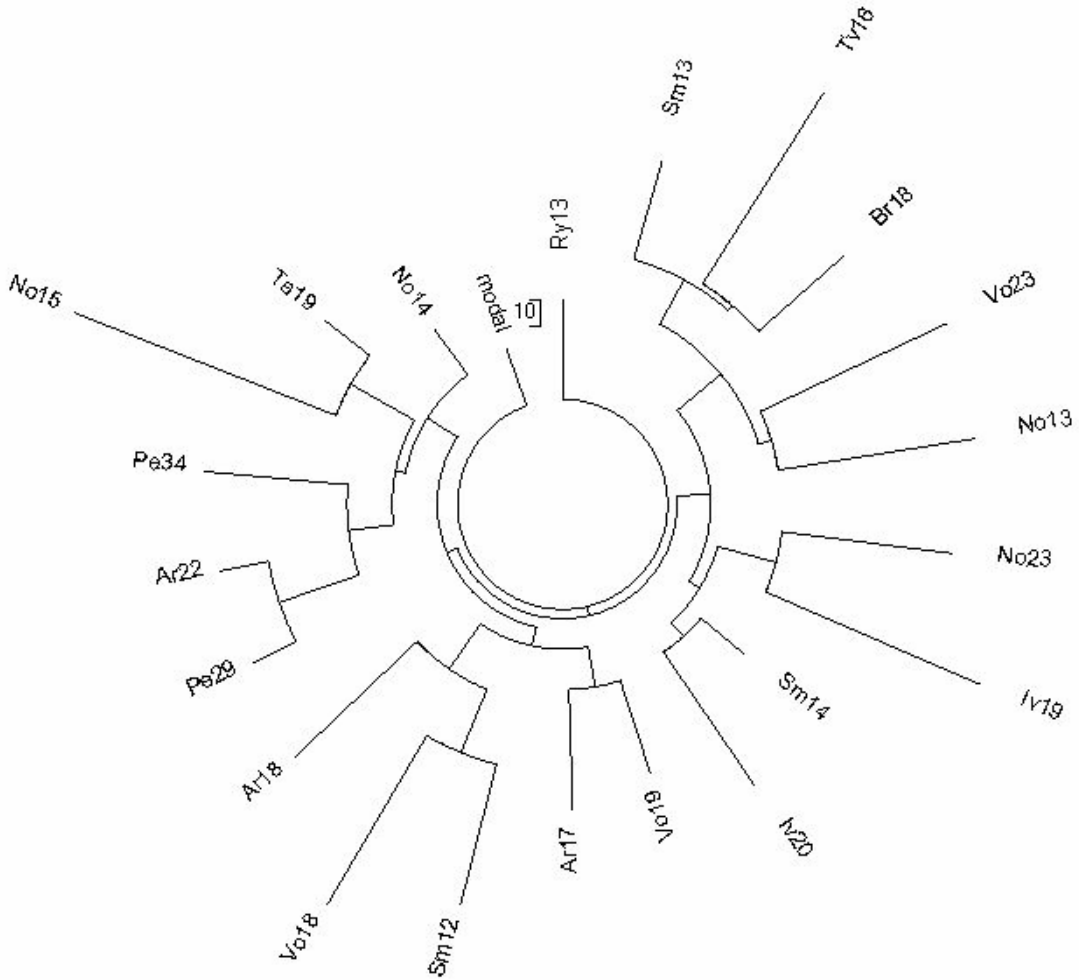


Рис. 3. Дерево третьей ветви из 21 гаплотипа гаплогруппы N1c

Он только на одну мутацию отличается от гаплотипа первопредка русских N1c, но эта мутация надежная: на все 21 гаплотип там только 3 и 2 мутации, соответственно (в DYS389-1 и 389-2). На базовом гаплотипе выше это выглядит как две мутации, но в нем маркер DYS389-2 представляет сумму двух аллелей, одна из которых не изменилась (и равна 16).

Эта одна мутация на 17 маркерах соответствует всего нескольким поколениям до отхода данной третьей ветви от первопредка (рис. 1). Действительно, все 21 гаплотип ветви содержат 85 мутаций, что дает время жизни предка третьей ветви 3375 лет назад. Расстояние от первопредка – всего 6 поколений. Наиболее вероятный «механизм» отхода ветви – это переход будущего основателя ветви на новое место, на новую территорию.

В этой ветви присутствуют представители десяти областей из 12 рассмотренных.

Ветвь четвертая

Ветвь включает 13 гаплотипов, и расположена в нижней правой части на рис. 1. Она однородна (рис. 4), то есть имеет одного общего предка, хотя потомки, естественно, разошлись по нескольким генеалогическим линиям.

Базовый гаплотип четвертой ветви – следующий:

15-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-13-17-22-12

Он на две мутации отстоит от первопредкового гаплотипа. Необычно то, что первый маркер (DYS19) здесь имеет аллель 15. Это – почти «чистая» величина, с двумя мутациями на 13 гаплотипов. Вторая мутация (выделена) – смешанная. Из 13 гаплотипов аллель 13 наблюдается только у семи гаплотипов, у остальных – 12 и 14. В целом у всех 13 гаплотипов наблюдаются 44 мутации, что дает 2775 лет до общего предка.

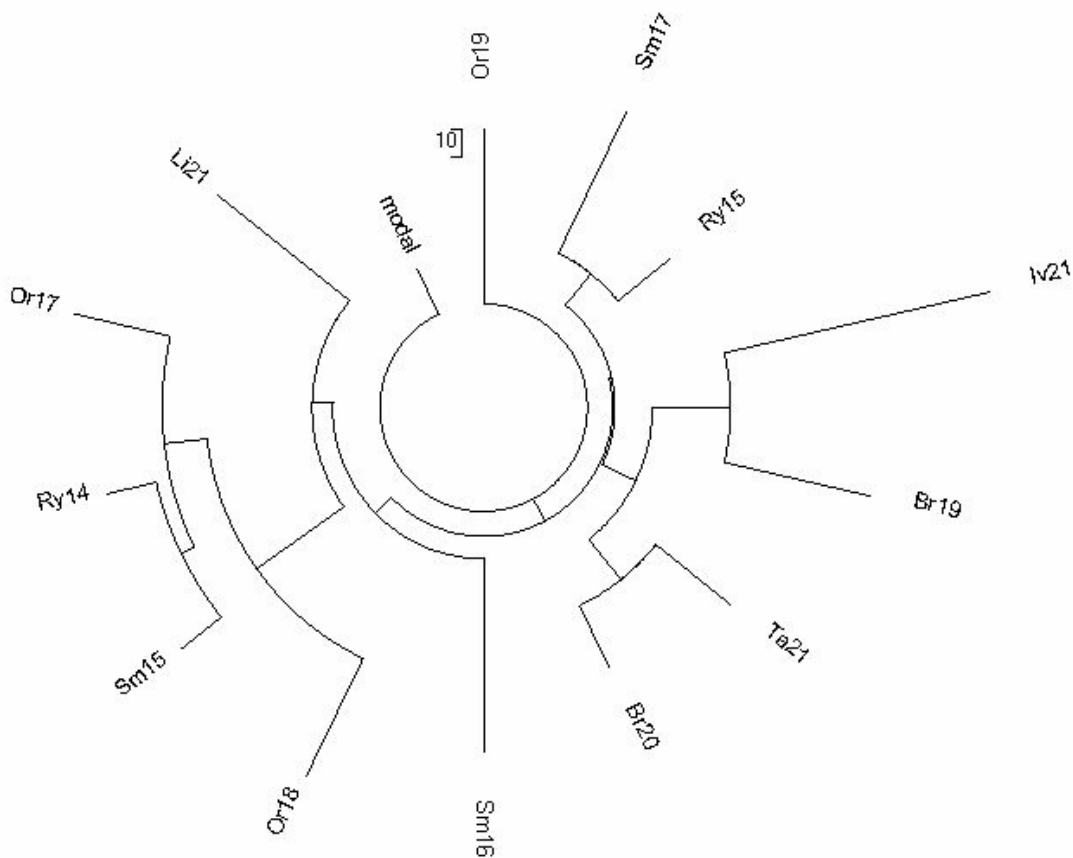


Рис. 4. Дерево четвертой ветви из 13 гаплотипов гаплогруппы N1c

Ветвь пятая

Эта ветвь небольшая, включает всего 10 гаплотипов, и расположена справа на дереве на рис. 1. Ее базовый гаплотип

14-11-13-14-31-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12

Это - единственный предковый гаплотип из всех русских носителей N1c в данной выборке, в котором DYS389-2 равен 17, и сумма с предыдущей аллелью, показанная на гаплотипе, равна 31.

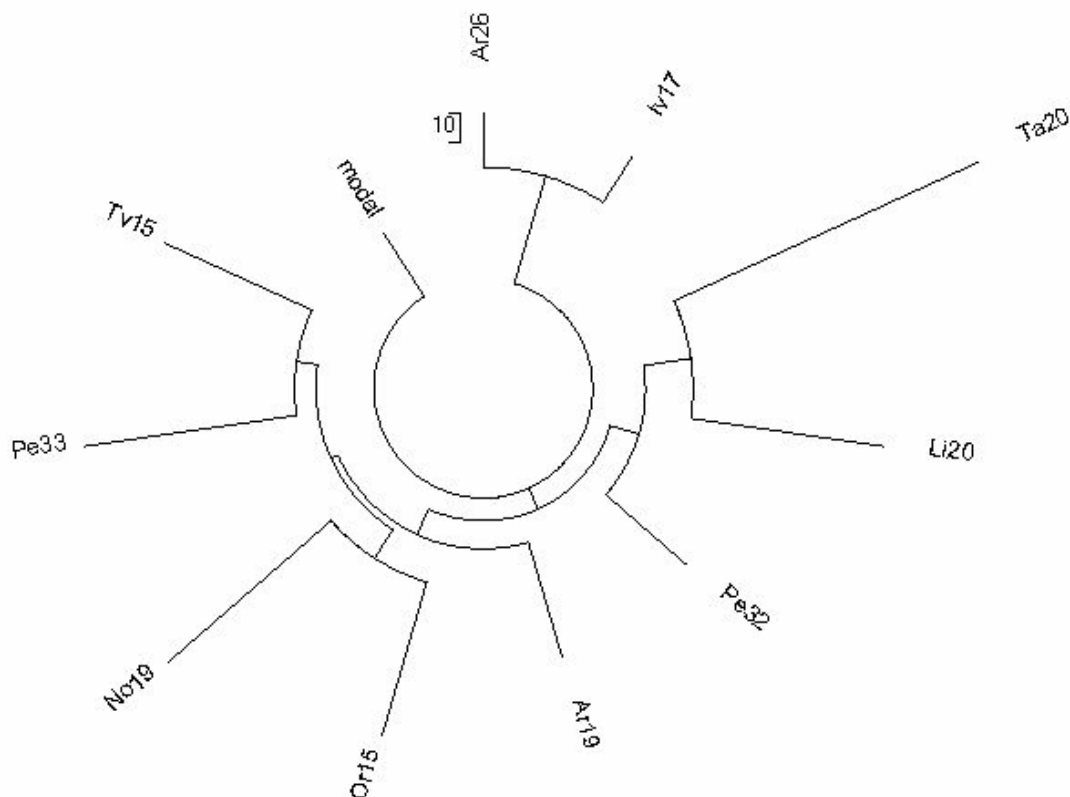


Рис. 5. Дерево пятой ветви из 10 гаплотипов гаплогруппы N1c

Все десять гаплотипов содержат 37 мутаций, что дает 3050 лет до общего предка их носителей.

Ветви шестая и седьмая

Это – двойная ветвь из 8 гаплотипов, последняя при движении по часовой стрелке на дереве, в его левой верхней части (рис. 1). Видно, что она состоит из двух подветвей, молодой и старой, идущих от одного общего предка, и не производных одной из другой.

Данных мало, чтобы провести достоверное определение структуры базовых гаплотипов и времен жизни общих предков, но попытаемся. Помогает то,

что у молодой ветви в трех гаплотипах всего одна мутация, и ее базовый гаплотип следующий:

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

Одна мутация дает примерно 750 лет до общего предка, 13-й век.

У более старой ветви из пяти гаплотипов базовый

14-11-14-14-30-23-10-14-13-14-10-10-20-14-17-21-12

и все пять гаплотипов содержат 9 мутаций, что дает 1400 лет до общего предка, то есть 7-й век нашей эры.

Общий предок семи славянских племен гаплогруппы N1c

Выше мы отмечали, что если рассматривать все 76 гаплотипов без подразделения их на ветви, то базовый гаплотип для всего дерева (рис. 1) будет следующий:

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

Все 76 гаплотипов содержат 317 мутаций от данного предкового гаплотипа, что дает в среднем 0.245 мутаций на маркер, и соответствует 3525 лет до общего предка популяции. Это – величина предварительная, так как получена при усреднении гаплотипов всех ветвей, хотя ветви различались по численности гаплотипов,

И теперь, после рассмотрения всех семи ветвей дерева, после выявления базовых гаплотипов для каждой ветви и определения времени жизни общего предка для каждой ветви, у нас есть все необходимое, чтобы рассчитать время жизни общего предка по базовым гаплотипам его потомков. Это метод принципиально более правильный, так как устраняет неопределенность с представительство разных ветвей на дереве гаплотипов (Клёсов, 2009).

Выписываем все семь базовых гаплотипов ветвей, определенные в настоящей работе:

14-11-13-14-30-**24**-11-14-14-14-10-10-19-14-17-**21**-12 – 1325 лет назад
14-11-13-14-30-**22**-11-14-14-14-10-10-19-14-17-**22**-12 – 2500 лет
14-11-13-**13-29**-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-**22**-12 – 3375 лет
15-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-**13**-17-**22**-12 – 2775 лет
14-11-13-14-**31**-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-**22**-12 – 3050 лет
14-11-13-14-30-23-**10**-14-14-14-**11**-10-19-14-17-**21**-12 – 750 лет
14-11-**14**-14-30-23-**10**-14-**13**-14-10-10-**20**-14-17-**21**-12 – 1400 лет

Гаплотип первопродка следующий:

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

Он точно такой же, как был определен выше по всему дереву, без деления на ветви.

Все семь базовых гаплотипов имеют суммарно 15 мутаций (выделены на матрице гаплотипов выше), что дает 1675 лет в древность от базовых гаплотипов. В этом отличие этого подхода от обычного, при котором в матрице находятся гаплотипы современников. Здесь – уже древние гаплотипы. Усредненный возраст девяти базовых гаплотипов, приведенных выше, составляет примерно 2200 лет. Итого получаем, что первопродок жил $1675+2200 = 3875$ лет назад. Эта величина близка к 3525 лет, полученной при рассмотрении всех 76 гаплотипов 17-маркерной выборки.

Итак, примерно 3700 ± 200 лет назад жил общий предок славянских угрофинских носителей N1c гаплотипов. От него пошли семь генеалогических линий, базовые гаплотипы которых приведены выше. Все они разные, и каждый мог соответствовать патриарху отдельного славянского племени. Какие у тех племен были названия, и были ли они – мы пока не знаем. Но то, что эти племена реально существовали – это вполне вероятно. Не исключено, что приведенные в начале статьи названия славянских родов могут быть поставлены в соответствие найденным базовым гаплотипам. Пока у нас нет к этому данных, но могут помочь изучения ископаемых гаплотипов, или специальные и направленные популяционные исследования.

Литература

Клёсов, А.А. (2009) Гаплотипы восточных славян: девять племен? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, № 2, 232-251.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. I. Basic Principles and the Method. J. Genet. Geneal. , Vol. 5 (in the press)

Roewer, L., Willuweit, S., Krüger, C., Nagy, M., Rychkov, S., Morozowa, I., Naumova, O., Schneider, Y., Zhukova, O. Stoneking, M., Nasidze, I. (2008) Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high diversities but non-significant genetic distances between populations. Int. J. Legal Medicine, 122(3), 219-23.

Гаплотипы Иберии и анализ истории популяций басков, сефардов и других групп Испании и Португалии

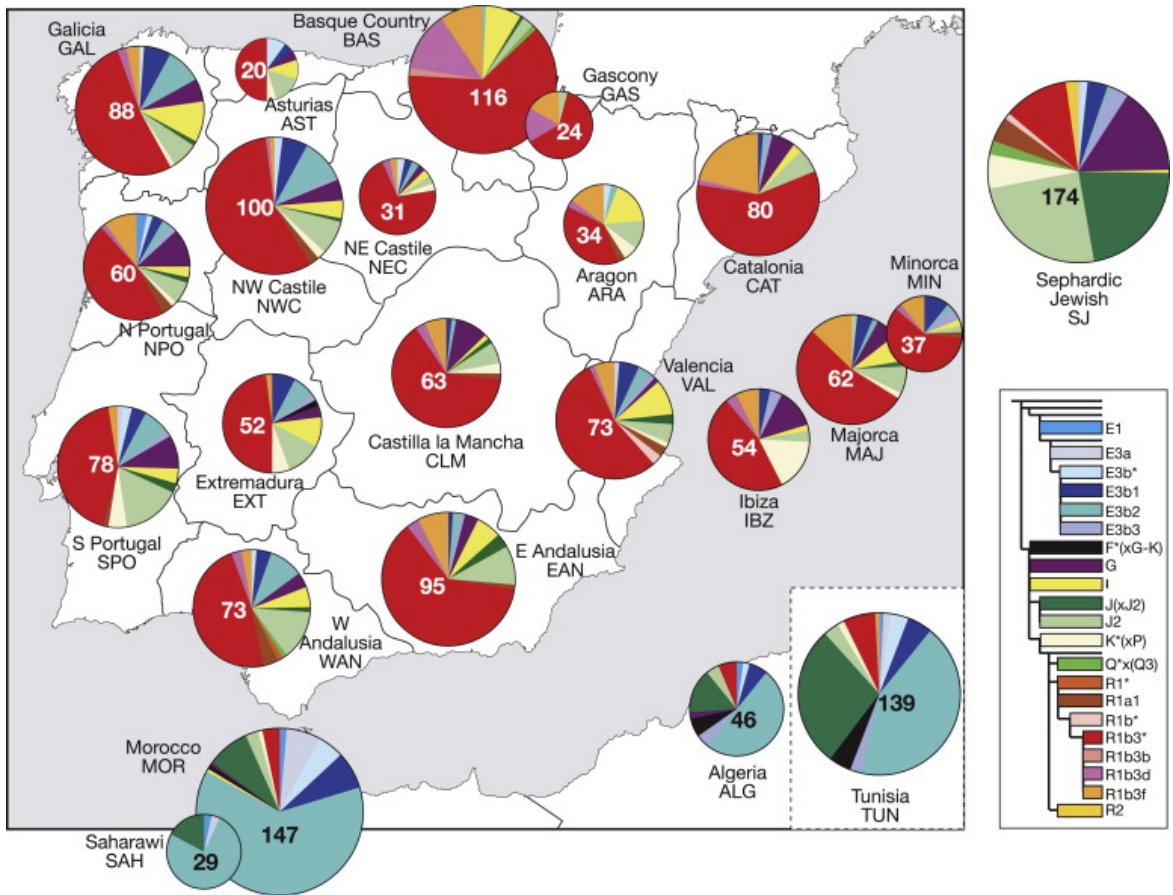
Анатолий А. Клёсов

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

В конце 2008 года вышла статья, которая сразу вызвала шквал дискуссий. В ней были опубликованы долгожданные данные по гаплотипам жителей Страны Басков, на северо-западе Иберийского полуострова, в количестве 116 гаплотипов, а также 24 гаплотипа соседней Гаскони, плюс 80 гаплотипов Каталонии, 73 гаплотипа Валенсии и 95 гаплотипов Восточной Андалузии на востоке полуострова, 88 гаплотипов Галиции на западе, а всего 1140 19-маркерных гаплотипов, и еще 174 восьми-маркерных гаплотипов евреев-сефардов из тех же мест. Известный обозреватель-аналитик Диенекес Понтикос завершил свое рассмотрение статьи как Bottom line: great data, subpar interpretation. То есть – «итог: замечательные данные, неважная интерпретация».

С точки зрения времен жизни общих предков популяций данные не рассматривались. Иначе говоря, все исторические отнесения в статье делались из «общих соображений». Это, конечно, «неважная интерпретация».

Рассмотрим гаплотипы, опубликованные в приложении к статье. При этом не будем увлекаться распределением гаплогрупп по территориям Иберийского полуострова, это – вторичный вопрос. Эти гаплогруппы в немалой степени перемешались по всему полуострову, в чем сейчас и убедимся. А где не перемешались – это специально отметим.



(из работы Adams et al, 2008)

Гаплогруппы Иберийского полуострова

Какие же это гаплогруппы? Это -

- E с подгруппами - 120 гаплотипов из 1140, то есть 10.5%. Эту гаплогруппу с подгруппами авторы статьи называют «североафриканской». В ее составе подгруппы E1, E3a, E3b*, E3b1, E3b2 и E3b3.
- F* - один гаплотип
- G - 57 гаплотипов, то есть 5.0%
- I (без деления на подгруппы, что странно) - 67 гаплотипов (5.9%)
- J1 [фактически, авторы дали как J(xJ2)] - 14 (1.2%)
- J2 - 88 (7.7%)

- K(xP) – 28 (2.5%)
- Q(xQ3) – два гаплотипа
- R1* - один гаплотип
- R1b* - два гаплотипа
- R1a1 – 14 (1.2%)
- R1b3 с подгруппами – 750 гаплотипов из 1140, то есть 66% от всех. Из них больше всего R1b3* - 625, то есть 84% от всех R1b3.

По территориям, больше всего гаплогруппы R1b3 у гасконцев – 23 из 24, то есть 96%, и у басков – 101 из 116, то есть 87%. Это – две соседние территории (см. карту выше). Впрочем, значительное преобладание этой гаплогруппы характерно для севера Иберии. Например, в Каталонии, на северо-востоке, ее 65 из 75, то есть опять 87%. Ниже к югу, в Валенсии, их уже 45 из 73, то есть 62%, хотя еще южнее, в Восточной Андалузии, их 69 из 98, то есть 70%. Зато в Южной Португалии – всего 36 из 78, то есть 46%

Перейдем к гаплотипам

Гаплогруппа R1a1

Начнем с этой совершенно второстепенной гаплогруппы (1.2%) в Иберии, для того, чтобы сверить возраст ее предка в Испании-Португалии с возрастом предка по Европе в целом. Напомним, что в Европе возраст предка R1a1, не считая Балкан – в среднем 4525 лет, и варьируется от 4200 в Чехии-Словакии и в Скандинавии до 4825 лет в России-Украине (Клёсов, 2008a).

Иберия не принесла никаких сюрпризов. Дерево гаплотипов совершенно обычное для гаплогруппы R1a1, древних ветвей нет. Базовый гаплотип (в формате DYS 19-388-391¹-391²-390-391-392-393-434-435-436-437-438-439-460-461-462-385a-385b)

15-12-13-17-25-11-11-13-11-11-12-14-11-10-11-11-11-11-14

Этот гаплотип отличается всего на одну мутацию от базового гаплотипа R1a1 в Англии:

15-12-13-17-25-**10**-11-13-X-X-12-14-11-10-11-X-X-11-14

и в Норвегии и Швеции

16-12-13-17-25-11-11-13-X-X-12-14-11-10-11-X-X-11-14

и на две мутации - от базового гаплотипа в Германии, России и вообще в Центральной Европе

16-12-13-17-25-10-11-13-X-X-12-14-11-10-11-X-X-11-14

Здесь буквами X обозначены аллели маркеров, которые не входят в обычные 67 маркеров в формате FTDNA.

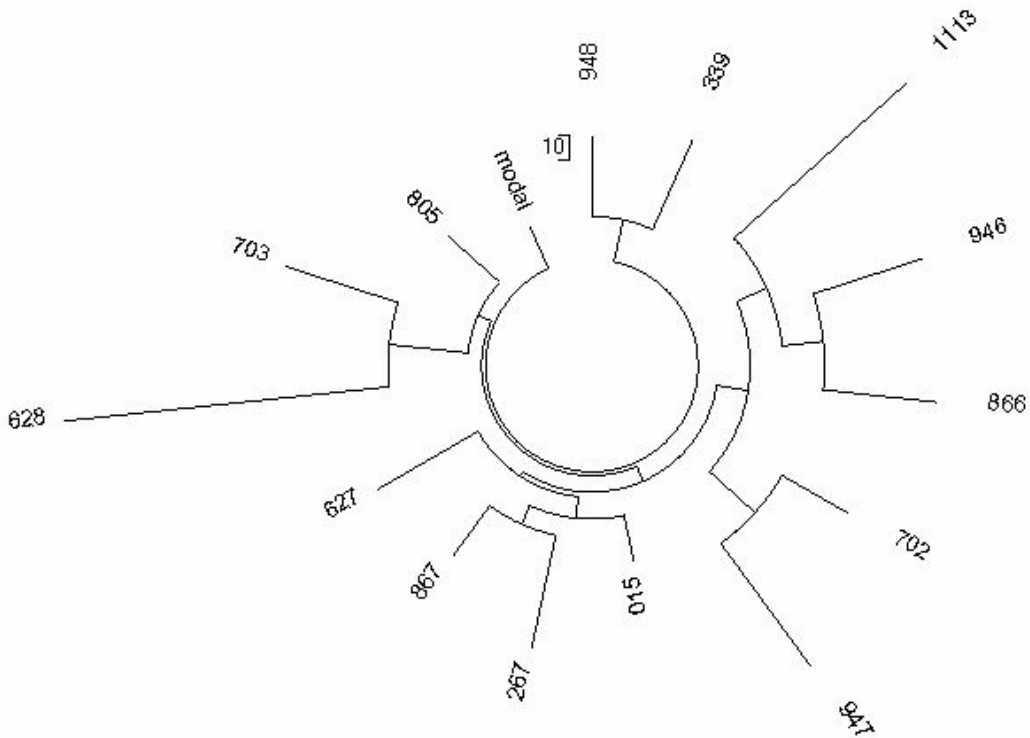


Рис. 1. Дерево 14 гаплотипов гаплогруппы R1a1 Пиренейского полуострова (гаплотипы разбросаны по территориям Западной Андалузии [3 гаплотипа], Северной Португалии [2], Северо-Западной Кастилии [2], Валенсии [2], и пяти других территорий - по одному гаплотипу).

Для того, чтобы рассчитать время жизни общего предка по столь необычным 19-маркерным гаплотипам, необходимо откалибровать скорости мутаций по какому-либо известному стандарту. Для этого мы использовали 88 гаплотипов семейства Мак-Доналдов по методике, описанной в (Клёсов, 2008b). Во всех 88 19-маркерных гаплотипах было 63 мутации от базового гаплотипа. Зная, что общий предок семейства Мак-Доналдов жил 26 поколений назад (умер в 1386 году), имеем $63/19/88/26 = 0.0015$ мутаций на маркер на поколение, или 0.0285 мутаций на гаплотип на поколение.

Поскольку на все 14 гаплотипов иберийских R1a1 приходится 59 мутаций, то общий предок всех 14 человек по разным территориям Иберии жил 4350 лет назад ($59/14/19/0.0015 = 148$ поколений, с табличной поправкой на возвратные мутации – 174 поколения до общего предка, или 4350 лет назад). Это – совершенно типичное число для европейских гаплотипов R1a1. Таким образом, носители R1a1 появились в Иберии или в ходе распространения этой гаплогруппы по Европе в середине 3-го тысячелетия до н.э., или позже, но уже группой, поскольку это – условие переноса не только гаплотипов, но и времени жизни общего предка на новую территорию.

Гаплогруппа R1b

Дерево гаплогруппы приведено на рис. 2 с одной целью – показать, что дерево довольно равномерное, симметричное, и не содержит древних, резко выделяющихся ветвей. Все ветви примерно одинаковой длины. Это всё означает, что дерево гаплотипов происходит от относительно недавнего предка, который жил не ранее, чем 4-5 тысяч лет назад. О том, чтобы он жил 10-15 тысяч лет назад, речи быть не может, не говоря о 30 тысяч лет назад.

Проверим это.

Базовый гаплотип имеет вид:

14-12-13-16-24-11-13-13-11-11-12-15-12-12-11-12-11-11-14

Этот гаплотип идентичен «классическому» Атлантическому модальному гаплотипу (AMH)

14-12-13-16-24-11-13-13--X--X--Y-15-12-12-11-X--X--11-14

в котором знаками X обозначены аллели маркеров, не входящие в 67-маркерные гаплотипы, а Y – маркер *DYS436*, который не определен для АМН. Такой же гаплотип имеет базовый (предковый) гаплотип субклада U152 (R1b1c10), который образовался 4375 лет назад, и базовый гаплотип гаплогруппы R1b1b2, который образовался 4450 лет назад (Клёсов, 2008с).

Таким образом, иберийские гаплотипы R1b действительно имеют относительно недавнее происхождение.

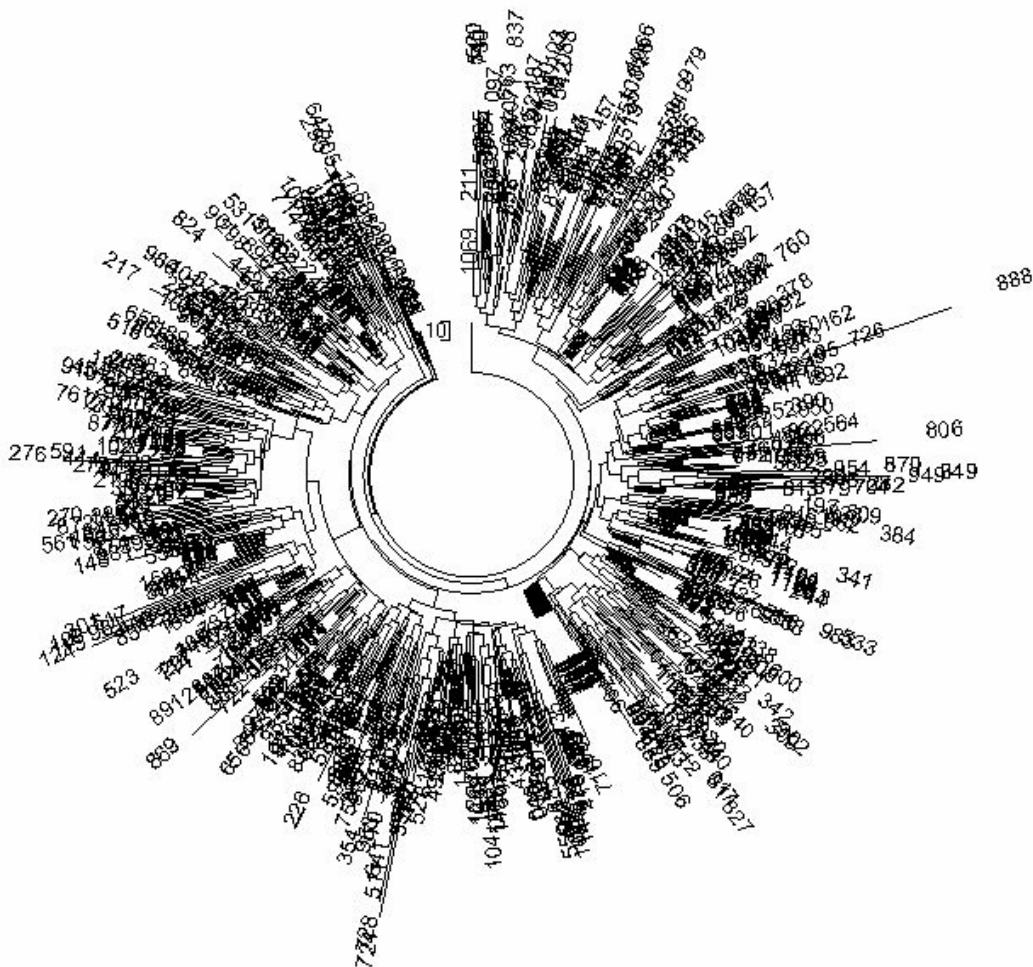


Рис. 2. Дерево 750 гаплотипов гаплогруппы R1b (с подгруппами) Пиренейского полуострова (гаплотипы разбросаны по всем 18 территориям).

Все 750 иберийских гаплотипов имеют 2796 мутаций, причем мутации действительно симметричны (степень асимметрии 0.56, как показано при детальном анализе этих гаплотипов в работе Адамова и Клёсова в этом выпуске Вестника). Это приводит к тому, что общий предок всех 750 гаплотипов жил 3625 лет назад.

В недавней работе (Klyosov, 2009) с использованием 25-маркерных гаплотипов басков было найдено, что их общий предок жил 3600 лет назад. Совпадение практически полное.

На наличие только одного общего предка для всей серии из 750 гаплотипов указывают и результаты логарифмического теста (Клёмов, 2008). Во всех 750 гаплотипах – 19 базовых, приведенных выше. Можно рассчитать, сколько времени понадобится, чтобы среди 750 гаплотипов осталось 16 предковых при скорости мутации 0.0285 мутаций на гаплотип на поколение (см. выше). Это количество поколений равно $\ln(750/16)/0.0285 = 135$, и с поправкой на возвратные мутации – 156 поколений, то есть 3900 лет. Это – всего на 7.6% отклоняется от величины 3625 лет, рассчитанной по мутациям, и свидетельствует в пользу одного общего предка.

Интересно, что столь молодая гаплогруппа, возраст которой еще меньше, чем в целом по Европе (примерно 4500 лет) стала доминирующей на Иберийском полуострове, включая две трети от общего количества гаплотипов, и практически все на севере полуострова – 96% в Гасконии и 87% в Стране Басков. Остальные, намного более древние гаплотипы, стали минорными по количеству. По градиенту гаплогруппы можно полагать, что это было нашествие носителей R1b с севера. Гаплотипы оккупантов имели общего предка примерно 4500 лет назад, но линии выродились, и общий предок сместился к 3600 лет назад, продолжая иметь центрально-европейский Атлантический модалный гаплотип.

Гаплогруппа G

Эта гаплогруппа – относительно минорная в Иберии. Она почти равномерно распределяется по 14 территориям полуострова из 18, отсутствуя лишь в Арагоне, Стране Басков, Гасконии, и на о. Минорка (заметно присутствуя на островах Ибица и Майорка). Всего гаплотипов G 57 из 1140, то есть 5% от всех. Но это – древний род в Иберии.

На рис. 3 приведено дерево гаплотипов этой гаплогруппы.

Видно, что дерево гаплотипов состоит из двух ветвей, каждая из которых отходит от «ствола» на своей отдельной «ножке». Это – малая ветвь слева

наверху на рис. 3 (между гаплотипами 576 и 420) из 13 гаплотипов, и вся остальная часть из 46 гаплотипов. Их базовые (предковые) гаплотипы 15-12-12-17-23-10-11-14-11-11-12-16-10-11-11-11-12-14-14 (малая ветвь), и 15-12-12-17-22-10-11-14-11-11-12-16-10-12-10-11-12-14-15 (большая ветвь)

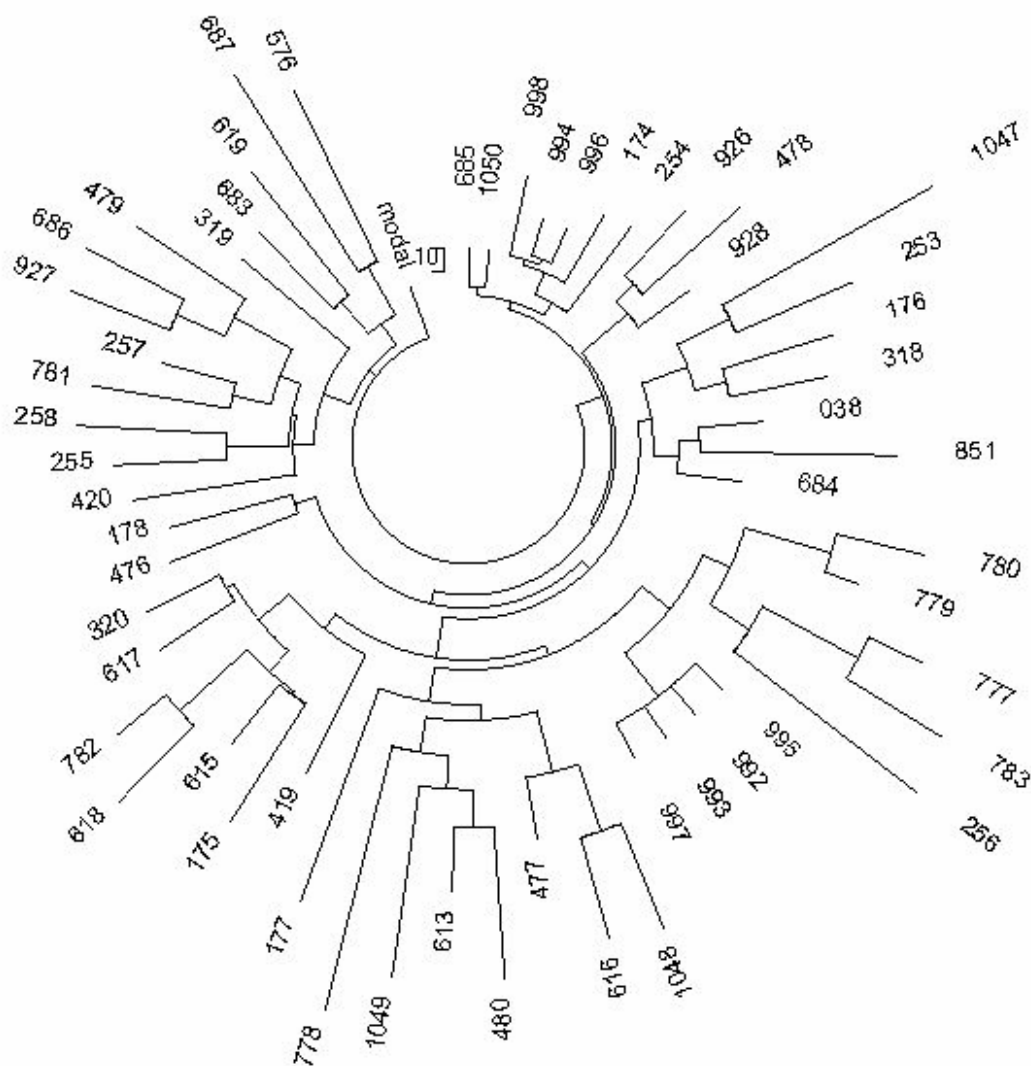


Рис. 3. Дерево 56 гаплотипов гаплогруппы G Пиренейского полуострова (гаплотипы разбросаны по 14 территориям из 18). Гаплотип 614 был неверно типирован в статье и снят.

различаются на четыре мутации (отмечено), что и разводит гаплотипы на две разные ветви. Малая ветвь содержит 62 мутации на 13 гаплотипов, то есть в среднем 0.251 мутаций на маркер, что дает 5025 лет до общего предка ветви. Большая ветвь содержит 238 мутаций на 46 гаплотипов, то есть 0.291 мутаций на маркер, или 6000 лет до общего предка. Четыре мутации между ними разводят эти две ветви на 4075 лет эволюционного развития, и определяет ИХ общего предка на $(5025+6000+4075)/2 = 7600$ лет назад (округленно).

Истоки гаплогруппы G относят на Кавказ или в Западный Иран, что в общем один и тот же регион. Оттуда гаплогруппа G могла попасть через Малую Азию на Балканы и далее в Иберию. Возраст общего предка гаплогруппы G в Болгарии – около семи тысяч лет, что не противоречит этому миграционному пути. Возможно, две выявленные ветви и отражают разные времена прибытия двух групп мигрантов, происходящих от одного общего предка в Прикаспии.

Гаплогруппа E

Эта гаплогруппа присутствует в Иберии в виде шести подгрупп – E1, E3a, E3b*, E3b1, E3b2 и E3b3, включающих 120 гаплотипов. Из них E1 представлена только двумя гаплотипами (гаплотипы 604 и 605 на рис. 4 справа), E3a – тремя гаплотипами (764, 842 и 1042), E3b* – 11 гаплотипов, E3b1 – 43 гаплотипа, E3b2 – 50 гаплотипов, и E3b3 – 11 гаплотипов.

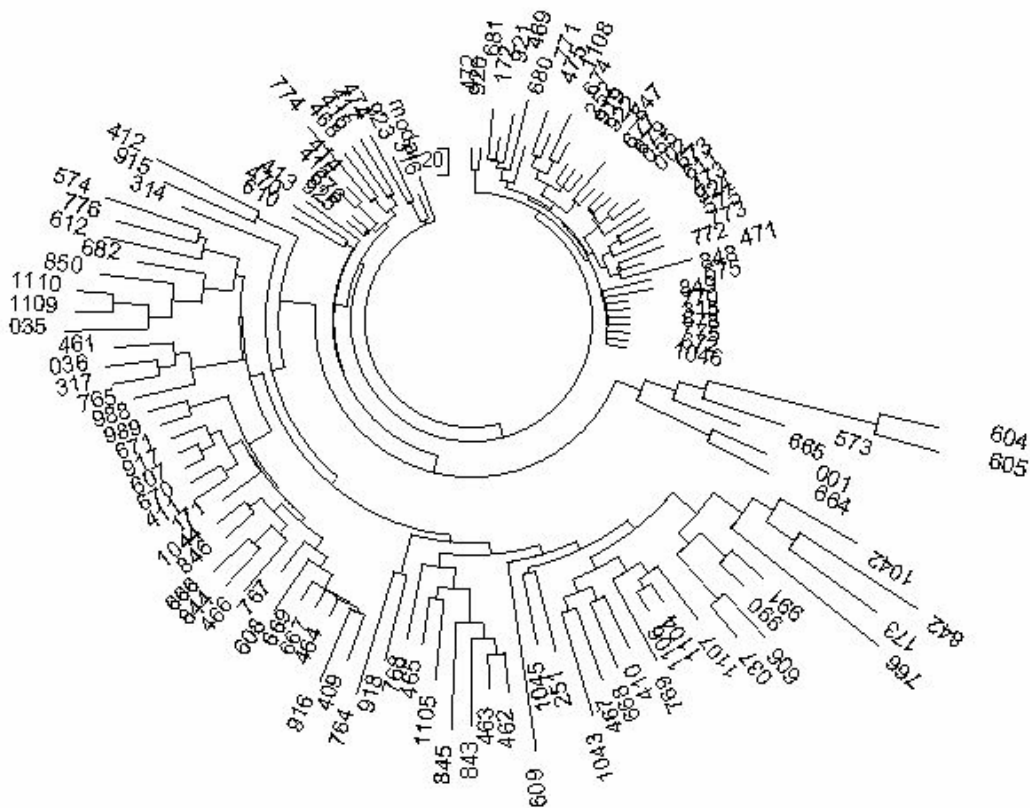


Рис. 4. Дерево 120 гаплотипов гаплогруппы E Пиренейского полуострова, с подгруппами. Пара 604-605 справа - гаплотипы гаплогруппы E1. Гаплогруппы E3a (764, 842 и 1042) не образуют единую ветвь, как не образуют ее 11 гаплотипов группы E3b* (четыре гаплотипа образуют кластер в правой части, номера 001, 573, 664 и 665)

E1

Два гаплотипа группы E1 различаются всего на три мутации, и являются относительно близкими родственниками, имея общего предка примерно 1500 лет назад, в середине первого тысячелетия нашей эры. Его условный гаплотип

17-12-12-17-22-9-12-13-11-12-12-15(16)-10(11)-13-10-13-12-14(15)-16

E3a

Три гаплотипа E3a имеют условный базовый гаплотип

16-12-13-18-21-11-11-14-11-11-12-14-11-11-11-13-12-17-17

В этих трех гаплотипах десять мутаций от базового, что может указывать на дистанцию в 3325 лет до общего предка. Маркеры, в которых мутаций нет, выделены жирным шрифтом. Их – 10 из 19, что также указывает на не слишком древнего общего для трех данных гаплотипов предка.

На дереве три гаплотипа занимают разные места, но на одной широкой ветви, большинство гаплотипов которой относятся к гаплогруппе E3b1 (внизу и слева на рис. 4).

*E3b**

11 гаплотипов группы E3b* имеют базовый гаплотип

13-12-13-17-24-10-11-13-11-11-12-14-10-12-10-13-12-16-17

На все 11 гаплотипов приходится 91 мутация, что дает 10,125 лет до общего предка.

На дереве гаплотипов четыре гаплотипа группы E3b* образуют совершенно отдельную ветвь с двумя гаплогруппами E1 (справа на рис. 4, гаплотипы 001, 573, 664 и 665). Остальные семь гаплотипов разбросаны по краям широкой ветви гаплогруппы E3b1.

E3b1

Это – одна из наиболее многочисленных подгрупп в гаплогруппе E иберийских гаплотипов. На дереве гаплотипов гаплогруппы E ветвь E3b1 располагается в левой и нижней части (рис. 4). Ее базовый гаплотип

13-12-13-17-24 -10-11-13-11-11-12-14-10-12-10-12-12-16-18

Все 43 гаплотипа содержат 199 мутаций, что дает 4825 лет до общего предка.

E3b2

50 гаплотипов этой гаплогруппы располагаются в верхней части дерева на рис. 4. По виду ветви уже видно, что ветвь молодая по сравнению с гаплотипами E3b1. Базовый гаплотип ветви

13-12-14-16-24 -9-11-13-11-11-12-14-10-10-11-13-12-13-14

Все 50 гаплотипов содержат 84 мутации, что дает 1575 лет до общего предка, который жил в 5-м веке нашей эры.

E3b3

10 гаплотипов группы E3b3 имеют базовый гаплотип

13-12-13-18-24-10-11-13-11-11-12-14-10-12-10-12-11-15-17

На все 11 гаплотипов приходится 64 мутации, что дает 6400 лет до общего предка.

Расчет времени жизни общего предка гаплогруппы E3b

Три базовых гаплотипа групп E3b1, E3b2 и E3b3 имеют следующий вид:

13-12-13-17-24 -10-11-13-11-11-12-14-10-12-10-12-12-16-18

13-12-14-16-24 -9-11-13-11-11-12-14-10-10-11-13-12-13-14

13-12-13-18-24-10-11-13-11-11-12-14-10-12-10-12-11-15-17

Предковый гаплотип E3b таким образом мог быть таким:

13-12-13-17-24-10-11-13-11-11-12-14-10-11-10-12-12-16-17

Он всего лишь на одну мутацию отличается от базового E3b* гаплотипа (см. выше), так что подход в целом правильный. Показанные три базовых гаплотипа отличаются от предкового гаплотипа на 18 мутаций, то есть их общий предок жил на 6650 лет раньше, чем их усредненные времена до настоящего времени (4300 лет), то есть примерно 10,950 лет назад. Счет по

малому количеству гаплотипов (см. выше) дал 10,125 лет назад для времени жизни общего предка. Разница – всего 7.5%.

Итак, общий предок гаплогруппы E3b жил примерно 11 тысяч лет назад, а генеалогические линии его потомков в Иберии имеют возраст 4825 лет (E3b1), 1575 лет (E3b2) и 6400 лет (E3b3). Для сравнения, древний предок гаплогруппы E3b (современное обозначение E1b1b) в еврейской среде жил 6800 лет назад (Klyosov, 2008), и имел следующий базовый гаплотип в данном 19-маркерном варианте

13-12-13-17-24-10-11-13-11-11-12-14-10-12-11-X-X-16-18

Он отличается от предкового иберийского гаплотипа всего на три мутации на 19-маркерном гаплотипе, и определенно происходит от того же общего предка, от которого происходят иберийские гаплотипы данной гаплогруппы.

Гаплогруппа I

В работе приведены 67 гаплотипов гаплогруппы I, распределенные по всем территориям, кроме Гаскони. Удивительно, что не было типирования по подгруппам I1 и I2, но это должно проявиться при построении дерева гаплотипов и при его анализе, поскольку обе эти подгруппы должны уйти в разные ветви.

Действительно, дерево гаплотипов показало две отдельные ветви гаплотипов I (рис. 5), из которых одна ветвь из 22 гаплотипов достаточно однородная и относительно молодая (справа вверху), и вторая, из 45 гаплотипов, в свою очередь состояла из трех подветвей, сходящих к одному общему предку (слева и внизу).

Базовый гаплотип правой верхней ветви имеет вид

16-13-13-15-23-10-11-13-11-11-12-15-10-11-10-11-12-12-12

Во всех 22 гаплотипах имеется 98 мутаций, что дает 4625 лет до общего предка.

маркер; это дает 1550 лет до общего предка, 5-й век нашей эры. У этого предкового гаплотипа характерная особенность – аллели 12-12 в паре маркеров DYS 385a,b. Это – необычно для гаплотипов гаплогруппы I в Европе. Такая же пара – у ветви наверху справа на том же дереве

16-13-13-15-23-10-11-13-11-11-12-15-10-11-10-11-12-12-12

(две последние аллели в гаплотипе), предок которой жил 4625 лет назад. Но данная молодая ветвь не происходит от старой, у них – отдельный общий предок, который жил примерно 7100 лет назад. На это указывает разница в 7 мутаций между двумя базовыми гаплотипами, и возраст самих базовых гаплотипов. Можно полагать, что эта необычная пара 12-12 на последних двух маркерах произошла от древнего предкового гаплотипа, скорее всего гаплогруппы I2, в Европе малоизвестного. Возможно, иберийского изолята древней европейской гаплогруппы I2.

Средний базовый гаплотип относится к средней подветви слева на дереве на рис. 5. Ветвь – древняя, о чем свидетельствует среднее число мутаций 0.358 на маркер. Это – 7800 лет от общего предка. Две последних аллели 15-15 хорошо известны, и относятся к древним гаплотипам гаплогруппы I2, с общим предком старше 10 тысяч лет (см. ниже).

Нижний базовый гаплотип относится к нижней правой ветви на дереве гаплотипов. Среднее число мутаций 0.173, возраст общего предка 3250 лет.

Можно заключить, все четыре ветви на дереве иберийских гаплотипов гаплогруппы I – это фрагменты генеалогических линий, ведущих от древнего предка, но не напрямую, а после прохождений каждой бутылочного горлышка популяции. Говоря иначе – продукты генетического (скорее, мутационного) дрейфа. Время жизни их общего предка можно рассчитать, выписав все четыре гаплотипа, и определив ИХ предковый гаплотип:

17-13-14-15-25-9-11-13-11-11-12-15-10-12-10-12-12-12-12
15-13-13-17-23-10-12-14-11-11-12-15-10-11-11-12-12-15-15
14-14-12-16-23-10-11-13-11-11-12-16-10-11-10-12-12-13-15
16-13-13-15-23-10-11-13-11-11-12-15-10-11-10-11-12-12-12

Они все имеют следующий предковый гаплотип:

15-13-13-16-23-10-11(12)-13-11-11-12-15-10-11-10-12-12-13(15)-15

Все четыре базовых гаплотипа имеют 29 мутаций, что помещает ИХ общего предка на 12800 лет назад.

Идентифицированный предковый гаплотип очень схож с древним предковым гаплотипом гаплогруппы I2 из Восточной Европы (Польша, Украина, Белоруссия, Россия), который в данном 19-маркерном формате имеет вид:

15-13-13-16-23-10-12-13-X-X-X-14-X-11-X-X-X-15-15

и предок жил 10800 лет назад, то есть с разницей всего на две тысячи лет.

Итак, около 13 тысяч лет назад носители гаплогруппы I2, возможно, жили на Пиренейском полуострове, и были старейшей гаплогруппой по сравнению с гаплогруппой E (11 тысяч лет назад) и G (7600 лет назад). Гаплогруппа I2 расщепилась на несколько ветвей, имеющих потомков в настоящее время, со временем жизни общих предков от 7800 до 1550 лет назад.

Гаплогруппа J2

Эта гаплогруппа по численности на Пиренеях занимает третье место после R1b и E (с подгруппами). На рис. 6 приведено дерево 88 гаплотипов гаплогруппы J2 Иберии, из которого видны две изолированные друг от друга ветви. Одна ветвь – в верхнем левом углу, из 11 гаплотипов, другая – вся остальная часть дерева, сидящая на одной «ножке» общего предка – из 77 гаплотипов.

Базовый гаплотип малой ветви

15-15-13-16-23-10-11-12-11-11-12-15-9-11-10-13-11-13-15

На все 11 гаплотипов ветви приходится 67 мутаций, что соответствует 5075 лет до общего предка.

Остальная широкая ветвь дерева на рис. 6 имеет 609 мутаций на 77 гаплотипов, что соответствует 7000 лет до общего предка с гаплотипом

14-15-13-16-23-10-11-12-11-11-12-15-9-11-10-13-11-13-16

Расчеты показывают, что гаплотип малой ветви, с 5075 лет до общего предка, является дочерним гаплотипом большой ветви.

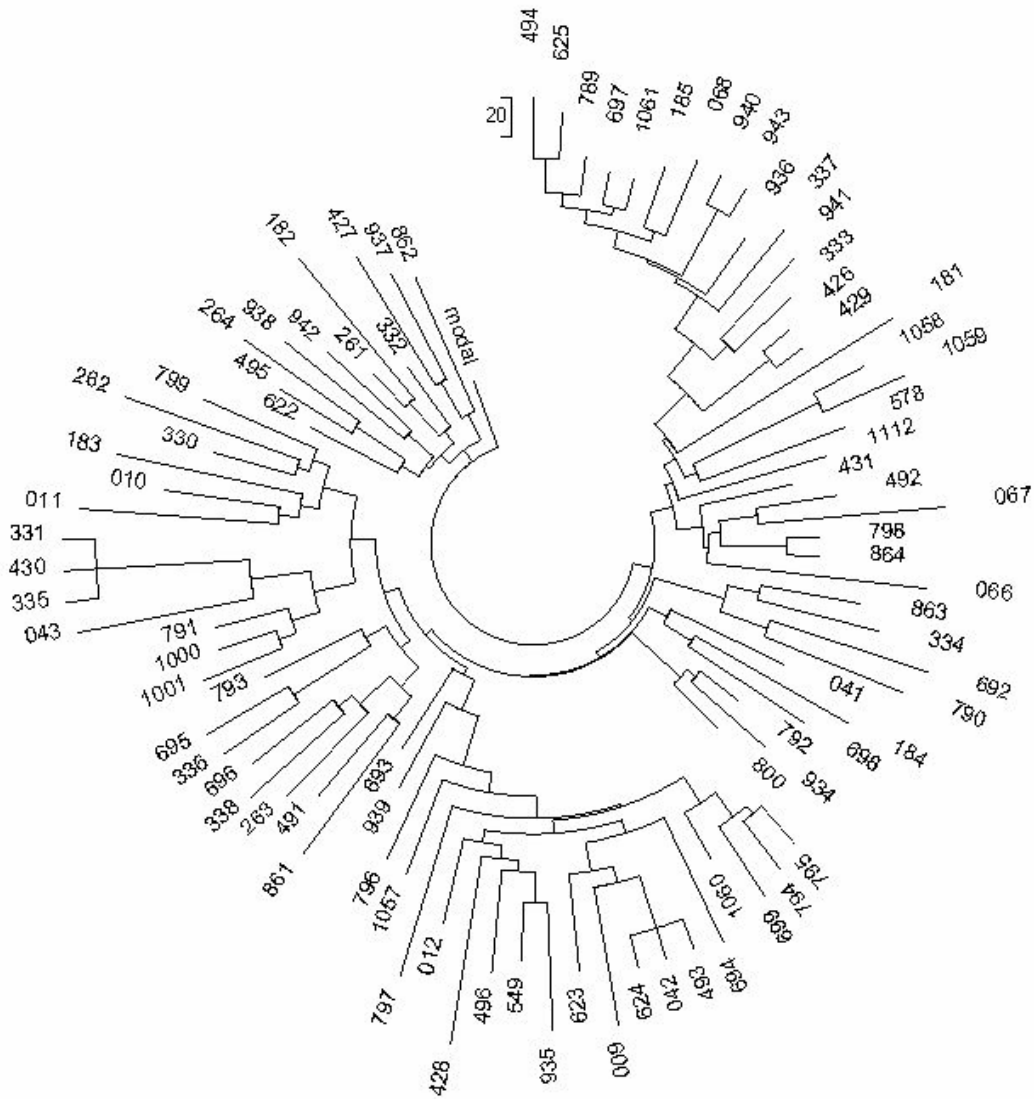


Рис. 6. Дерево 88 гаплотипов гаплогруппы J2 Пиренейского полуострова

Этот гаплотип близок к предковому гаплотипу еврейских J2 гаплотипов с возрастом 6000 лет (Klyosov, 2008).

15-15-13-16-23-10-11-12-X-X-X-15-9-12-10-X-X-14-16

Ясно, что евреев как таковых 6 тысяч лет назад не было, но этот гаплотип был получен экстраполяцией современных гаплотипов евреев гаплогруппы J2 к временам их общего предка. Ни на какие другие еврейские предковые гаплотипы гаплогруппы J2 этот гаплотип не похож. Это, скорее, древний гаплотип гаплогруппы J2 Северной Месопотамии, который мигрировал на запад, чтобы появиться на Пиренейском полуострове 7 тысяч лет назад.

Гаплогруппа J1

Эта гаплогруппа типировалась в цитируемой работе как J(xJ2), то есть гаплогруппа J за исключением J2. С некоторой натяжкой это можно считать гаплогруппой J1 с подгруппами. В Иберии их мало, всего 14 гаплотипов, чуть больше 1% от всех гаплотипов на полуострове. Но даже при таком малом количестве они предоставляют крайне интересную информацию.

Дерево гаплотипов на рис. 7 показывает одну определенно древнюю ветвь из 8 гаплотипов справа в нижней части дерева, небольшую ветвь из трех гаплотипов в верхней левой части, и остальные три гаплотипа, которые условно можно засчитать за ветвь.

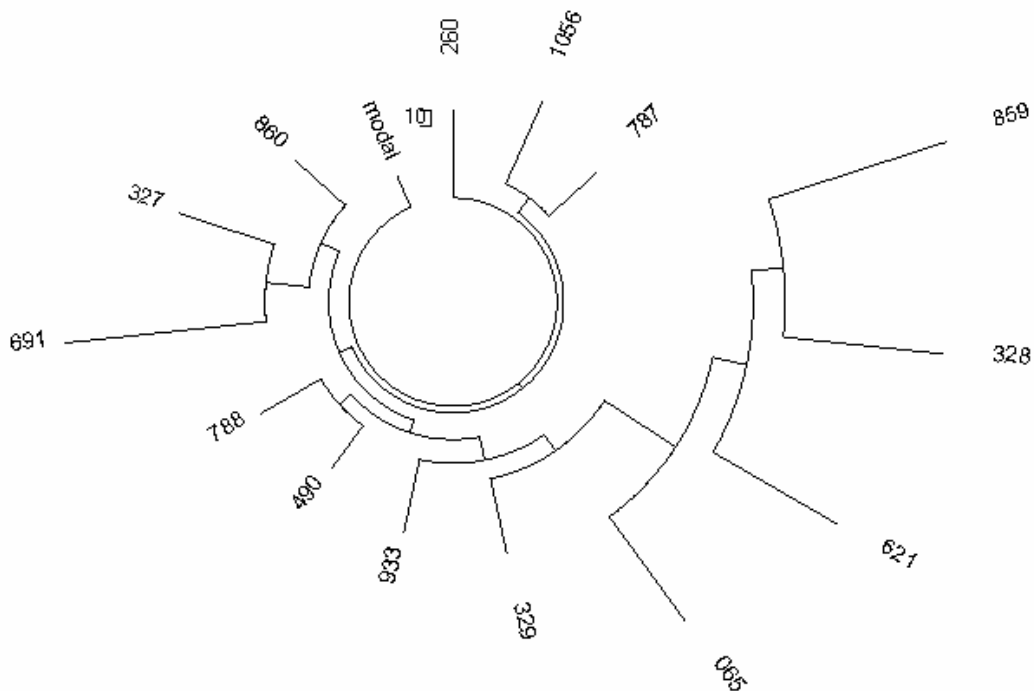


Рис. 7. Дерево 14 гаплотипов гаплогруппы J1 Пиренейского полуострова

Древняя ветвь из 8 гаплотипов (справа внизу) имеет базовый гаплотип

14-16-14-16-23-10-11-12-11-11-12-14-10-11-11-11-11-12-16(17)

Это – древний вариант «модального гаплотипа коэнов», и в 6-маркерном варианте он выглядит так (соответствующие аллели выделены)

14-16-23-10-11-12

На все гаплотипы приходится 63 мутации, что дает 9450 лет до общего предка. Это примерно соответствует независимым данным, что общий предок «модального гаплотипа коэнов» жил на Аравийском полуострове 9 тысяч лет назад (Klyosov, 2009).

Малая ветвь в правой верхней части дерева, состоящая из трех гаплотипов, имеет следующий базовый гаплотип

14-16-13-18-23-10-11-12-11-11-12-14-10-12-11-12-11-13-17

Это – опять «модальный гаплотип коэнов», только в другом варианте. Видимо, это «классический» еврейский «гаплотип коэнов», который я ранее классифицировал как «старый гаплотип коэнов» (Klyosov, 2008). Помимо последовательности 14-16-23-10-11-12, он имеет «стандартную» пару 13-18 (или 13-31 в другом формате) DYS 389-1 и 389-2, и «стандартную» пару 13-17 в DYS 385a,b (последние две аллели в гаплотипе выше). На все три гаплотипа приходится 7 мутаций, что дает 2250 лет до общего предка. Это – конец первого тысячелетия до н.э., что совпадает с оценками по совершенно другой серии гаплотипов, а именно еврейского происхождения (Klyosov, 2008).

Последняя условная ветвь (справа вверху на рис. 7) имеет 11 мутаций на три маркера, что дает 3700 лет до общего предка. Базовый гаплотип – следующий

14-15-12-18-23-10-11-12-11-11-12-14-10-12-11-11-11-12-17

Расчеты показывают, что все ветви дерева гаплотипов на рис. 7 имеют в качестве родительской широкую ветвь с предком, который жил примерно 9500 лет назад, и имел «модальный гаплотип коэнов».

Гаплогруппа К(xP)

Из 28 гаплотипов К(xP) данной гаплогруппы, девять почти одинаковых собраны на острове Ибица. Они образуют отдельную ветвь на дереве гаплотипов справа вверху (рис. 8), с базовым гаплотипом

14-12-14-16-23-11-13-13-11-11-12-14-9-11-10-11-12-17-17

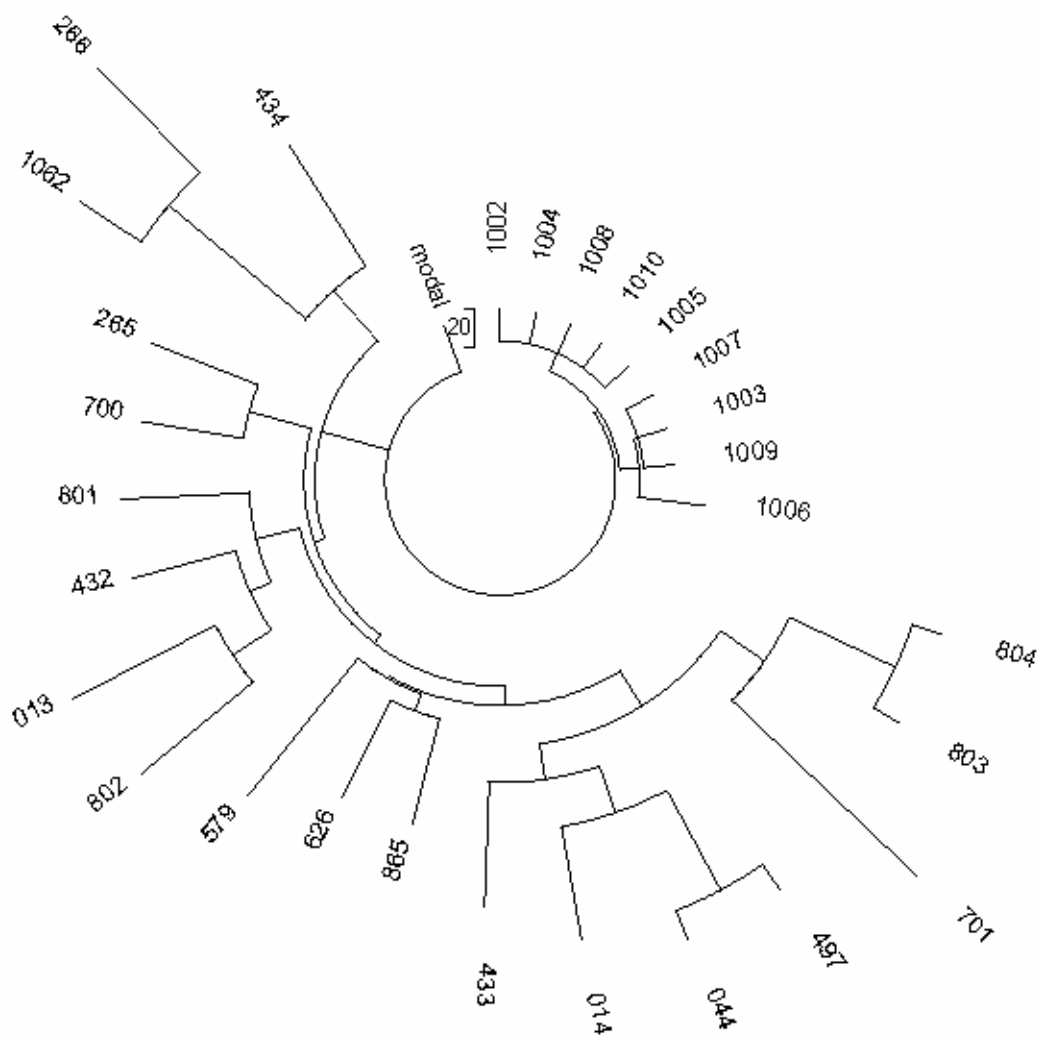


Рис. 8. Дерево 28 гаплотипов гаплогруппы К(хР) Пиренейского полуострова

На все девять гаплотипов приходится всего пять мутаций, что дает 475 лет до общего предка. Явно, что эти девять человек представляли одно семейство.

Остальная широкая ветвь имеет базовый гаплотип
14-12-13-16-23-10-13-13-11-11-12-14-9-11-10-11-12-14-16

На 19 гаплотипов приходится 145 мутаций, что дает 9100 лет до общего предка.

Расчеты показывают, что гаплотипы на о. Ибица являются производными от древнего базового гаплотипа, показанного выше.

* * *

Гаплотипы гаплогрупп Q и F были найдены в единичных экземплярах, и расчет их общих предков невозможен.

Данные настоящей работы суммированы в Таблице.

Времена жизни общих предков на Пиренейском полуострове, и их базовые 17-маркерные гаплотипы (в формате DYS 19-388-391¹-391²-390-391-392-393-434-435-436-437-438-439-460-461-462-385a-385b). В первой колонке указан процентный состав от 1140 гаплотипов по 18 регионам Иберии

Гаплогруппа (%)	Базовый (предковый) гаплотип	Временная дистанция до общего предка, лет
R1b3 (66%)	14-12-13-16-24-11-13-13-11-11-12-15-12-12-11-12-11-11-14	3625
E3a (0.3%)	16-12-13-18-21-11-11-14-11-11-12-14-11-11-11-13-12-17-17	~ 3300
E3b* (1%)	13-12-13-17-24-10-11-13-11-11-12-14-10-12-10-13-12-16-17	10,125
E3b1 (3.8%)	13-12-13-17-24 -10-11-13-11-11-12-14-10-12-10-12-12-16-18	4825
E3b2 (4.4%)	13-12-14-16-24 -9-11-13-11-11-12-14-10-10-11-13-12-13-14	1575
E3b3 (1%)	13-12-13-18-24-10-11-13-11-11-12-14-10-12-10-12-11-15-17	6400
J2 (7.7%)	14-15-13-16-23-10-11-12-11-11-12-15-9-11-10-13-	7000

	11-13-16	
	15-15-13-16-23-10-11-12-11-11-12-15-9-11-10-13-11-13-15	5075 (дочерняя ветвь)
I2 (5.9%)	15-13-13-16-23-10-11(12)-13-11-11-12-15-10-11-10-12-12-13(15)-15	12,800
	15-13-13-17-23-10-12-14-11-11-12-15-10-11-11-12-12-15-15	7800
	16-13-13-15-23-10-11-13-11-11-12-15-10-11-10-11-12-12-12	4625
	14-14-12-16-23-10-11-13-11-11-12-16-10-11-10-12-12-13-15	3250
	17-13-14-15-25-9-11-13-11-11-12-15-10-12-10-12-12-12-12	1550
G (5.0%)	15-12-12-17-22-10-11-14-11-11-12-16-10-12-10-11-12-14-15	7600
	15-12-12-17-22-10-11-14-11-11-12-16-10-12-10-11-12-14-15	6000
	15-12-12-17-23-10-11-14-11-11-12-16-10-11-11-11-12-14-14	5025
K(xP) (2.5%)	14-12-13-16-23-10-13-13-11-11-12-14-9-11-10-11-12-14-16	9100
	14-12-14-16-23-11-13-13-11-11-12-14-9-11-10-11-12-17-17	475 (дочерняя ветвь)
R1a1 (1.2%)	15-12-13-17-25-11-11-13-11-11-12-14-11-10-11-11-11-11-14	4350
J1 (1.2%)	14-16-14-16-23-10-11-12-11-11-12-14-10-11-11-11-11-12-16(17)	9450
	14-15-12-18-23-10-11-12-11-11-12-14-10-12-11-11-11-12-17	3700 (дочерняя ветвь)

	14-16-13-18-23-10-11-12-11-11-12-14-10-12-11-12-11-13-17	2250 (дочерняя ветвь)
--	--	-----------------------------

Гаплотипы сефардов Пиренейского полуострова

В той же статье Adams et al (2008) приведены 172 восьми-маркерных гаплотипа сефардов, в формате DYS 19, 388, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393. Калибровка скоростей мутаций данных маркеров привела к величине средней скорости мутаций 0.013 мутаций на гаплотип на поколение, то есть 0.00163 мутаций на маркер на поколение.

Общая картина дерева гаплотипов иберийских сефардов приведена на рис. 9.

Гаплогруппа G

Дерево гаплотипов гаплогруппы G показано на рис. 10. Видно, что дерево содержит несколько генеалогических линий, или ветвей, совсем молодых (в отношении их общего предка), как в верхней части рисунка, так и древних, как многоступенчатая ветвь справа. Тем не менее, дерево показывает наличие одного общего предка, поскольку нет ветвей независимых. Все они отходят от одной «ножки», не считая совсем молодых отдельных гаплотипов в верхней части дерева.

К анализу подобных деревьев можно применить два подхода. Один – это просуммировать все мутации, вычислить среднюю величину мутаций на маркер, и, сделав поправку на возвратные мутации, рассчитать время жизни общего предка, как описано в (Клёсов, 2008). Технически, это можно делать, так как общий предок один. На самом деле это будет сопряжено с немалой ошибкой, так как размеры ветвей разные, и большие ветви будут довлеть при расчетах.

Второй путь – это провести расчеты по каждой ветви отдельно, определить для каждой базовый гаплотип, и по совокупности полученных базовых

гаплотипов «промежуточных» предков, вычислить гаплотип первопредка и время его жизни.

Проиллюстрируем оба подхода.

При первом варианте базовый (предковый) гаплотип

15-12-12-17-22-10-11-14

Все 25 гаплотипов содержат 54 мутации, что дает 0.270 мутаций на маркер, и соответственно 4950 лет до общего предка. Можно ожидать, что при таком расчете мы занижаем возраст общего предка, так как смешиваем «молодые» гаплотипы с «древними» в соответствующей пропорции.

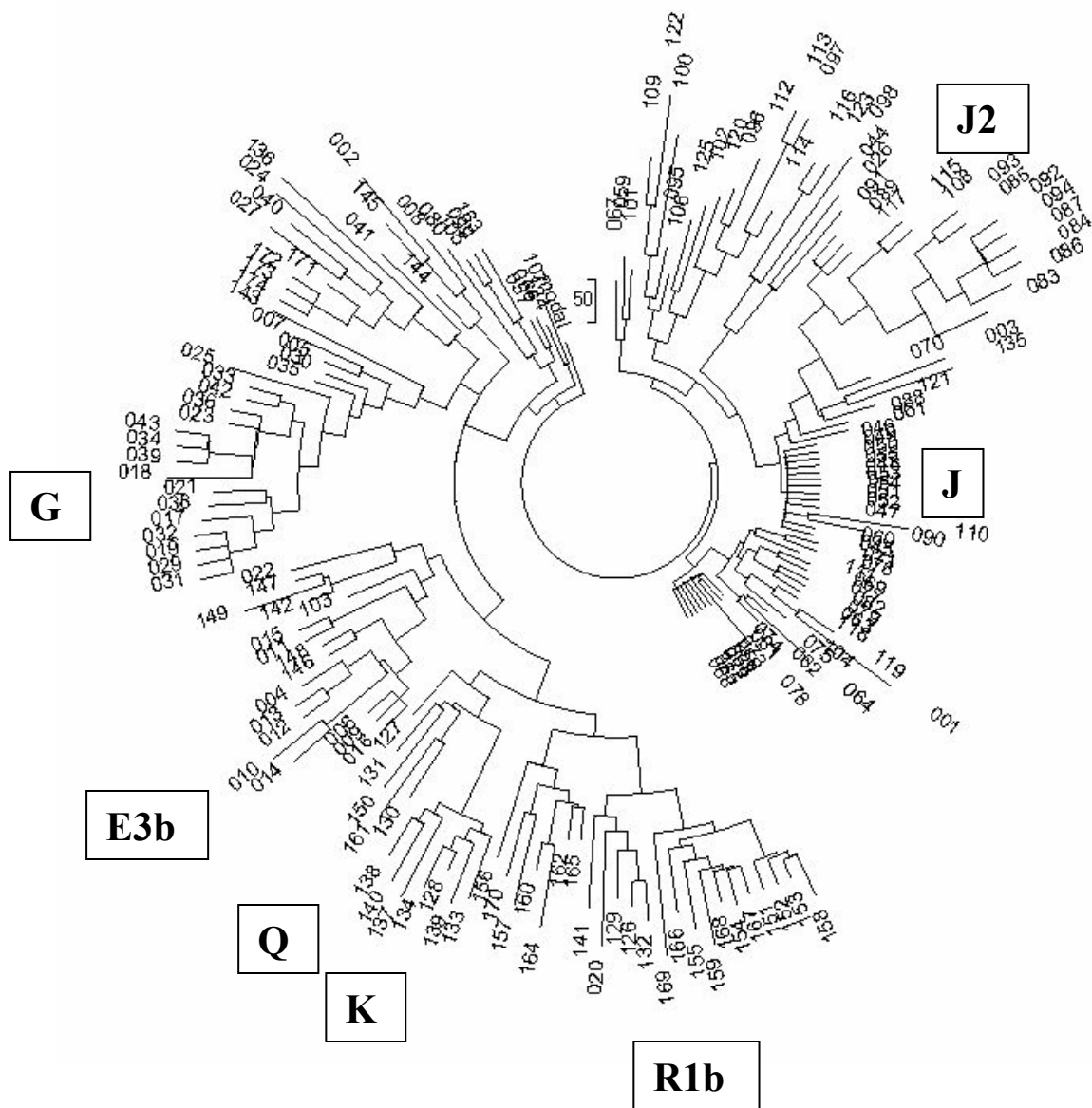


Рис. 9. Дерево 172 гаплотипов сефардов Пиренейского полуострова.

При втором варианте расчета выделяем четыре основные ветви – справа наверху (из пяти гаплотипов), справа внизу (из пяти гаплотипов), слева внизу (из восьми гаплотипов), и наверху, из шести самых «молодых» гаплотипов.



Рис. 10. Дерево 25 гаплотипов гаплогруппы G сефардов Пиренейского полуострова.

Соответствующие базовые гаплотипы этих ветвей следующие:

- 16-12-12-17-23-10-10-14 (5625 лет до общего предка)
- 16-12-12-16-22-10-11-14 (375 лет до общего предка)
- 15-12-12-17-22-10-11-13 (3575 лет до общего предка)

15-12-12-17-22-10-11-14 (1350 лет до общего предка)

Все четыре базовых гаплотипа содержат 6 мутаций от их предкового гаплотипа

15(16)-12-12-17-22-10-11-14

Он – тот же самый, что рассчитан из всего дерева (см. выше), и расчет выше позволяет уточнить, что первая аллель в гаплотипе первопредка – 15.

6 мутаций на 4-х гаплотипах соответствуют времени жизни первопредка на 3250 лет глубже от усредненного времени жизни четырех «промежуточных» предков, то есть 2730 лет. Иначе говоря, первопредок жил $3250+2730 = 5980$ лет назад, или, округляя, 6000 лет назад.

Как видно, 6000 лет назад заметно (на 18%) древнее, чем 4950 лет назад, полученные при расчетах без разделения дерева гаплотипов на явные ветви.

6000 лет для сефардов гаплогруппы G – несколько позже, чем 7600 лет назад для гаплогруппы G по всей Иберии, но никто не полагает, что эти две даты должны совпадать.

Гаплогруппа J1

Типирование данной гаплогруппы авторы (Adams et al, 2008) проводили по принципу J(xJ2), то есть гаплогруппа J минус гаплогруппа J2. Это, конечно, вряд ли корректно для глубоких работ, но в первом приближении может подойти. Естественно, выделенные гаплотипы могут оказаться смесью J и J1, но среди сефардов, видимо, будут преобладать не J, но J1.

Дерево гаплотипов показано на рис. 11.

Здесь ясно видны серии одинаковых гаплотипов, что характерно для молодых популяций. Их нельзя считать простым суммированием с древними популяциями, тем более что и ветви дерева на рис. 11 имеют нескольких общих предков.

Слева внизу – длинная серия из 12 «молодых» базовых гаплотипов

14-15-14-17-23-10-11-12

Это – не «модальные гаплотипы коэнов», и отличаются от последних в 6-маркерном формате на одну мутацию (выделено). Их общий предок жил ранее, чем 200 лет назад. Фактически, они – довольно близкие родственники. Три соседние гаплотипа (059, 061 и 070) не ведут свои линии от этого общего предка.

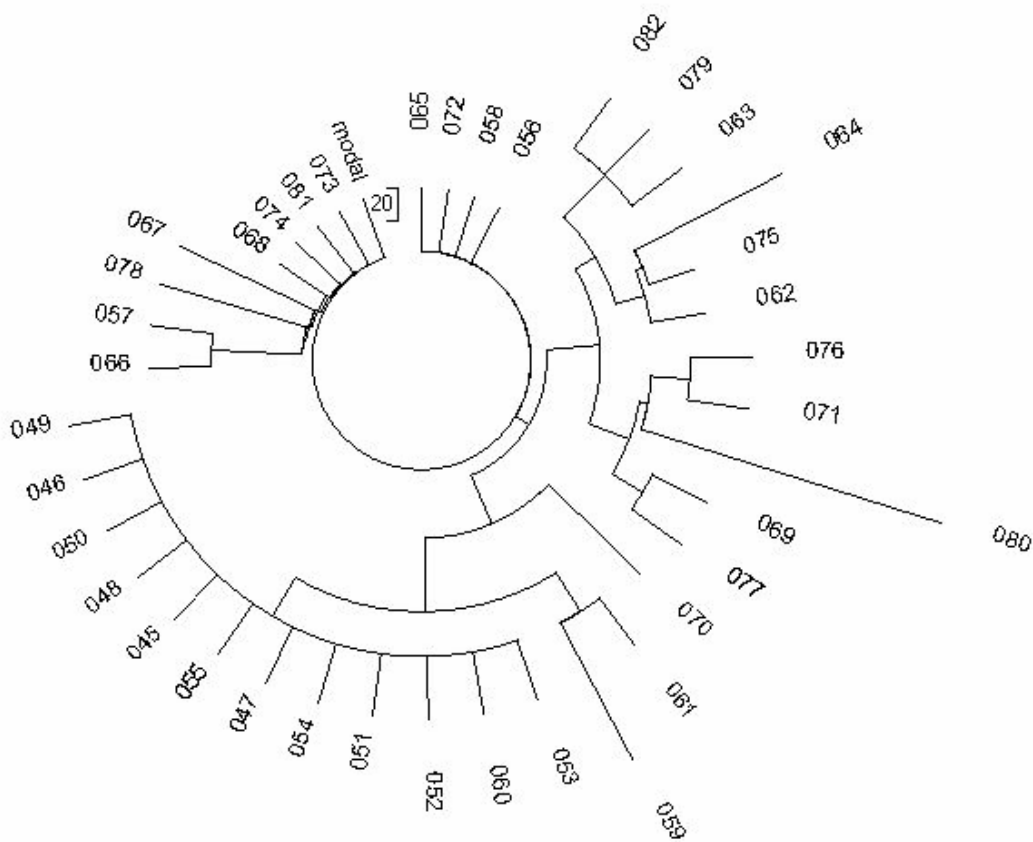


Рис. 11. Дерево 38 гаплотипов гаплогруппы J(xJ2) сефардов Пиренейского полуострова.

Ветвь на вершине дерева из 12 гаплотипов содержит 8 базовых

14-16-13-17-23-10-11-12

Это – «модальные гаплотипы коэнов» в их 6-маркерном формате. В 8-маркерном формате это «недавние модальные гаплотипы коэнов» (Klyosov, 2008). Действительно, расчет показывает, что их общий предок жил

$\ln(12/8)/0.013 = 31$ поколение назад, что соответствует 800 лет (с поправкой на возвратные мутации). Вся серия из 12 гаплотипов содержит 4 мутации, что дает 675 лет до общего предка. Это – приемлемое совпадение, потому что еще одна случайная мутация дала бы 825 лет до общего предка (с поправкой на возвратные мутации).

Наконец, ветвь справа из 11 гаплотипов имеет 28 мутаций, что дает 6025 лет до общего предка с базовым гаплотипом

14-16-13-18-23-10-11-12

Это – «старый модальный гаплотип коэнов», который в данном формате отличается только одной мутацией (отмечено).

Все три базовых гаплотипа

14-15-14-17-23-10-11-12 (<200 лет до общего предка)

14-16-13-17-23-10-11-12 (675-800 лет до общего предка)

14-16-13-18-23-10-11-12 (6025 лет до общего предка)

отличаются от их предкового гаплотипа

14-16-13-18-23-10-11-12

на 4 мутации, что дает 2800 лет вглубь от их усредненного базового гаплотипа с возрастом примерно 2200 лет, или суммарно – примерно 5000 лет до общего предка гаплогруппы J(x)2).

Гаплогруппа J2

Совершенно очевидно, что гаплогруппа J2 у сефардов имеет древнюю историю (рис. 12).

Дерево на рис. 12 можно подразделить на восемь ветвей, со следующими базовыми гаплотипами (по часовой стрелке от верхней ветви; в скобках – число лет до общего предка):

14-14-13-16-23-10-11-12 (2675 лет)

15-16-14-16-24-9-11-12 (4175 лет)

14-15-14-17-23-10-11-12 (3525 лет)

13-15-12-15-24-10-11-12 (1350 лет)

15-15-12-16(17)-24-10(11)-11-12 (3875 лет)
 14-14-13-17-24-10-11-12 (2550 лет)
 16-15-13-16-22-10-12-12 (недавний общий предок)
 17-15-13-16-23-9-11-12 (4525 лет)

Гаплотип первопредка имеет вид

15-15-13-16-23-10-11-12

по отношению к нему «промежуточные» базовые гаплотипы имеют 27 мутаций, что соответствует 8700 лет вглубь от усредненного «промежуточного» предка возрастом 2835 лет. Суммарно, это дает 11,500 лет по первопредка гаплогруппы J2 у сефардов.

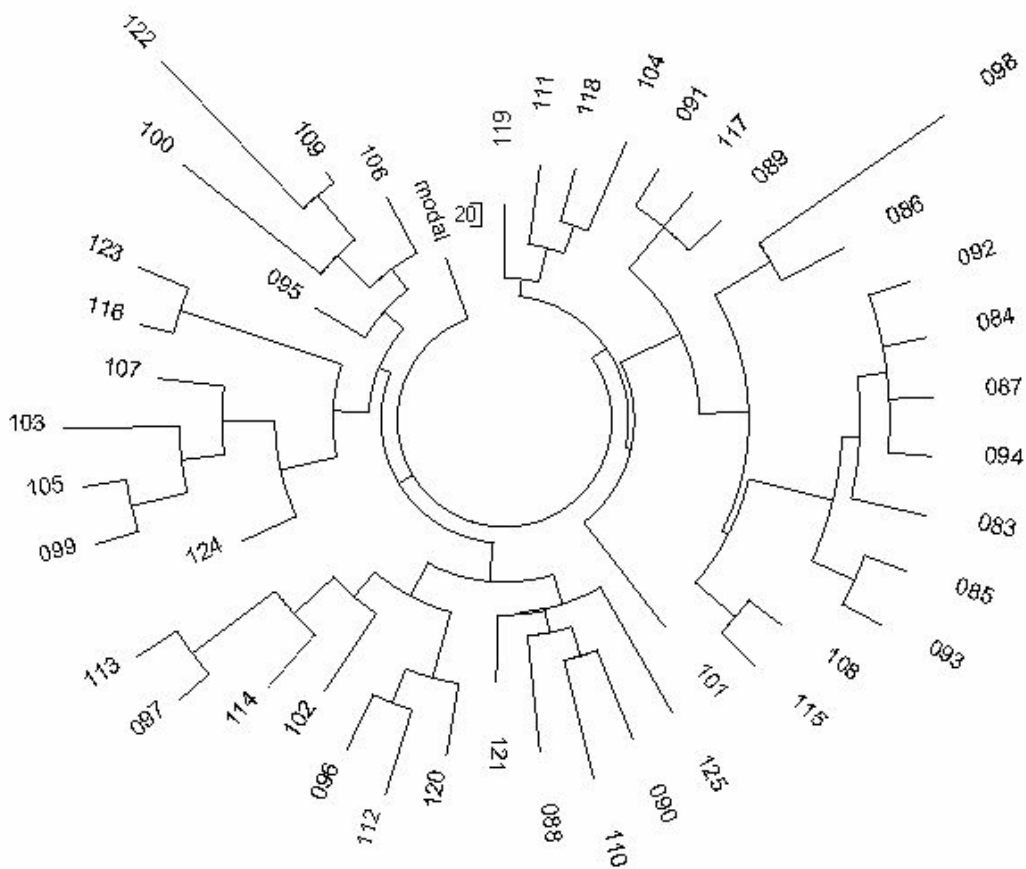


Рис. 12. Дерево 43 гаплотипов гаплогруппы J2 сефардов Пиренейского полуострова.

Литература

Адамов, Д. С., Клёсов, А.А. Практические методы определения возраста больших выборок STR гаплотипов Y-хромосомы. 414-426

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

Клёсов, А.А. (2008b) Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, №2 , 252-348.

Клёсов, А.А. (2008c) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, № 4: 568-629.

Klyosov, A.A. (2008) Origin of the Jews via DNA Genealogy. Proceeding of the Russian Academy of DNA Genealogy, 1, No.1, 54-232.

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. I. Basic Principles and the Method. J. Genet. Geneal. , Vol. 5 (in the press)

Susan M. Adams, Elena Bosch, Patricia L. Balaesque, Stéphane J. Ballereau, Andrew C. Lee, Eduardo Arroyo, Ana M. López-Parra, Mercedes Aler, Marina S. Gisbert Grifo, Maria Brion, Angel Carracedo, João Lavinha, Begoña Martínez-Jarreta, Lluís Quintana-Murci, Antònia Picornell, Misericordia Ramon, Karl Skorecki, Doron M. Behar, Francesc Calafell and Mark A. Jobling (2008) The Genetic Legacy of Religious Diversity and Intolerance: Paternal Lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula. The American Journal of Human Genetics, Volume 83, Issue 6, 725-736.

Практические методы определения возраста больших выборок STR гаплотипов Y-хромосомы.

Д. С. Адамов и А. А. Клёсов

nimissin@mail.ru

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

Методы определения возраста популяций, разработанные авторами в «общей» модели, применены к выборкам с большим количеством STR гаплотипов Y-хромосомы на примере 750 гаплотипов R1b с Пиренейского полуострова (иберийские гаплотипы), 1527 британских и ирландских гаплотипов I1. Описана технология компьютерной обработки большого количества гаплотипов с определением возраста популяции и соответствующих погрешностей определения.

Введение

Авторами была разработана «общая» модель расчета мутаций в гаплотипах Y-хромосомы, учитывающую степень асимметрии мутаций (Адамов и Клёсов, 2009а, 2009б и 2009с). В заключительной части работы (Адамов и Клёсов, 2009с) методика определения возраста была продемонстрирована на относительно небольших по размеру выборках: 65 12-маркерных гаплотипах R1a1 постсоветского региона, 44 12-маркерных гаплотипах басков (гаплогруппа R1b1b2) и 170 9-маркерных гаплотипах якутов (гаплогруппа N1c1).

Происходящий в настоящее время процесс непрерывного накопления данных по различным популяциям homo sapiens требует разработки и совершенствования компьютерных методов обработки больших массивов

гаплотипов. Авторы на примерах 750 иберийских 19-маркерных гаплотипов R1b и 1527 британских и ирландских 25-маркерных гаплотипов I1 демонстрируют технологию и результаты обработки с помощью программы Excel.

Технология обработки

Первоначальная информация о каждом гаплотипе была записана в текстовом формате *.txt. В программе Excel есть возможность импортировать эти данные.

Для выполнения операции импортирования следует использовать панель Data (Данные) в окне Excel, и далее Import Excel Data (Импорт внешних данных) → Import Data (Импортировать данные ...) и далее следовать предлагаемой последовательности программы, выбрав формат исходных данных Fixed width (Фиксированной ширины).

В результате величины аллелей (количество STR повторов) записываются в отдельные ячейки. Небольшое количество ошибок в интерпретации чисел, возникающие по разным причинам (наличие запятых, различная разрядность и т.д.) обнаруживались визуально и поправлялись вручную.

Таблица данных представляет собой матрицу, составленную из N гаплотипов и M маркеров. Каждому столбцу соответствует определенный маркер, количество строк равно количеству анализируемых гаплотипов. Обработка такой таблицы данных производилась следующим образом.

1. Определение предкового гаплотипа.

По каждому маркеру вычислялось среднее по выборке. Для этого используется встроенная функция СРЗНАЧ. Затем полученное среднее округлялось до ближайшего целого числа с помощью функции ОКРУГЛ. Это целое число принималось равным предковому числу тандемных повторов в первом приближении.

Примечание: более точным является прием, когда полученное среднее число при дальнейших расчетах не округляется.

2. Вычисление матрицы наблюдаемых мутаций.

Значение наблюдаемых мутаций в каждом маркере вычислялось путем вычитания из величины наблюдаемой аллели величины предковой аллели:

$$m_{ij} = x_{ij} - x_{0j},$$

где x_{ij} - наблюдаемая аллель в маркере j гаплотипа i ,

x_{0j} - предковая аллель по маркеру j ,

$$1 \leq i \leq N \text{ и } 1 \leq j \leq M.$$

В результате вычислений на листе Excel образуется таблица наблюдаемых мутаций, представляющая из себя матрицу, составленную из N гаплотипов и M маркеров. В каждой ячейке со строкой i и столбцом j содержится величина отклонения наблюдаемой аллели от предковой m_{ij} , т.е. число мутаций. В анализируемых выборках наиболее частым было значение 0.

3. Имеющиеся в программе Excel статистические функции позволяют построить распределение наблюдаемых мутаций (отклонений от предковой аллели) $n_j(m)$ для каждого маркера j из полученной матрицы наблюдаемых мутаций. Авторами была выбрана встроенная функция СЧЕТЕСЛИ, которая позволяет подсчитать, сколько гаплотипов с заданным числом мутаций имеется по выбранному столбцу (т.е. маркеру). В результате применения этой функции к каждому маркеру (столбцу) образуется небольшая матрица, в которой число столбцов соответствует количеству маркеров M (для иберийских гаплотипов 19, для британских/ирландских 25), число строк определяется кратностью наблюдаемых мутаций. Для иберийских гаплотипов наблюдался разброс мутаций от -4 до +4, т.е. было необходимо 9 строк (с учетом предковой аллели), для британских/ирландских - от -6 до +4, что дает 11 строк. Каждый столбец представляет собой распределение мутаций по отдельному маркеру.

4. Производился визуальный анализ распределений наблюдаемых мутаций для проверки правильности определения предкового гаплотипа. Если принималось решение внести поправку в значение предковой аллели, то осуществлялось повторное вычисление матрицы наблюдаемых мутаций, т.е. переходили к исполнению п.2 с новым значением x_{0j} . Выбраковка гаплотипов в программе Excel не производилась.

5. Определение возраста рода методами "общей" модели (Адамов и Клёсов, 2009a, 2009b и 2009c) осуществлялось по суммарному распределению наблюдаемых мутаций:

$$n(m) = \sum_{j=1}^M n_j(m) - \text{ненормированное распределение,}$$

$$p(m) = \frac{1}{M \cdot N} n(m) - \text{нормированное распределение.}$$

Очевидно, что $n(m)$ – распределение мутаций по всем $M \cdot N$ локусам, составляющим анализируемую выборку, и

$$\sum_m n(m) = M \cdot N.$$

Соответственно,

$$\sum_m p(m) = 1.$$

Эти распределения являются исходными данными для дальнейших расчетов возраста популяции по "общей" модели.

Семьсот пятьдесят 19-маркерных иберийских гаплотипов R1b

В таблице 1 приведено распределение мутаций относительно предкового гаплотипа 750 19-маркерных иберийских гаплотипов R1b, приведенных в работе (Adams et al, 2008). Гаплотипы рассматривались в формате DYS 19-388-391¹-391²-390-391-392-393-434-435-436-437-438-439-460-461-462-385a-385b.

Для того, чтобы рассчитать время жизни общего предка по столь необычным 19-маркерным гаплотипам, скорости мутаций были откалиброваны по 88 гаплотипам семейства Мак-Доналдс как описано в работе (Клёсов, 2009), и получены величина 0.0015 мутаций на маркер на поколение, или 0.0285 мутаций на гаплотип на поколение.

Предковый гаплотип приведен в таблице 1 в столбце ПГ и имеет вид:

14-12-13-16-24-11-13-13-11-11-12-15-12-12-11-12-11-11-14

Эта таблица была получена в окне программы Excel (см. п.3 выше), здесь она для удобства восприятия поставлена набок, т.е. столбцы (маркеры) превратились в строки, а строки (распределение мутаций) – в столбцы. В самой нижней строке таблицы 1 – суммарное распределение наблюдаемых мутаций $n(m)$ (см. п.5).

Из таблицы 1 можно определить, что все $750 \times 19 = 14250$ маркеров во всех 750 гаплотипах содержат 2796 мутаций, и тогда среднее наблюдаемое число мутаций на маркер по всей выборке равно

$$\lambda_{набл} = 2796 / 14250 = 0.196.$$

Таблица 1. Распределение отклонений от предкового гаплотипа по 19 маркерам.

М-р	ПГ	-5	-4	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	+4	+5
1	14	0	0	0	6	13	639	81	10	1	0	0
3	12	0	0	0	0	2	733	12	3	0	0	0
4	13	0	0	1	1	54	516	171	7	0	0	0
5	16	0	0	0	2	40	588	103	16	1	0	0
2	24	0	0	0	10	130	538	70	2	0	0	0
6	11	0	0	0	3	237	487	21	2	0	0	0
7	13	0	0	0	2	24	691	31	2	0	0	0
8	13	0	0	4	1	41	648	53	3	0	0	0
9	11	0	0	0	0	3	734	12	1	0	0	0
10	11	0	0	0	0	0	746	4	0	0	0	0
11	12	0	0	1	1	1	743	4	0	0	0	0
12	15	0	0	0	0	213	528	9	0	0	0	0
13	12	0	0	3	3	19	695	29	1	0	0	0
14	12	0	1	0	3	172	425	135	14	0	0	0
15	11	0	0	1	3	266	446	33	1	0	0	0
16	12	0	0	0	2	52	620	71	5	0	0	0
17	11	0	0	0	0	9	708	33	0	0	0	0
18	11	0	0	2	1	18	643	73	10	2	1	0
19	14	0	0	17	8	52	547	106	14	6	0	0
Всего		0	1	29	46	1346	11675	1051	91	10	1	0

Для расчета степени асимметрии берется число единичных мутаций справа (1051) или слева (1346). Соответственно, степень асимметрии равна

$$\varepsilon = 1346 / (1051 + 1346) = 0.562,$$

или

$$\varepsilon = 1051 / (1051 + 1346) = 0.438,$$

В принципе, это одна и та же величина, дополнительная до единицы.

Если бы считали степень мутации по всем мутациям, включая множественные, то получили бы 0.547 и 0.453, соответственно, что практически не влияет на результат расчетов.

Ранее нами было показано, что параметр

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

и есть главный показатель, численно характеризующий степень асимметричности мутаций (Адамов и Клёсов, 2009а). Получаем:

$$a = (2 \cdot 0.562 - 1)^2 = 0.015,$$

и для дальнейших расчетов имеем

$$a_1 = 1 - a^{0.8} = 0.965.$$

Среднее число мутаций на маркер линейным методом (с поправкой на возвратные мутации)

$$\lambda = \frac{0.196}{2} (1 + \exp(0.965 \cdot 0.196)) = 0.217.$$

Для симметричного дерева мутаций ($\varepsilon = 0.5$) мы получили бы 0.218.

Используя приведенную выше величину средней скорости мутации для 19-маркерных гаплотипов 0.0015 на маркер на поколение, получаем возраст популяции 145 поколений, или 3625 лет.

Среднее число мутаций на маркер, определенное квадратичным методом:

$$ASD = 3323/14250 = 0.233$$

на 7.4 % больше, чем по линейному методу. Причины этого частого завышения возраста популяции при расчетах квадратичным методом обсуждалось нами ранее (Адамов и Клёсов, 2009а).

Аппроксимация нормированного на единицу распределения мутаций $p(m)$ (см. п.5 выше) теоретическим (Адамов и Клёсов, 2009а), с параметром асимметрии 0.562, дает среднее число мутаций на маркер 0.208, на 4.1 % меньше линейного метода. График приведен на рис. 1.

Таким образом, анализ выборки разными методами дал похожие результаты:

- линейный метод с поправкой на возвратные мутации 145 поколений (3625 лет),
- квадратичный метод 155 поколений (3875 лет),
- аппроксимация теоретическим распределением 139 поколений (3475 лет).

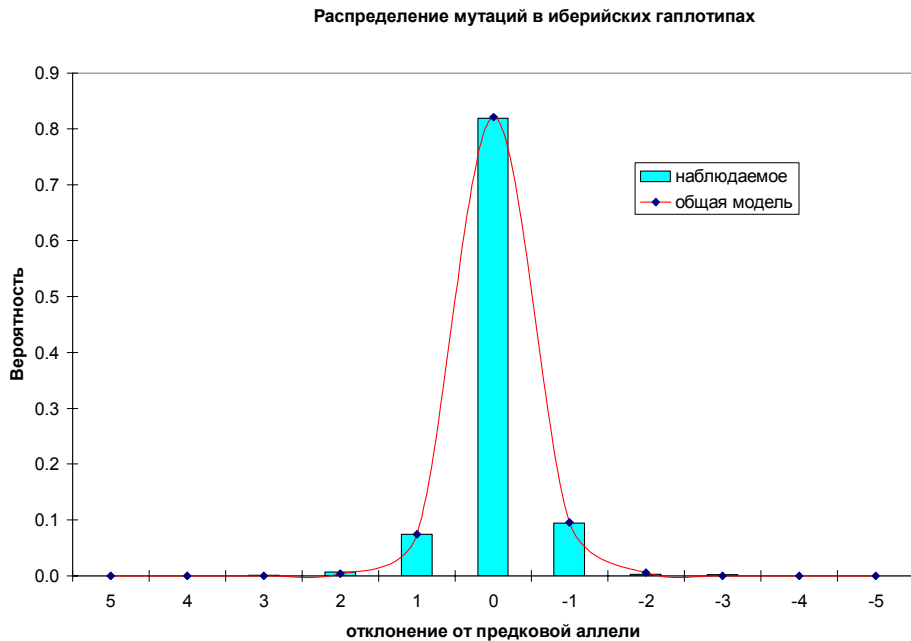


Рис. 1. Распределение мутаций в 750 19-маркерных гаплотипах гаплогруппы R1b1b2 Пиренейского полуострова.

Британские и ирландские гаплотипы I1

Выборка, состоящая из 1527 25-маркерных гаплотипов гаплогруппы I1, была собрана в базе данных YSearch, и включала 857 гаплотипов Англии, 366 гаплотипов Ирландии, и 304 гаплотипа Шотландии, если рассматривать территории, на которых жили наиболее удаленные во времени предки современных носителей гаплотипов.

В таблице 2 приведено распределение мутаций относительно предкового гаплотипа по всей выборке из 1527 25-маркерных гаплотипов.

Предковый гаплотип приведен в таблице 2 в столбце ПГ и имеет вид

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.

в формате FTDNA.

Таблица 2. Распределение отклонений от предкового гаплотипа по 25 маркерам.

М-р	ПГ	-6	-5	-4	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	+4	+5
1	13	0	0	3	0	2	45	1318	132	22	5	0	0
2	22	0	0	0	0	1	19	981	498	26	2	0	0
3	14	0	0	0	0	0	34	1207	264	21	1	0	0
4	10	0	0	0	0	1	21	1410	95	0	0	0	0
5	13	0	0	1	0	3	79	910	490	44	0	0	0
6	14	0	0	0	0	1	135	997	355	38	1	0	0
7	11	0	0	0	0	1	5	1518	3	0	0	0	0
8	14	0	0	1	0	8	25	1357	73	61	2	0	0
9	11	0	0	0	0	0	38	1166	285	35	3	0	0
10	12	0	0	2	0	1	3	1382	134	5	0	0	0
11	11	0	0	2	0	4	7	1478	29	7	0	0	0
12	28	0	0	2	0	3	74	1065	326	51	6	0	0
13	15	0	0	0	5	5	181	972	308	47	6	3	0
14	8	0	0	0	0	2	67	1405	53	0	0	0	0
15	9	0	0	0	0	0	30	1471	26	0	0	0	0
16	8	0	0	0	0	0	2	1510	9	2	4	0	0
17	11	0	0	0	0	1	7	1500	19	0	0	0	0
18	23	0	1	1	3	16	350	1004	144	6	2	0	0
19	16	0	0	0	0	4	70	1432	18	3	0	0	0
20	20	0	0	0	0	6	83	1345	86	1	6	0	0
21	28	1	0	0	7	131	115	637	438	160	37	1	0
22	12	0	0	0	0	2	78	1305	34	102	5	1	0
23	14	0	0	0	1	89	62	1206	165	4	0	0	0
24	15	0	0	0	0	5	279	1051	190	2	0	0	0
25	16	0	0	0	0	6	462	960	93	6	0	0	0
всего		1	1	12	16	292	2271	30587	4257	653	80	5	0

Среднее наблюдаемое число мутаций на маркер по всей выборке

$$\lambda_{\text{набл}} = 8785 / 38175 = 0.230.$$

Параметры асимметрии:

$$\varepsilon = 4257 / (4257 + 2271) = 0.652,$$

$$a = (2 \cdot 0.652 - 1)^2 = 0.109,$$

$$a_1 = 1 - 0.109^{0.8} = 0.830.$$

Среднее число мутаций на маркер линейным методом (с поправкой на возвратные мутации)

$$\lambda = \frac{0.230}{2} (1 + \exp(0.83 \cdot 0.230)) = 0.255,$$

Для 25-маркерных гаплотипов средняя скорость мутаций 0.00183 на маркер на поколение.

Тогда возраст популяции 139 поколений, или 3475 лет.

Среднее число мутаций на маркер по квадратичному методу:

$$ASD = 11291/38175 = 0.296,$$

что на 16.1 % больше, чем по линейному методу.

Видим, как асимметричные "хвосты" распределения, с мутациями, возведенными в квадрат, неоправданно увеличивают возраст популяции.

Аппроксимация нормированного на единицу распределения мутаций $p(m)$ теоретическим, с параметром асимметрии 0.652, дает среднее число мутаций на маркер всего 0.228, на 10.6 % меньше линейного метода. График дан на рис. 2.

Предковые гаплотипы англичан, шотландцев и ирландцев полностью совпадают. Результаты анализа гаплотипов англичан, шотландцев и ирландцев по отдельности приведены в таблице 3:

Таблица 3. Возраст популяций англичан, шотландцев и ирландцев гаплогруппы I1.

Показатель	Вся выборка I1	в том числе выборки		
		английская	ирландская	шотландская
Кол-во гаплотипов	1527	857	366	304
25-маркерные гаплотипы				
$\lambda_{набл}$	0.230	0.227	0.247	0.218
ε	0.652	0.664	0.636	0.637
λ (линейн.)	0.255	0.251	0.277	0.241
T , покол.	139	136	151	131
λ (аппр.)	0.228	0.226	0.248	0.212
ASD	0.296	0.289	0.320	0.284
Маркеры 1-12				
$\lambda_{набл}$	0.216	0.211	0.242	0.196
ε	0.846	0.870	0.812	0.823
λ (линейн.)	0.227	0.220	0.258	0.207
T , покол.	124	120	141	113
ASD	0.244	0.235	0.289	0.214
Маркеры 13-25				
$\lambda_{набл}$	0.243	0.241	0.253	0.238
ε	0.530	0.528	0.527	0.542
λ (линейн.)	0.277	0.274	0.289	0.269
T , покол.	149	148	156	145
ASD	0.333	0.328	0.337	0.341

Обозначения в таблице:

$\lambda_{набл}$ - среднее наблюдаемое число мутаций на маркер,

λ (линейн.) - среднее число мутаций на маркер, определенное по линейному методу с учетом асимметрии мутаций ε ,

T - возраст популяции по линейному методу,

λ (аппр.) – среднее число мутаций на маркер, соответствующее наилучшей аппроксимации теоретическим распределением по методу наименьших квадратов,

ASD – среднее квадратичное отклонение, соответствует среднему числу мутаций на маркер по квадратичному методу.

Из таблицы 3 видно, что существует явное подобие всех трех выборок друг другу. Асимметрия одна и та же. Разница между маркерами 1-12 и маркерами 13-25 одна и та же во всех выборках. Видно, что все три выборки родственны друг к другу. По всем рассчитанным параметрам есть четкие соответствия. Ирландская выборка выглядит немного старше, чем английская и шотландская. Между английской и шотландской выборками практически нет разницы.

Интересно, что возраст гаплогруппы R1b1b2 на Пиренеях (3625 лет) и гаплогруппы I2 на Британских островах (3475 лет) практически совпадают. Это может быть случайное совпадение, или отражать миграции двух разных родов, перемещения которых происходили по одной общей причине – мы пока не знаем.

Распределение мутаций в британских и ирландских гаплотипах

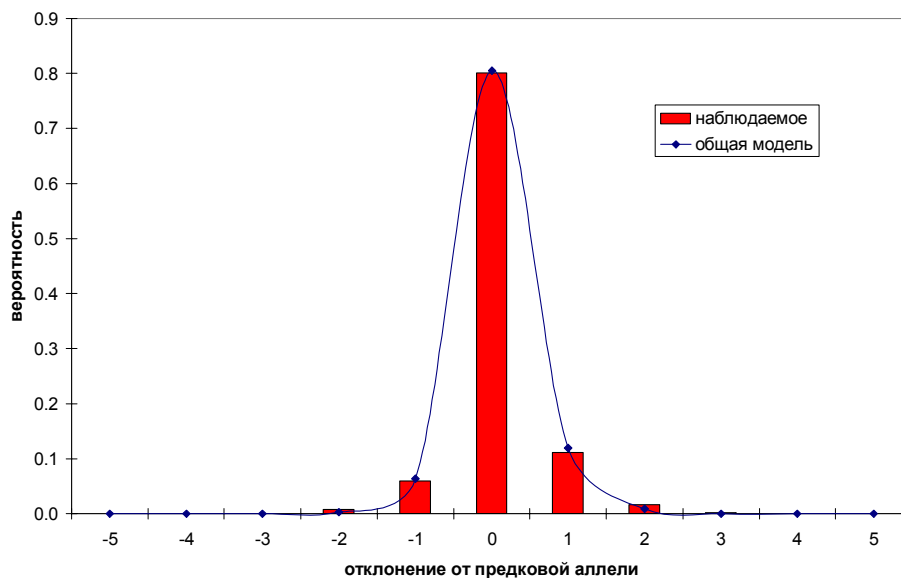


Рис. 2. Распределение мутаций в 1527 25-маркерных гаплотипах гаплогруппы I1 на Британских островах.

Погрешность определения среднего числа мутаций по линейному методу зависит от степени асимметрии ε (Адамов и Клёсов, 2009b):

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

где

$$a_1 = 1 - a^{0.8},$$

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

Если не принимать во внимание погрешности в определении скорости мутаций μ , то статистическая погрешность в определении возраста очень мала:

для "иберийских" гаплотипов (14250 локусов)

$$\frac{\sigma(\lambda)}{\lambda} = 2.0\%,$$

для британских и ирландских гаплотипов I1 (38175 локусов)

$$\frac{\sigma(\lambda)}{\lambda} = 1.1\%.$$

Так ли это? Для проверки справедливости формулы (1) построим апостериорное распределение анализируемых выборок по возрасту T (Walsh, 2001):

$$p(T | n(0), n(1) + n(-1), n(2) + n(-2), \dots, n(m_{\max})) = C [P_{\text{набл}}(0)]^{n(0)} [P_{\text{набл}}(1) + P(-1)]^{n(1)+n(-1)}$$

$$[P_{\text{набл}}(2) + P_{\text{набл}}(-2)]^{n(2)+n(-2)} \dots [P_{\text{набл}}(m_{\max})]^{n(m_{\max})}$$

где $n(m)$ – суммарное распределение наблюдаемых мутаций (см. п.5 выше), m_{\max} – наибольшее по модулю наблюдаемое отклонение от предковой аллели, C – нормировочный множитель.

В дальнейшем будем использовать более краткое обозначение для апостериорного распределения по возрасту:

$$p(T|n(0), n(1) + n(-1), n(2) + n(-2), \dots, n(m_{\max})) \equiv p(T|n(|m|))$$

Теоретическое распределение наблюдаемых мутаций $P_{набл}(\pm k)$ с учетом асимметрии мутаций ε было выведено в работе (Адамов и Клёсов, 2009а):

для $\lambda(+) \geq \lambda(-)$:

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

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

для $\lambda(+) < \lambda(-)$:

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

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

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

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

где

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

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

$\mu(-)$ - скорость мутаций, уменьшающая аллель на 1.

$$\mu = \mu(+) + \mu(-).$$

Для экономии места в дальнейшем будем использовать сокращенное обозначение для теоретических вероятностей:

$$P_{i\dot{a}\dot{a}\dot{\varepsilon}}(k) \equiv P(k)$$

Формула нормированного апостериорного распределения по времени для "иберийской" выборки выглядит весьма сложно:

$$p(T|n(m)) = \frac{[P(0)]^{11675} [P(1) + P(-1)]^{2397} [P(2) + P(-2)]^{137} [P(3) + P(-3)]^{39} [P(4) + P(-4)]^2}{\int_0^{\infty} [P(0)]^{11675} [P(1) + P(-1)]^{2397} [P(2) + P(-2)]^{137} [P(3) + P(-3)]^{39} [P(4) + P(-4)]^2 dT}$$

Тем не менее, программа Excel позволяет рассчитать значения апостериорной вероятности в зависимости от параметра возраста T . При расчетах рекомендуется каждое выражение под степень нормировать на соответствующую вероятность для уже найденного по линейному методу значения возраста выборки. Иначе придется работать с числами порядка 10^{1000} и менее.

Рассчитанная зависимость апостериорной вероятности от возраста для "иберийской" выборки приведена на рис.3:

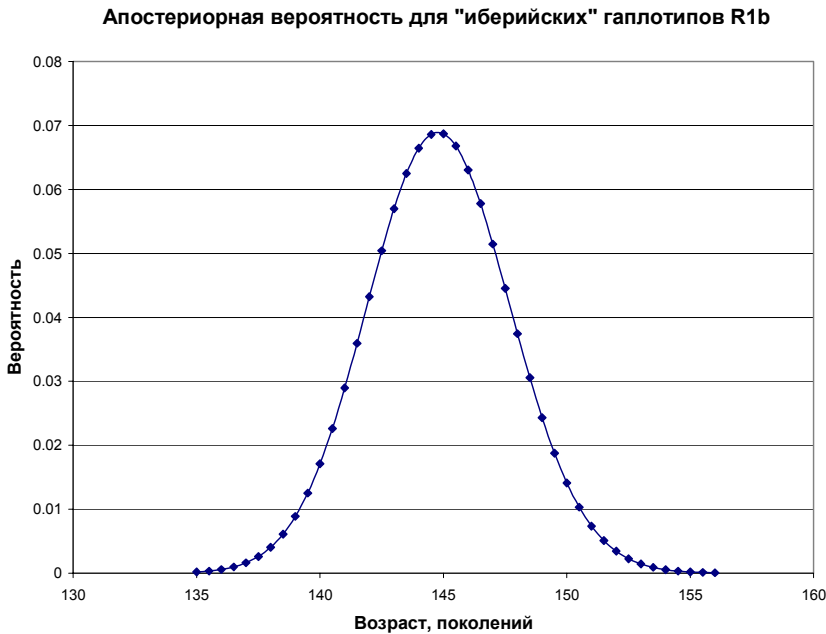


Рис. 3. Апостериорная вероятность в зависимости от возраста для 750 19-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1b2 Пиренейского полуострова.

Распределение на рис.3 имеет ярко выраженный "гауссовский" вид, как и должно быть по центральной предельной теореме. Оно характеризуется следующими параметрами:

Среднее $\bar{T} = 144.8$,
 среднеквадратичное отклонение $\sigma(T) = 2.9$,

Относительная погрешность равна

$$\frac{\sigma(T)}{T} = 2.0\% .$$

Имеем идеальное совпадение с результатами, полученными линейным методом "общей" модели:

Среднее по линейному методу $\bar{T} = 145$, относительная погрешность по формуле (1) 2.0 %.

Апостериорное распределение дает следующие значения возраста для 95 % доверительного интервала:

$$T_{0.025} = 139.0, \text{ или } 3475 \text{ лет,}$$

$$T_{0.975} = 150.4, \text{ или } 3750 \text{ лет.}$$

Для выборки британских и ирландских гаплотипов II формула для расчета нормированного апостериорного распределения выглядит следующим образом:

$$p(T|n(m)) = \frac{[P(0)]^{30587} [P(1) + P(-1)]^{6528} [P(2) + P(-2)]^{945} [P(3) + P(-3)]^{96} [P(4) + P(-4)]^{17}}{\int_0^{\infty} [P(0)]^{30587} [P(1) + P(-1)]^{6528} [P(2) + P(-2)]^{945} [P(3) + P(-3)]^{96} [P(4) + P(-4)]^{17} [P(-5)][P(-6)] dT}$$

Зависимость апостериорной вероятности от возраста для анализируемой выборки приведена на рис.4.

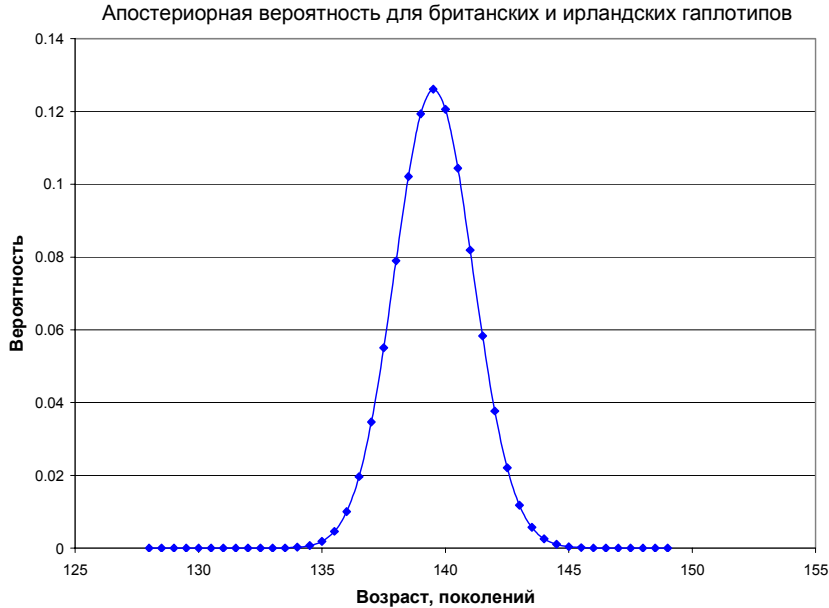


Рис. 4. Апостериорная вероятность в зависимости от возраста для 1527 25-маркерных гаплотипов гаплогруппы I1 на Британских островах.

Распределение на рис.4 характеризуется следующими параметрами:

Среднее $\bar{T} = 139.5$,

среднеквадратичное отклонение $\sigma(T) = 1.6$,

Относительная погрешность равна

$$\frac{\sigma(T)}{\bar{T}} = 1.1\%.$$

Получается очень хорошее согласие с результатами, полученными линейным методом "общей" модели:

Среднее по линейному методу $\bar{T} = 139$, относительная погрешность по формуле (1) 1.1 %.

Апостериорное распределение дает следующие значения возраста для 95 % доверительного интервала:

$T_{0.025} = 136.2$, или 3405 лет,

$T_{0.975} = 142.4$, или 3560 лет.

Мы еще раз убедились в том, что столь малые статистические погрешности в определении возраста обеих популяций объясняются большим объемом выборки.

Для таких выборок основная погрешность в определении возраста определяется следующими факторами:

- систематическими ошибками в определении скорости мутаций;
- степенью несоответствия процесса реальных мутаций нашей "общей" модели.

На наш взгляд, основную неопределенность вносит погрешность в величине скорости мутаций. Например, из таблицы 3 видно, что при разделении 25-маркерного гаплотипа на две примерно равные части, скорости мутаций различаются:

25-маркерные гаплотипы – среднее число мутаций на маркер 0.255,

12-маркерные гаплотипы (маркеры 1-12) – среднее число мутаций на маркер 0.227,

13-маркерные гаплотипы (маркеры 13-25) – среднее число мутаций на маркер 0.277.

Поскольку возраст выборки один и тот же, то скорости мутаций 12-маркерных гаплотипов отличаются от скорости 13-маркерных гаплотипов на $(0.277-0.227)/0.277 = 18\%$.

В данном конкретном случае это учтено в величине средней скорости мутаций для всего 25-маркерного гаплотипа, равной 0.046 мутаций на гаплотип на поколение, или 0.00183 мутаций на маркер на поколение (на самом деле калибровка дает для скорости мутации на гаплотип величину 0.04575, но столь высокая точность была бы нереальной, и величина округлена). Тем не менее, погрешность самих калиброванных средних величин (в мутациях на гаплотип на поколение), как 0.022 для 12-маркерных гаплотипов, 0.046 для 25-маркерных гаплотипов, 0.090 для 37-маркерных гаплотипов, 0.145 для 67-маркерных гаплотипов и другие (Клёсов, 2008а) остается неопределенной. Ее можно чисто интуитивно, или

«на глаз» определить в 10-15%, но эти величины должны различаться для гаплотипов разной длины.

То, что основную неопределенность в возраст общего предка вносит погрешность в величине скорости мутаций, можно показать на следующем примере. Если, как было показано выше, статистическая погрешность для возраста общего предка для 95%-ного доверительного интервала составляет $\pm 2\%$ для иберийских гаплотипов группы R1b1b2, то есть 3625 ± 70 лет, и $\pm 1.1\%$ для британских гаплотипов группы I1, то есть 3475 ± 40 лет, то эти времена различаются и иберийский предок старше британского более чем с 95%-ной вероятностью. Но это относительно друг друга. Если же мы ставим вопрос о надежности абсолютных величин, то необходимо учитывать погрешности средних скоростей мутаций, примененных в данной работе. Мы их, строго говоря, не знаем. Более того, для 19-маркерных иберийских гаплотипов применялась одна скорость мутаций (0.00150 мутаций на маркер на поколение), а для 25-маркерных британских – другая (0.00183 мутаций на маркер на поколение).

Допустим, обе они определялись с точностью $\pm 10\%$, то есть среднеквадратичное отклонение для обеих скоростей мутаций равно 10%. Тогда мы должны привести все показатели к «одной сигма», то есть к единому 68%-ному доверительному интервалу. В этом случае для иберийских гаплотипов статистическая погрешность составляет 0.01, и погрешность в определении скорости мутаций 0.1 (т.к. берем одно среднеквадратичное отклонение). Затем вычисляем сумму дисперсий: $0.01^2 + 0.1^2 = 0.0101$. Совокупная погрешность для 68%-ного доверительного интервала равна квадратному корню из 0.0101, то есть 0.1005. То есть те же 10%-ной погрешности определения средней скорости мутаций. Получаем 3600 ± 400 лет и 3500 ± 350 лет назад.

Для 95 % доверительного интервала надо взять «два сигма». Получаем плюс-минус 20.1%, округленно - 20 %. Это уже дает 3600 ± 700 лет и 3500 ± 700 лет. Иначе говоря, абсолютные значения для времен жизни предков уже значительно менее определены.

В целом, как видно из диаграмм распределения мутаций в обоих рассмотренных здесь случаях, обе популяции – R1b1b2 на Пиренейском полуострове, и I1 на Британских островах – это популяции весьма молодые. Подавляющее количество аллелей не мутированы. Действительно, для

обоих популяций общие предки жили в середине 2-го тысячелетия до нашей эры.

Из диаграмм также следует, что каждая из обеих популяций имела только одного общего предка. Это следует из формы диаграмм, с одним острым пиком в каждом случае. Именно для таких примеров подходит метод расчета времени жизни общего предка, иллюстрированный в настоящей статье. При явной асимметрии диаграмм, при наличии нескольких пиков предложенный метод работать не будет. В таких случаях необходимо разделение серии гаплотипов на несколько популяций, что можно проводить построением дерева гаплотипов и выделением отдельных ветвей (Клёсов, 2008b).

Литература

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2009a) Определение возраста популяции по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть I. Общая модель. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, №1, 81-92.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2009b) Определение возраста популяции по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть II. Погрешности расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, №1, 93-103.

Адамов, Д.С., Клёсов, А.А. (2009c) Определение возраста популяции по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть III. Примеры «линейных» и «квадратичных» моделей с учетом степени асимметрии мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, №2, 187-199.

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) Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 1, №2, 252-348.

Клёсов, А.А. (2009) Гаплотипы Иберии и анализ истории популяций басков, сефардов и других групп Испании и Португалии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. 2, №3, 390-413

Susan M. Adams, Elena Bosch, Patricia L. Balaresque, Stéphane J. Ballereau, Andrew C. Lee, Eduardo Arroyo, Ana M. López-Parra, Mercedes Aler, Marina S. Gisbert Grifo, Maria Brion, Angel Carracedo, João Lavinha, Begoña Martínez-Jarreta, Lluís Quintana-Murci, Antònia Picornell, Misericordia Ramon, Karl Skorecki, Doron M. Behar, Francesc Calafell and Mark A. Jobling (2008) The Genetic Legacy of Religious Diversity and Intolerance: Paternal Lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula. *The American Journal of Human Genetics*, Volume 83, Issue 6, 725-736.

Walsh, B. (2001) Estimating the Time to the Most Recent Common Ancestor for the Y chromosome or Mitochondrial DNA for a Pair of Individuals. *Genetics*. 158: 897-912.

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

Критические комментарии к статье «Индийское происхождение гаплогруппы R1a1 подтверждает автохтонное происхождение браминов и кастовой системы» (Sharma et al, J. Human Genetics, январь 2009 г.)

Анатолий А. Клёсов

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

Хорошее в рецензируемой статье то, что в ней приведено процентное содержание гаплогрупп R1a1 по Индии в целом, а также среди браминов (367 человек) и в племенах Индии (254 человека). Все остальное в статье – это в некотором роде издевательство над читателем и здравым смыслом.

Похоже, что авторам надо было непременно показать, что гаплогруппа R1a1 имеет автохтонное, индийское происхождение, как и сугубо индийское происхождение имеют брамины, так и кастовая система в целом. А, следовательно, никаких ариев не было, никто в таком качестве в Индию не приходил, всё своё. Авторы показали себя вообще крайне чувствительны к политическим вопросам. Они специально поместили, что понятие «низшие касты» использовать в статье не будут. Вместо этого будут говорить *schedule castes*, то есть типа «касты по расписанию», или «касты на своем месте». Не знаю, правда, что хуже.

Рассмотрев несколько «конфликтующих» сценариев заселения Индии, особенно теми, кто говорит на «индоевропейских языках», авторы их перечисляют как следующие: (1) «западные евроазиаты», прибывшие в Индию из Анатолии и Кавказа 3000-8000 лет назад, (2) носители гаплогруппы R1a1 из Средней Азии, (3) группа носителей разных гаплогрупп из Средней Азии, которые и установили кастовую систему, (4) разнородные пришельцы из Южной Азии, и несколько второстепенных сценариев.

Заметно, что прибытие ариев авторы затушевывают настолько, что даже и не упоминают. И в итоге заключают вступление тем, что данный вопрос

плохо сформулирован, непонятен и туманен. Естественно, при таком-то описании.

Авторы отмечают, что разрешение этого вопроса и было целью статьи. Более того, статья заканчивается тем, что вопрос окончательно решен, и что гаплогруппа R1a1 совершенно определенно зародилась в Индии, как и брамины и кастовая система.

Как же это показали?

Анализ проводился неадекватно современному уровню науки. Рассматривались 7-маркерные гаплотипы (в то время как в литературе уже все чаще рассматриваются 17- и 19-маркерные, а 25-, 37- и 67-маркерные гаплотипы давно доступны в открытых базах данных). Более того, расчеты проводились совершенно примитивными методами популяционной генетики, без рассмотрения генеалогических линий, смешивая гаплотипы в кучу, и применяя совершенно неадекватную скорость мутации 0.00069 мутаций на маркер на поколение, причем для расчета брались 6-маркерные гаплотипы. Видимо, седьмой маркер не давал тех результатов, которые хотелось бы. Но полученные откровенно неверные данные рассчитывали по всем формальным правилам статистики, получая просто безумные данные, типа «общий предок R1a1 по всей популяции (видимо, по всему миру - АК) жил 13043.48 лет назад, с 95%-ным доверительным интервалом от 9473.68 до 20930.23 лет назад. А в Индии общий предок R1a1 жил 13768.12 лет назад, с доверительным интервалом от 10000 до 22093.02 лет назад. Стало быть, в Индии первопредок R1a1 и жил. И вот так – по всей статье. Интересно, что авторы обосновывают выбор скорости мутации 0.00069 тем, что это – самая передовая и признанная.

Что хорошо – это то, что данных анализировали много, а именно 367 гаплотипов браминов, и 254 гаплотипа «каст на своем месте» и племен, которые в касты обычно не входят. Но гаплотипы, к сожалению, в статье не приведены, как нет их и в сопроводительном материале. Хотя сообщено, что определяли маркеры DYS 19, 390, 391, 392, 389-1, 389-2 и 448. То есть самые медленные маркеры DYS 388 и 393, которые и показывают, насколько «старые» гаплотипы, авторы не использовали. А жаль, они бы сразу показали, что не мутируют, так что сразу стало бы ясно, что индийские гаплотипы на самом деле довольно молодые. Но это в задачу авторов, видимо, тоже не входило.

Рассмотрим, что же авторы получили, и постараемся сопоставить с тем, что уже известно.

То, что касается гаплогрупп, к авторам претензий нет. Данные полезные, как уже отмечалось выше. Коротко, самая высокая доля R1a1 у браминов оказалась на востоке Индии, а именно у западно-бенгальских браминов (30 человек). У них 72.22% R1a1. Правда, непонятно, как это может быть, потому что если это у 22 человек из 30 – то это 73.33%, а если у 21 человека из 30 – то это 70%. Из этого тоже видно, что давать данные с сотыми долями процента, оперируя с 30 индивидуумами, даже и браминами, просто математически некорректно. Интервал точности здесь примерно 3%.

У второй группы браминов на востоке Индии (Бихар, 38 человек) тоже высокая доля R1a1. Округленно – 61%. Доля других «европейских» гаплогрупп там мала, например, J2 – 0 и 2.6% у браминов Бенгалии и Бихара.

У браминов на западе страны доля R1a1 – 43 и 33%, гаплогруппы J2 17 и 16%, соответственно (32 и 64 человек). В центральной части – 38% R1a1 и 24% J2. У браминов на севере (четыре группы, 31, 30, 49 и 51 человек) – 68, 47, 36 и 20% R1a1, и 3, 5, 21 и 10% J2.

В целом по девяти группам браминов процентный состав был $46 \pm 17\%$ (мои расчеты) или 40.63% (по данным авторов) гаплогруппы R1a1, и доходил до 72%, как отмечено выше. У низших каст и племен R1a1 было 20% (20.47% по данным авторов). У всех вместе – 31% (30.59% по данным авторов). Представителей гаплогрупп C, E, F, G, N, O, Q практически не было, или были редкие единицы процентов по отдельным территориям.

Интересно, что по всей статье авторы ссылаются на возможных «индоевропейцев» исключительно как «мигранты из Средней Азии». При такой подаче непонятно, почему они вообще «европейцы». Более того, авторы пишут, что «гаплогруппы Средней Азии (C3, DE, I, G, J, N O)» ожидалось быть в больших количествах, «но этого не наблюдалось». Непонятно, на чем основывалось предположение, что эти гаплогруппы должны были наблюдаться в больших количествах, и какова значимость того, что это не так. Авторы это не обсуждают. Видимо, это тоже по их представлениям как-то связано с ариями, точнее, с их отсутствием в Индии. Видимо, что если нет большого количества C3 или N в Индии, то и арии

туда не приходили. Всё это, признаться, трудно понять, если вообще возможно.

Дальше авторы сравнивали долю R1a1 среди браминов (256 человек) и низших каст и племен (254 человека) по шести территориям Индии. Браки между их представителями практически исключены, что поддерживает стабильность этих групп населения. Эта доля составляет 41% среди браминов, 20% среди низших каст и племен, и 31% в среднем по всем 510 представителям.

При суммировании данных по 2809 представителям Индии, гаплогруппу R1a1 имели 36% браминов (всего браминов в этой группе было 767 человек), 17% низших каст (674 человек) и 10% в племенах (1368 человек), всего 21% индийцев. На втором месте среди браминов гаплогруппа J (суммарно) – 12.4%, в низших классах и племенах по 6% (6.4% и 6.1%, соответственно), всего по стране 8.3%. На третьем месте – уже местная гаплогруппа L – 11.3%, 12.2% и 5.0%, соответственно, в целом по стране 9.5%.

Далее, при рассмотрении представителей по языкам, в категории «индоевропейские языки» в гаплогруппе на первом месте опять были брамины. Эти данные в статье не анализировались, хотя картина стала совсем очевидной. Видимо, потому и не анализировались. Вместо этого было отмечено, что данные не позволяют выявить какие-либо отличия в распределении гаплогрупп у высших и низших классов.

После этого авторы перешли к разделу «Происхождение гаплогруппы R1a1», отметив, что вопрос этот остается неясным еще и потому, что мало обнаружено носителей родительских гаплогрупп R*, R1* и R1a*, как и мало R1a1a, R1a1b и R1a1c). Почему это так необходимо для решения вопроса – авторы не пояснили, оставив догадываться читателям. Затем они отметили, что вопрос еще более запутан тем, что некоторые авторы предлагают сценарий, по которому R1a1 прибыли в Индию из Средней Азии, но при этом не рассматривают факт, что «разнообразие гаплотипов самое высокое в Индии», а значит, поток должен был быть в противоположном направлении. Насколько достоверен «факт», что «разнообразие выше в Индии» – авторы не поясняют, и ограничиваются двумя ссылками, на работы Sengupta et al (2006) Sahoo et al (2006), которые обрабатывали данные совершенно сомнительными и некорректными способами «популяционной генетики». Наконец, авторы напоминают, что у браминов содержание гаплогруппы достигает 72.22% (!), что «может указывать на эффект

основателя, что делает эту гаплогруппу ключевой при ответе на вопросы о происхождении кастовой системы в Индии».

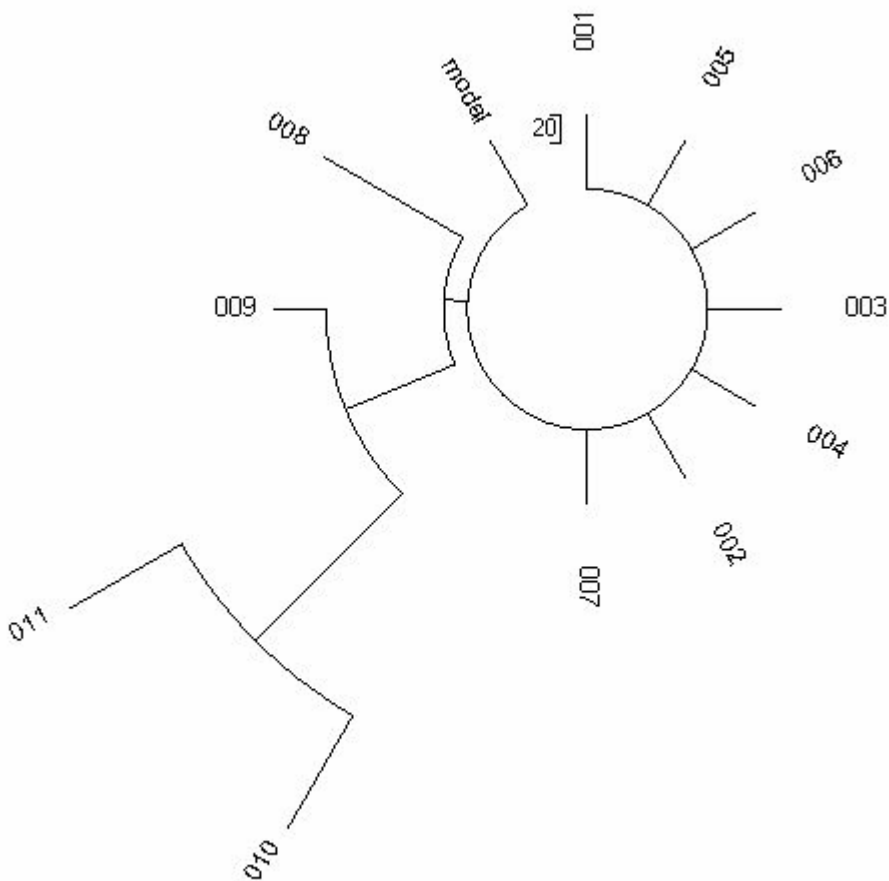
Это, конечно, некорректно. В России наверняка можно найти деревни, где содержание гаплогруппы R1a1 составляет 100%, но это не делает данную деревню основателем гаплогруппы R1a1 10-15 тысяч лет назад. Вообще настолько буквально трактовать долю гаплогруппы в популяции – грубейшая ошибка и непонимание вопроса. То, что в Биробиджане высокая доля евреев вовсе не делает Биробиджан прародиной евреев в мире.

Дальше – больше. Авторы наносят эту «частоту» в 72% на карту распределения гаплогруппы R1a1 в Евразии, и демонстрируют, что это – самая высокая «частота» в мире. В Европе, по их данным, лишь некоторое подобие по частоте, и то только в Польше, но заметно слабее. Как так могло получиться – авторы, разумеется, не поясняют. Далее, авторы наносят на другую карту «разнообразие» гаплотипов, что отражает их возраст, и показывают, что в мире просто никакого сравнения нет с Индией. В Индии – черный сгусток древности гаплотипов R1a1, в остальном мире – легкая размазанная серость. Иначе, как грубой подтасовкой данных, это не объяснить. Как в насмешку, авторы пишут, что «все остальные модели были приняты во внимание».

Авторы сообщают, что рассчитали «разнообразие» гаплотипов гаплогруппы R1a1, и нашли, что оно равно 0.52 в Индии, 0.40 у европейцев и 0.32 в Средней Азии. Это совершенно противоречит расчетам автора данной рецензии по 25-маркерным гаплотипам, согласно которому западноевропейские и восточноевропейские гаплотипы R1a1 имеют возраст 4500-5000 лет, индийские – 3700 лет (Клёсов, 2008, 2009). Естественно, авторы завершают данный раздел статьи, что «это наблюдение еще раз подтверждает, что заметной миграции из Средней Азии в Индию не было». В разделе «Молекулярные подтверждения индийского происхождения R1a1» авторы переходят к сетевым представлениям. Они помещают диаграмму, из которой очевидно, что огромная доля гаплотипов практически одинакова по структуре. Это не удивительно, поскольку авторы анализировали всего лишь 6-маркерные гаплотипы. Но это означает, что гаплотипы относительно молодые, поскольку еще не успели мутировать. Более того, немалая доля этих молодых гаплотипов – индийского происхождения, как выделено авторами на схеме. Диаграмма вообще, как видно, построена неверно, так как укоренена вдали от основного массива гаплотипов, что и придает ей «разнообразие». По этому

поводу авторы фантазируют про «массу бутылочных горлышек популяции в Индии», и о том, что индийские гаплотипы имеют больше общего с европейскими («коэффициент общности» 0.73) и меньше – со среднеазиатскими (0.61). Как так могло произойти – авторы не поясняют. Характерен раздел статьи «Оценки возраста гаплогруппы R1a1». Эти данные даже нет смысла приводить по причине их полной несостоятельности. Я поясню, что это такое на примере гаплотипов R1a1 индийского племени Ченчу, которые подробно анализировал ранее (Клёсов, 2008; Klyosov, 2009).

Ченчу – австралоидное племя южной Индии, и из 41 тестированного представителя племени 11 человек (27%) имели гаплогруппу R1a1. Дерево гаплотипов, построенное по опубликованным данным (Kivisild et al, 2003), приведено ниже.



Дерево 6-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 из индийского племени Ченчу.

Из него совершенно очевидно, что оно состоит по меньшей мере из двух популяций – совсем недавней («гребенка» одинаковых, немутированных гаплотипов вокруг «ствола»), и более древней, на ветви, отходящей в сторону. Анализ гаплотипов показал, что молодой популяции Ченчу примерно 350 лет, вторая половина 17-го века, более старой – 3200 лет. Вторая дата согласуется со временем прихода ариев в Индию примерно 3500 лет назад. Первая дата согласуется со временем обнаружения племени Ченчу в конце 17-го века армией Мухамеддана (Klyosov, 2009).

Иначе говоря, гаплотипы Ченчу представлены двумя популяциями, отсюда некоторое «разнообразие». Посмотрим, что об этом говорят авторы статьи. Они ссылаются на те же данные Kivisild et al, которые нами рассчитаны выше (расчетов в работе Kivisild et al не было), и говорят о «высоком разнообразии», и сообщают, что это делает невозможным более поздние примеси гаплогруппы R1a1. Иначе говоря, авторы плохо себе представляют, о чем пишут. Все наоборот.

И вот эти гаплотипы возрастом 350-3200 лет, и подобные им, датируются в работе авторов как 14492.75 лет назад. Это в лучшем случае ошибка в 4.5 раза. Правда, сами авторы указывают диапазон погрешности между 10526.32 и 23255.81 годами до настоящего времени. Это, конечно, абсурд, но позволяет хотя бы оценить, какая датировка может на самом деле быть у популяций R1a1, обсуждаемых авторами. Она – следующая, при простом пересчете:

Суммарно 979 гаплотипов	2900 лет до настоящего времени
Средняя Азия (127)	1900 лет
Европа и Ближний Восток (119)	2500 лет
Пакистан (224)	3200 лет
Индия в целом (509)	3100 лет
Индийские племена (140)	3200 лет
Брамины в Индии (253)	2700 лет
Брамины по территориям	2200 – 4200 лет
Гаплогруппа R1a*, Кашмир	3500 лет
Гаплогруппа R1a*, Индия в целом	4100 лет

Учитывая, что восточно-европейские гаплотипы группы R1a1 датируются в интервале 4200-5000 лет, эти данные по Индии вполне приемлемы, учитывая огромную ошибку их датировки. Возможно, наиболее древние группы браминов ведут свою ДНК-генеалогическую линию от ариев,

пришедших в Индию примерно 3500 лет назад, но группой, так что их общий предок мог вполне жить 4000-4200 лет назад. Племена ведут свои линии от ариев и их потомков, уже обосновавшихся в Индии, так что вполне разумно, что их общие предки сходятся ко временам 3200-2200 лет назад.

Таким образом, данные опубликованной работы не только не противоречат концепции прихода ариев (гаплогруппа R1a1) в Индию примерно 3500 лет назад, но и скорее подтверждают эти данные.

Литература

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

Kivisild, T., Rootsi, S., Metspalu, M., Mastana, S., Kaldma, K., Parik, J., Metspalu, E., Adojaan, M., Tolk, H.-V., Stepanov, V., Golge, M., Usanga, E., Papiha, S.S., Cinnioglu, C., King, R., Cavalli-Sforza, L., Underhill, P.A. and Villems, R. The genetic heritage of the earliest settlers persists both in Indian tribal and caste populations. *Am. J. Hum. Genet.* 72, 313-332 (2003)

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. I. Basic Principles and the Method. *J. Genet. Geneal.*, Vol. 5 (in the press)

Sahoo, S., Singh, A., Himabindu, G., Banerjee, J., Sitalaximi, T., Gaikwad, S., Trivedi, R., Endicott, P., Kivisild, T., Metspalu, M., Villems, R. and Kashyep, V.K. A prehistory of Indian Y chromosomes: evaluating demic diffusion scenarios. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 103, 843-848 (2006)

Sengupta, S., Zhivotovsky, L.A., King, R., Mehdi, S.Q., Edmonds, C.A., Chow, C.-E. T., Lin, A.A., Mitra, M., Sil, S.K., Ramesh, A., Rani, M.V.U., Thakur, C.M., Cavalli-Sforza, L.L., Majumder, P.P., and Underhill, P.A. Polarity and temporality of high-resolution Y-chromosome distributions in India identify both indigenous and exogenous expansions and reveal minor genetic influence of Central Asian Pastoralis. *Amer. J. Human Genet.* 78, 202-221 (2006)

Sharma, S., Rai, E., Sharma, P., Jena, M., Singh, S., Darvishi, K., Bhat, A.K., Bhanwer, A.J.S., Tiwari, P.K., Bamezai, R.N.K. The Indian origin of paternal haplogroup R1a1* substantiates the autochthonous origin of Brahmins and the caste system. *J. Human Genetics*, 54, 47-55 (2009)

Умереть за княжну

Анатолий А. Клёсов

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

Знатокам и ценителям современных исторических детективов очевидно происхождение заголовка этого рассказа. Совершенно верно, это перепев «Жизнь за царевну», названия увлекательного расследования о современных лже-наследницах российского трона. Одно небольшое отличие – там слово «жизнь» было фигуральностью, у меня «умереть» – было реальностью, если следовать предостережению героинь моего повествования. А именно – внучек и наследниц великой княжны Анастасии Николаевны Романовой, как они мне представились. Они написали мне об истории своей жизни, о том, как их преследуют и хотят убить, и о том – цитирую – «те, кто хоть как-то пытались нам помочь – все умирают».

Стало ясно, что деваться мне некуда, надо попытаться помочь.

Теперь – по порядку. События развивались не то, чтобы стремительно, но вся история заняла три недели. Началась она 26 октября 2008-го года. В тот день я получил письмо от довольно молодой женщины из Белоруссии.

Начало было стандартно-вежливое, об интересе к ДНК-генеалогии, о том, что она прочитала мою статью под названием «Се - человек» (см. выпуски Вестника № 2 и 3 за 2008-й год), и с удивлением узнала, что у нас – похожие материнские гаплотипы, с разницей всего на одну мутацию. Вот она и спрашивает, что это может означать для нее и сестры-близняшки, и когда, интересно, жили наши общие предки?

В общем, нормально, я таких писем немало получаю.

И вдруг – довольно резкий переход. Цитирую:

* * *

У меня был очень серьёзный повод делать тест на мтДНК, хотя это для нас достаточно дорогое удовольствие. Дело в том, что несколько лет назад один человек открыл нам тайну нашего происхождения по отцу. Мы никогда не

общались с родственниками отца и ничего о них не знали. Но рассказ этого человека нас просто шокировал. Он сказал, что матерью нашего отца была Анастасия Романова, младшая дочь Императора Российской Империи Николая Второго. Также мы узнали, что старший брат нашего отца умер от гемофилии, а его сестра от эпидемии дифтерии после войны, в 1946 году. Сама бабушка Анастасия прожила до 1956 года, и в конце жизни была полностью слепой. Она жила отдельно от своих детей и скрывалась в лесу с неким священником - старовером.

Мы мало, что знаем о её жизни. Знаем только то, что до 1935 года она жила недалеко от г. Ветка Гомельской области. Сейчас эта местность попала в зону радиационного отчуждения после аварии на Чернобыльской АЭС. Деревни снесены, люди все выселены и рассеяны по всей территории Беларуси. Поэтому узнать у старожилов хоть какую-то ещё информацию практически невозможно.

Получив такую информацию, мы (я и моя сестра) решили её проверить, так как поверить в это было крайне тяжело. Мы мало интересовались историей России, почти ничего не знали о нахождении останков в 1991 году под Екатеринбургом, перезахоронении их в 1998 году (что-то слышали урывками, но в подробности не вникали) - были тяжёлые времена после распада СССР, и приходилось как-то выживать в тех условиях. Поэтому было не до политики и не до истории. К тому же у нас в Беларуси больше интересовались историей Великого Княжества Литовского и в ВУЗе изучали тоже только историю Беларуси.

Я и мои родные никогда не были в Санкт-Петербурге и не видели портретов дочерей Императора. В 2005 году, благодаря Интернету, мы увидели фотографии и портреты дочерей Императора Николая Второго, Александра Третьего, и других представителей рода Романовых. Мы были просто потрясены - внешняя схожесть у нас с ними просто невероятная. Я и моя сестра - близнецы, но если поставить фотографию дочери Императора Николая Второго и наши фотографии, то близнецами можно назвать не меня и мою сестру, а великую княжну Ольгу и мою сестру.

Кроме того, изучая материалы по идентификации лже-Анастасий Анны Андерсон и Натальи Билиходзе, я нашла ещё и некоторые генетически передаваемые признаки: полые стопы (у моей сестры), некоторые аномалии развития позвоночного спинно-мозгового канала (у сестры - его сужение), практически на 100 % схожесть моего почерка с почерком Анастасии

Романовой (на фотографиях, которые были напечатаны при выдвижении выше упомянутых мной лже-Анастасий). Мой отец практически копия Императора Александра Третьего и первого из Романовых - Михаила Романова. Ему сейчас 69 лет. После этой информации и такой схожести мы решили сделать тест на мтДНК отцу в лаборатории США.

В связи с последними событиями о нахождении новых останков под Екатеринбургом, якобы детей Императора Николая 2 Алексея и Марии, тест мтДНК отца - это единственный и последний шанс нам проверить и доказать своё происхождение. Хотя время выдачи результатов тестирования несколько раз переносили (что для нас тоже удивительно, поскольку мы направили материалы для тестирования еще в мае), к 7 ноября обещали выдать результаты теста по митДНК отца, которые должны либо подтвердить, либо опровергнуть наше родство с родом Романовых. Для большей уверенности мы ещё в одну лабораторию отправили материал на полный анализ по ДНК отцу (по митохондрии и по Y-хромосоме) в независимую лабораторию. Результат тоже должен быть готов через месяц. Также делаются тесты митДНК маме и моей сестре. Но задержки с тестами отца очень странны и несвоевременны, так как нам важна именно материнская ветвь отца, и именно в данный момент, пока окончательно не захоронили род Николая Второго.

Вот такая история. Я решила Вам написать её, так как думаю, что Вам как учёному важно это знать.

* * *

Я отвечаю:

Спасибо за описание Вашего расследования. Это действительно очень интересно. Поскольку Ваш отец родился 69 лет назад, то есть в 1939 году, то понятно, что речь может идти только о чудесным образом спасшейся Анастасии. Осложняет дело то, что такими себя уже объявляли более 30 женщин, и это только случаи, получившие значительную огласку. Поэтому подождем результатов тестов. Известно, что императрица, жена Николая Второго, Алиса Гессен-Дармштадская, внучка английской королевы Виктории и мать Анастасии, имела следующий гаплотип:

16111T, 16357C

263G, 315.1C

Это – гаплогруппа Н. Кстати, те же мутации в зоне высокого разрешения (вторая строка), как и у моей мамы и бабушек по ее линии. Так что европейская общая бабушка с королевой Викторией и с Анастасией у них была одна. Но это так, к слову.

(Это я, значит, намекаю, что совпадения, хотя и частичные, возможны. То есть готовлю наследниц к некоему возможному разочарованию).

Что касается задержек с тестами - ничего странного в этом нет. На юге США, где находится лаборатория, прошел сильный ураган, всех эвакуировали, и это вызвало большую задержку с анализами ДНК. Специалистам это известно. Очень многие ждут своих результатов.

Подождем и мы с Вами. Хотя, конечно, могу представить, каково Вам ждать.

* * *

Ну, и запросил их согласия на публикацию их истории. Возражения от них не последовало. Более того, они написали, что «мы в открытости видим для себя единственный способ защитить свою жизнь».

Меня, правда, немного озадачило, что письмо подписано Елена, в адресе e-мейла стоит Наталья, а в самом e-мейле – Диана, но с кем не бывает?

Но с их последующими письмами стала вырисовываться жизнь, полная стрессов и трудностей. Оказалось, что за наследницами уже больше десяти лет идет натуральная охота, о причине которой они не имели ни малейшего понятия, пока три года назад не узнали о том, что они – наследницы Анастасии в частности, и императорского трона в целом. Как они написали,

«были многочисленные попытки уничтожения семьи путем несчастных случаев. Причину преследования мы не знали. Но устали от бесконечных уголовных дел, которые никто не расследовал, и действий людей из криминального мира против членов нашей семьи. Было прямо наваждение

какое-то. Мы простая семья, не связанная ни с политикой, ни с большими деньгами, ни с криминалом - а проблем за 10 лет столько, что многие знакомые нам даже советовали сходить к знахаркам и снять проклятие с семьи».

О том, что они наследницы, им три года назад рассказал многолетний приятель отца, и после этого внезапно умер. За границу их не выпускают, даже для лечения матери, больной раком. Цитата:

«Мы оплатили ей обследование и лечение в Германии, но нас не пустили в Евразию. Как нам и обещали некоторые - что мы не въездные и не выездные». И далее - «нас не выпускают в Европу, потому что мы имеем желание там официально обратиться в суд и сдать ДНК через суд по иску на наследие Николая Второго».

Письма и прочие e-мейлы у них перехватывают, многие не доходят. Приходится им менять e-адреса и e-явки.

В общем, там было много страстей написано, рука не поворачивается цитировать. Короче, дело стало приобретать довольно серьезный характер.

И вот там-то прозвучали слова, что им уже разные люди пытались помочь, но плохо кончали. В смысле, умирали. Одного точно отравили. «Отца подвергли серьезной психотропной обработке. Ему вытерли память».

Ну, за великую княжну можно и пострадать, хотя предпочел бы, чтобы нет. Деваться некуда, продолжаю работать. Тема держит.

Я понимаю, что все это из рубрики ЭНМБ, это не может быть. Но чем чёрт не шутит? Есть какая-то отличная от нуля вероятность, что или с останками сбой, или с анализом ДНК останков, или... да все, что угодно. Уж слишком вся история, начиная с 1918-го года, какая-то закрученная и ангажированная стараниями многих людей. Слишком много интересов схлестнулись. Поэтому хоть долю процента, да оставить про запас надо.

А сестры-наследницы присылают мне пароль на вход в базу данных тexasской лаборатории, которая анализирует им ДНК. Так что об умышленных «самозванках» речи быть здесь не может. Это где ж кто таких самозванок видел, которые так хотят свою ДНК проанализировать и обнаружить?

Вхожу в их файл и вижу – действительно, анализ должен был быть готов 13 августа. А уже ноябрь. Причем и дату не меняют, так август и висит.

Звоню в компанию в Техасе, которая занимается генеалогическим анализом ДНК, самая крупная и известная на это счет компания в мире. Устраиваю некоторый шум президенту компании, с которым шапочно знаком. Тот вызывает начальника лаборатории, и начальник заверяет, что через три-четыре дня сделают. Оказывается, что ураган в Техасе был не при чем, просто завал на работе. Часть ДНК проанализировали, а часть еще нет.

Тем временем переписка продолжается. Наследницы уверены, что их обманут и ДНК подменяют. Я им отвечаю:

«Теперь о деле. Я связался с Президентом вашей тестирующей компании FamilyTreeDNA, которого лично знаю, и выяснил причину задержки. Там была техническая проблема, которую откладывали из-за завала с заказами. Я знаю проблему, но она Вам неинтересна, и технические термины Вам ничего не скажут. Он лично отдал распоряжение вопрос решить, и ожидается, что в течении 3-4 рабочих дней вопрос будет решен, и результаты Вам сообщат.

У меня нет совершенно никаких оснований полагать, что Вас будут дезинформировать. Это чисто коммерческая компания и лаборатория, и политика их не интересует. Напротив, от дополнительной рекламы они будут только в восторге. Естественно, я ни словом не обмолвился о проблеме, сказав только, что ко мне обратились с просьбой помочь в интерпретации ожидаемых результатов.

* * *

Получаю ответ, что «большое Вам спасибо за проявленную заботу о нас».

В общем, хана мне, но даже интересно.

А начальник, которого вызывали, не обманул. Ответ мне пришел через обещанные три дня. Мое послание в Белоруссию:

* * *

Должен Вас разочаровать - мтДНК Вашего отца не совпадает с мтДНК Анастасии. Это означает, что она не его мать.

У Вашего отца очень простая мтДНК - она почти не отличается от той, которая принята за стандарт, или "точку отсчета". Я это подробно объяснял в своем рассказе "О женщинах", который Вы упомянули в самом начале. Например, у вас (гаплогруппа Н) - пять отличий от стандарта, одно в одной области ДНК, и четыре - в другой. У меня тоже пять отличий, тоже одно и четыре, только одно различие с Вами. У всех нас троих в первой области 16519С, и только это. Я могу объяснить, что это означает, но это сейчас не важно.

У Анастасии было четыре отличия, два в одной строке и два в другой. У нее нет цифр 16519С в первой строке, как у нас с Вами, у нее там 16111Т и 16357С. Гаплогруппа - тоже Н, так называемая "Европейская", она - самая частая в Европе.

У Вашего отца - тоже гаплогруппа Н, но от стандарта у него только одно отклонение, те самые 16519С в первой строке гаплотипа ДНК, и два отклонения во второй строке. Его гаплотип такой:

16519С

263G, 315.1С

Эта комбинация, как у Вашего отца, довольно частая в мире, и особенно в Европе. В базе данных на сегодняшний день - более 6 тысяч человек с 16519С в первой строке (из них более 500 в Германии, более 500 в Англии, почти 500 в Ирландии, больше 200 во Франции, больше 200 в Шотландии, и так далее. 23 человека в Белоруссии, но в Белоруссии очень мало тех, кто вообще делали тесты. Возможно, это и есть все 23 человека.

405 человек в базе данных имеют такую же комбинацию в гаплотипе, как у Вашего отца - как в первой, так и во второй строке ДНК. Таких от 10 до 20 человек в Германии, Англии, Шотландии, Ирландии, остальные понемножку по всей Европе.

* * *

Возможно, впечатлительные натуры скажут – смотрите, а вторая-то строка точно такая же, как у Анастасии! Что-то в этом есть!

Да, что-то в этом есть. А именно, что наши предки когда-то в прошлом пересекались с предками Анастасии, и ее матери Алисы, и королевы Виктории. Я не случайно пишу «наши», потому что и в моем материнском гаплотипе есть такие же мутации:

16519C

263G, 315.1C, 309.1C, 477C

У меня только еще две добавлены, но обе мутации княжны во второй строке присутствуют. И у самих сестер, с которыми у меня сложилась переписка, тоже они есть:

16519C

263G, 315.1C, 309.1C, 195C

Эти мутации – характерный признак большой группы европейских женщин, общий предок, точнее, прапраматерь которых жила в Европе примерно 20 тысяч лет назад. Ее прямыми потомками являются и Анастасия, и Алиса, она же царица Александра, и английская королева Виктория, и королева Франции Мария-Антуанетта, обезглавленная в 1793 году в возрасте 37 лет, и мои корреспондентки, и их отец, точнее, его мама, и моя мама тоже, стало быть, и я, потому что мтДНК передается и дочерям, и сыновьям. Недаром база данных указывает на 6219 человек, у которых гаплотип мтДНК в первой строке, то есть в области низкого разрешения, полностью совпадает с гаплотипом отца моих корреспонденток, как и с моим собственным. Но у меня весь гаплотип, в обеих строках, даже более редкий – у отца моих корреспонденток встречаются 405 совпадений в мире среди тестированных, у меня только 26.

Я заинтересовался в базе данных, а кто еще в мире имеет гаплотип, совпадающий с гаплотипом Анастасии? Оказалось что среди несколько десятков тысяч тестированных (их самих и прямых предков) к настоящему времени – только один человек. Единица хранения номер 2ZACX, гаплотип

носителя по имени Александра Федоровна, год рождения 1872, год смерти 1918.

Кроме нее – еще трое, но с отклонениями на единицу по мутациям вверх или вниз. Никто из них (точнее, потомков) не делал тест на вторую строку, то есть на область высокого разрешения. Это – некая Катрин, 1930-го года рождения, Элизабет Селлерс, рождения 1799 года, и Хелен Вебер, рождения 1862 года, умерла в 1934 году.

По понятным причинам моих корреспонденток среди них нет.

А жаль, что не наследницы. Видимо, еще поживу.

* * *

Да, действительно, митохондриальная ДНК моих милых дам-наследниц не совпала с митохондриальной ДНК (мтДНК) великой княжны Анастасии. А, собственно, откуда известно, что мтДНК Анастасии именно такая, как написано в... да, а где написано-то?

Написано, например, в моих повествованиях под названием «Се – человек» (<http://www.lebed.com/2006/art4614.htm>). Эту мтДНК (на самом деле, короткий перечень мутаций в мтДНК Анастасии) я, естественно, срисовал у других, которые тоже срисовывали у других. А где первоисточник-то? И какая его надежность? Ведь у самой Анастасии мтДНК никто, понятное дело, не определял. Откуда ноги у этой мтДНК растут?

Напомню, как этот короткий перечень мутаций выглядит в мтДНК Анастасии, которую все переписывают друг у друга:

16111T, 16357C

263G, 315.1C

Несколько слов пояснений, которые нам понадобятся впоследствии. Эти четыре символа – два в первой строке и два во второй – означают, что в мтДНК Анастасии есть четыре мутации – по сравнению со стандартной мтДНК, за которую принята мтДНК совершенно случайной женщины, у которой и сделали первое определение последовательности митохондриальной ДНК. Имя-фамилия той женщины так и остались неизвестными за пределами узкого круга специалистов, да и никого не интересуют. Её мтДНК называют «Кембриджской стандартной последовательностью». Так вот, у Анастасии, если верить тому, что мы друг

у друга переписываем, в четырех нуклеотидах есть отличия от мтДНК той «стандартной» женщины.

Обычно для целей сравнительного поиска, как в нашем примере, анализируют три части мтДНК, или ее три сегмента. Одна часть – это последовательность нуклеотидов от номера 16001 до 16568, и обнаруженные мутации в ней записывают в первой строке, как в примере выше. У Анастасии там всего две мутации на 569 нуклеотидов, а именно под номерами 16111 и 16357. В первом исходный цитозин оказался заменен на тимин (Т), во втором исходный тимин – наоборот, на цитозин (С).

Второй сегмент, который «отслеживается» на возможные мутации – это между нуклеотидами под номерами 1 и 400. У Анастасии там опять же две мутации – в нуклеотиде под номером 263 исходный аденин заменен на гуанин (G), а после 315-го нуклеотида оказалась лишняя вставка (инсерт) цитозина. Это обозначают так, как записано – 315.1С. То есть вставлен один цитозин. А исходную стандартную последовательность специалисты и так назубок знают, поэтому она в записях мутаций и не указывается. Наконец, есть третий сегмент, между нуклеотидами 401 и 576, но у Анастасии там мутаций нет, поэтому нет и третьей строки в ее «мтДНК» выше. У меня, например, там мутация есть, но в данном контексте это никому не интересно, поскольку я и не претендую на потомка семьи Романовых.

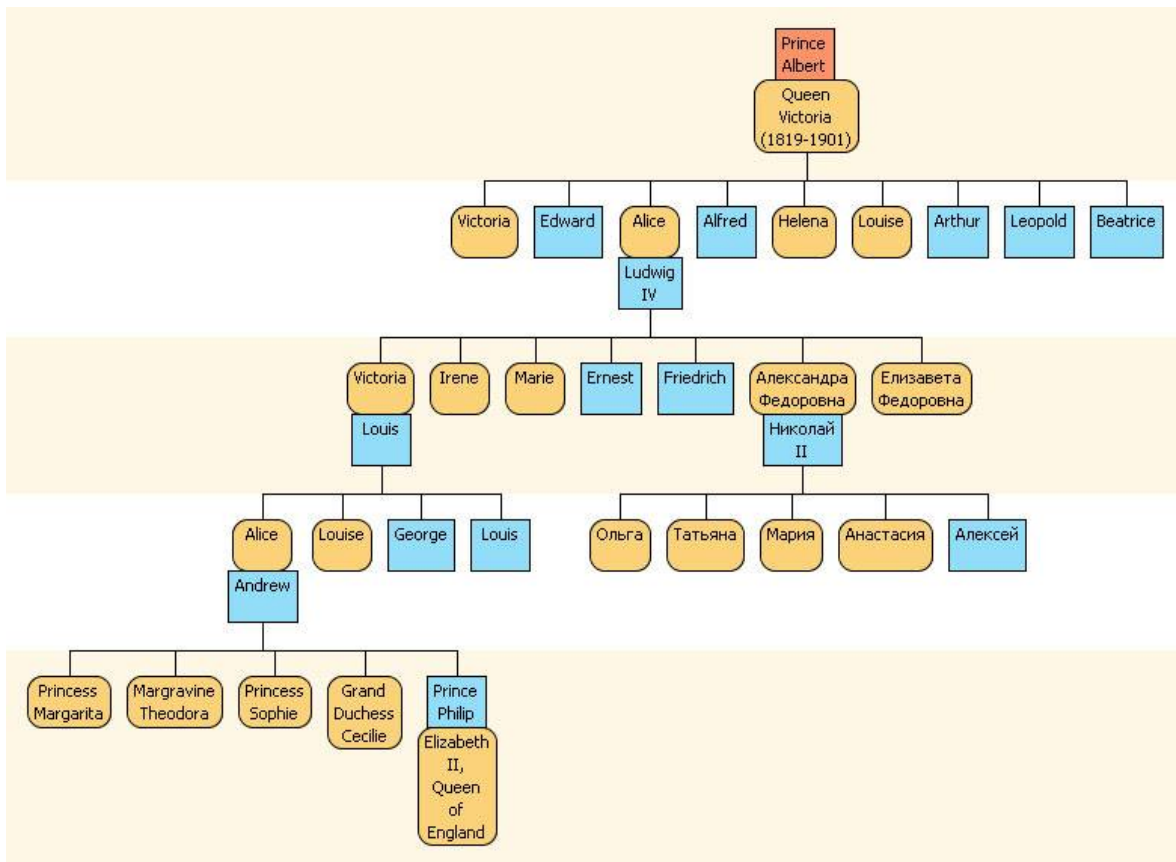


Так вот, вопрос – откуда взяли, что именно такая последовательность мтДНК должна быть у Анастасии?

Для ответа на этот вопрос надо посмотреть на генеалогическое древо Анастасии, и Романовых в целом, причем именно по женской линии, поскольку мтДНК передается исключительно по женской линии. На мужчинах она обрывается, поскольку мужчины для продолжения рода передают сперматозоид, а он митохондрии не переносит. Точнее, он переносит на первых порах, чтобы было откуда энергию брать для движения и энергичной работы хвостиком, а потом он те митохондрии со своим хвостиком отбрасывает, когда больше не нужны. Узнаете мужчин? Короче, мтДНК потомству передает только мать, из своей яйцеклетки (женской половой клетки).

И эта мтДНК передается от матери дочери по бесконечной цепи поколений. Бесконечной, если, конечно, не оборвется рождением только мальчика. Потому что, как уже было сказано, он мтДНК не передает. Не мужское это дело.

Вот как выглядит женская линия Александры Федоровны Романовой, она же Алиса (Аликс) Гессен-Дармштадская, внучка английской королевы Виктории:



На этом рисунке показано, как мтДНК переходит по желтым, женским линиям от королевы Виктории через ее дочь, великую княгиню Алис, и далее расходится по нескольким параллельным потокам, из которых здесь показаны два – до герцога Эдинбургского Филипа, мужа нынешней королевы Великобритании Елизаветы II, и его четырех сестер, с одной стороны, и до Александры Федоровны Романовой и ее детей, одна из которых Анастасия. Таким образом, все мужчины и женщины, показанные на этой генеалогической схеме (кроме супругов, пришедших «со стороны»), имеют одну и ту же мтДНК. Её для тестирования и определения картины мутаций в мтДНК членов царской семьи предоставили несколько членов монарших семей Европы, для схемы выше – принц Филип. Об остальных речь пойдет ниже.

Судя по российским публикациям в широкой печати (западные были более осторожны), дело совершенно ясное – картина мутаций в мтДНК благодаря этим монаршим семьям известна, она точно совпала с мтДНК останков

Николая Второго, императрицы Александры и их детей из могилы в окрестностях Екатеринбурга, вопрос решен, он же закрыт.

Но когда я заглянул в научные публикации по этому вопросу, то стало ясно, что дело совсем далеко от согласия между специалистами. Если основная работа, опубликованная в 1994 году в журнале *Nature Genetics* (первые авторы Р. Gill и П.Л. Иванов) под названием «Идентификация останков семьи Романовых с помощью анализа ДНК» сообщает, что мтДНК останков совпали с теми, что предоставили монаршие потомки, то работа других авторов в журнале "*Annals of Human Biology*" (первые авторы А. Knight и Л.А. Животовский), опубликованная через 10 лет, в 2004-м году, под названием «Молекулярные, судебно-экспертные и гаплотипные несоответствия в отношении идентичности Екатеринбургских останков» утверждает противоположное. Заключение работы гласит: «Идентичность останков не установлена. Наше изучение гаплотипа мтДНК Елизаветы (сестры императрицы – АК) тому еще одно подтверждение».

Более того, в сети – сотни страниц дискуссий между специалистами и любителями, выкладываются самые противоречивые аргументы, в общем – никакого консенсуса.

Так, может, я преждевременно написал наследникам, что вопрос закрыт? Поторопился сообщить, что их ДНК не совпало с ДНК Анастасии? Посмотрите, что пишет Л.А. Животовский, главный научный сотрудник Института общей генетики Российской Академии наук, в научной (!) статье:

- под Екатеринбургом имеется масса неглубоких безымянных могил, оставшихся после гражданской войны, и та из них, что приписывается царским останкам, таковой скорее всего не является,
- вскрытие захоронения сопровождалось нарушениями на многих методологических уровнях,
- имеются доказательства, что «записка Юровского», на основании которой было сделано «открытие» (кавычки Л.А. Животовского – АК), является подделкой,
- датировка могилы неизвестна, и могила вскрывалась неоднократно до ее официального «открытия»,
- описывалось, что «открытие» могилы было произведено «историками-любителями», но оказалось, что «открытие» было совершено дважды, причем по меньшей мере один из «любителей» оказался агентом (так в научной статье) Министерства внутренних

дел СССР. Они открыли могилу еще в 1979 году, забрали несколько черепов и костей, и добавили черепа и кости год спустя.

- имеются данные, что могила вскрывалась органами госбезопасности еще в 1946 году,
- статья 1994-го года не сообщала о многочисленных нарушениях в ходе работы над останками, и представляла дело так, что останки были интактными. На самом деле это далеко от действительности.
- авторы статьи 1994-го года отказались предъявлять рабочие материалы другим специалистам,
- образцы могли быть загрязнены и неверно идентифицированы,
- обращение с образцами в ходе всего исследования представляло грубейшее нарушение археологических и судебно-медицинских норм,
- статистическая обработка анализа ДНК была недостоверной,
- идентичность останков была поставлена под сомнение и отнесение некоторых костей было сомнительным и противоречивым,
- на черепе, который был приписан якобы Императору, не было шрама от известного удара саблей,
- один и тот же человек, П. Иванов из России, был хранителем всех костей из могилы якобы императорской семьи, он же занимался их анализом, он же интерпретировал и обобщал полученные данные по поручению Правительственной комиссии, и он же голосовал за принятие окончательного документа. Ясно, что заключение Комиссии не было нейтральным и объективным.
- работа по анализу ДНК останков проводилась на основании устаревших принципов и подходов,
- ДНК из могилы должны были полностью химически деградировать за прошедшие 70 лет,
- опубликованная характеристика фрагментов ДНК показывает, что образцы явно были загрязнены, поскольку таких длинных фрагментов ДНК не могло остаться столь такого длительного хранения; а это делает результаты исследования неверными. Анализировали явно свежие, длинные, недеградированные молекулы ДНК, а значит, это были современные примеси.

А самое главное -

- мы провели анализ мтДНК из пальца великой княгини Елизаветы Федоровны, извлеченного в 1981 году из ее гроба, хранящегося в Иерусалиме, и показали, что мтДНК Елизаветы не совпадает с

опубликованной в 1984 году последовательностью мтДНК ее сестры Александры. Это означает, что или Екатеринбургские останки не те, или они те, но их образцы ДНК были загрязнены и дали не те результаты.

Ну, знаете! Тут и у специалиста голова кругом пойдет. А газеты пишут, что все хорошо и гладко, и все вопросы сняты – да вопросов, собственно, и не было. Полное торжество чистой науки.

Так кто же прав? Давайте разбираться. Правда, меня последняя статья не то, что не убедила, а совсем наоборот. Вызвала полное недоверие своей гиперизбыточной негативной оценкой. Напомнила доклад одного полковника о том, почему он сдал крепость. Полковник перечислил семнадцать причин, а потом добавил, что у них еще и боеприпасов не было. Но самое главное то, что в статье не было ни слова, а совпал ли гаплотип Елизаветы с гаплотипом принца Филипа! Потому что если не совпал, то грош цена всей этой статье. Либо вся концепция об анализе гаплотипов царской семьи вообще в принципе разваливается. Но об этом-то важнейшем вопросе статья полностью умалчивает. Стало ясно, что статье в самом деле грош цена, и, более того, она абсолютно неэтична ни в научном, ни в моральном отношении.

Но сомнения в идентификации останков она, конечно, заложила, или усилила. Русская православная церковь результаты экспертизы тоже не признает. Когда в начале декабря (2008) старший следователь по особо важным делам следственного комитета при прокуратуре России Владимир Соловьев ознакомил с результатами последних генетических экспертиз тогда еще здравствующего патриарха Московского и всея Руси Алексия II, тот поручил протоиерею Максиму, секретарю синодальной комиссии по канонизации святых, лишь присутствовать на конференции, которая состоится в Екатеринбурге 15 января 2009 года для объявления итогов экспертизы. В записке патриарх написал: «Протоиерею Максиму Максимову. Прошу быть наблюдателем на данной конференции». «То есть кроме как быть наблюдателем, мне ничего не поручалось», - уточнил М. Максимов.

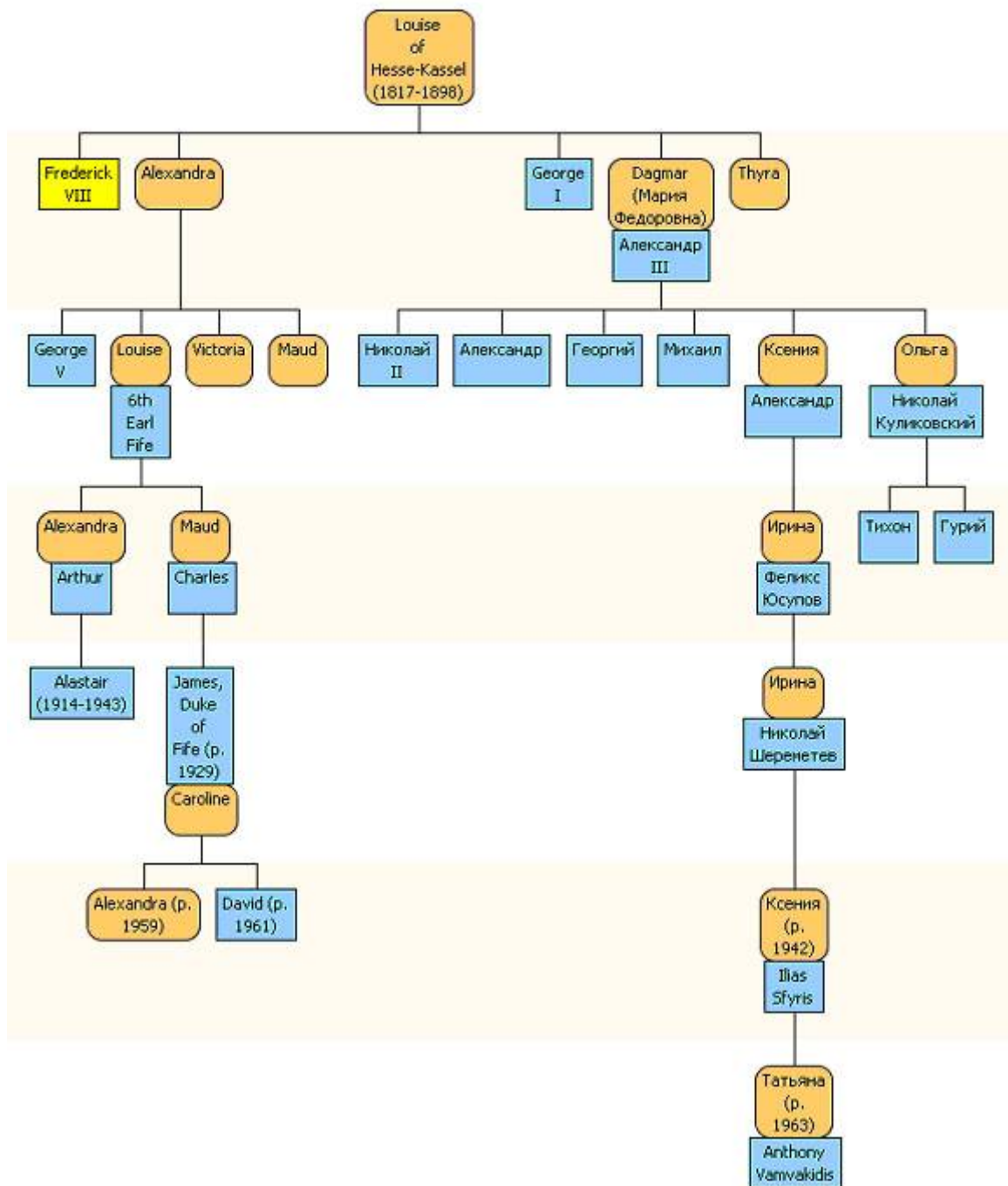
Так давайте разбираться. Вопросы как минимум следующие: (1) Кто все-таки дал свою мтДНК как образец для сравнения с мтДНК с предполагаемыми царскими останками, и какова ее достоверность? (2) Действительно ли мтДНК из останков деградировала настолько, что ее

определение не представляется достоверным, (3) Действительно ли мтДНК Елизаветы не совпала с мтДНК Александры и ее дочерей, и, существенный вопрос – насколько не совпала? (4) Совпала ли мтДНК Елизаветы с мтДНК принца Филипа (если это действительно он, кто предоставил свою мтДНК), и если не совпала, то насколько не совпала? Согласитесь, есть разница – не совпала на одну-две единицы в номере одного нуклеотида из тысяч, или она абсолютно «из другой оперы», более того, совпала, например, с мтДНК лаборанта, кто проводил анализ?

Остальные вопросы и трогать не будем, они к ДНК генеалогии отношения не имеют, и их можно придумывать сотнями, было бы желание.

Итак, вопрос первый: откуда взялась мтДНК для сопоставления с останками?

Взглянем на фрагмент генеалогического дерева ветви европейских монархов, идущей по женской линии от Луизы фон Гессен-Кассель, бабушки Николая Второго. Мать самой Луизы была Шарлотта Датская, бабушка – София Фредерика, супруга принца Датского и Норвежского.



Эта ветвь, естественно, неполная, иначе в ней должны были быть отражены десятки, если не сотни человек. Суть в том, что здесь показаны две отдельные ветви, потомки которой предоставили свою мтДНК для идентификации мтДНК Николая II, и для сопоставления с ДНК других

останков из могилы. Там, в первой найденной могиле, были найдены останки девяти человек, предположительно царя, царицы, трех дочерей, трех слуг и врача царской семьи. Останки предположительно четвертой дочери и царевича были найдены только через 16 лет, а именно год назад, во второй могиле.

ДНК для анализа предоставили три человека – (а) принц Филипп, муж ныне здравствующей английской королевы Елизаветы, (б) Ксения Николаевна, потомок родной сестры Николая Второго, Ксении Александровны, и английский герцог Джеймс Карнеги, потомок королевского рода по материнской линии.

Если мы проследим по женской линии, то есть по желтым фигуркам от королевы Виктории вниз по поколениям (первая генеалогическая схема выше), мы увидим, что принц Филипп должен иметь ту же мтДНК, что и дети Александры Федоровны, включая Анастасию и царевича Алексея. Как мы помним, мтДНК передается мужчинам в первом поколении, а затем на них обрывается. А вот у Николая Второго мтДНК будет уже другая, он в первой генеалогической схеме «со стороны», его мтДНК - по его матери и бабушек по материнской линии.

Зато согласно второй схеме, мтДНК Николая Второго будет та же, что у его бабушки Луизы по материнской линии, и та же ДНК будет и у его сестры Ксении, и у ее правнучки Ксении, что родилась в 1942 году, и у герцога Джеймса Карнеги, который родился в 1929 году и до сих пор здравствует.

И вот когда сравнили мтДНК останков с мтДНК Филиппа, Ксении и Джеймса, получили следующую картину. Верхняя строка – это нуклеотиды в стандартной (кембриджской) последовательности мтДНК, с соответствующей нумерацией (выписанной вертикально, например, первая цифра – это 16111).

	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	7	1	1	2	3	3	3
	6	6	6	6	6	6	6	6	6	6	6	6	3	4	9	6	0	0	1
	1	1	1	2	2	2	2	2	2	3	3	3		6	5	3	9	9	5
	1	2	6	6	6	7	9	9	9	0	1	5					.1	.2	.1
	1	6	9	1	4	8	3	4	6	4	1	7							
Стандартная последовательность	С	Т	С	С	С	А	С	С	Т	Т	Т	А	Т	Т	А	.	.	.	
Мужской скелет (1)									С						Г	С	С	С	
Мужской скелет (2)										С					Г			С	
Мужской скелет (3)				Т		Т	Г			С					С	Г		С	
Мужской скелет (4)					Т									Г		Г	С	С	С
Мужской скелет (5)		С	У					Т	Т				Г			Г			С
Женский скелет (1)	Т											С				Г			С
Женский скелет (2)	Т											С				Г			С
Женский скелет (3)	Т											С				Г			С
Женский скелет (4)	Т											С				Г			С
Принц Филип	Т											С				Г			С
Графиня Ксения		С	Т					Т	Т				Г			Г			С
Герцог Джеймс		С	Т					Т	Т				Г			Г			С

(Нумерация скелетов здесь другая, нежели в официальных документах, что в данном случае не имеет никакого значения). На основании этих данных и антропометрических измерений было сделано заключение, что скелет (5) – останки Николая Второго, поскольку наблюдается совпадение по всем мутациям (кроме одной, что было объяснено наличием гетероплазии (известное явление, при котором у одного человека имеется несколько вариантов митохондриальной ДНК) с графиней и герцогом, все женские – царицы и трех дочерей – по ним полное совпадение с мтДНК принца Филипа, мужские скелеты (1) – (3) принадлежат слугам, и (4) – доктору Боткину. Мутация в нуклеотиде 263 обнаружена у всех в данном исследовании, поскольку они чрезвычайно распространены (имеется, кстати, и у меня – автор).

Это исследование чрезвычайно убедительное, и уже вошло в учебники. Нет оснований в нем сомневаться, если только не было прямой подделки, что просто исключено. Нет оснований также считать, что мтДНК Анастасии и Алексея будут другими.

Глядя на таблицу выше, теперь мы можем с полным основанием написать, как выглядит схема мутаций в мтДНК Николая Второго, или в просторечии как выглядит его мтДНК

16126С, 16169С/Т, 16294Т, 16296Т

73G, 263G, 315.1С

и мтДНК Александры Федоровны с дочерьми Ольгой, Татьяной, Марией и Анастасией, и сыном Алексеем

16111Т, 16357С

263G, 315.1С

Это и сопутствующее исследование также позволило со всей убедительностью доказать, что Анна Андерсон, которая с 1920-го года до своей смерти в 1984 году активно поддерживала версию, что она и есть чудесным образом спасшаяся Анастасия – на самом деле совершенно другой человек. Для этого были использованы образцы ее биологической ткани, хранящиеся в госпитале, в котором она проходила обследование и лечение. Недавно было проведено исследование, которое показало, что ее мтДНК в первой строке имеет следующий вид:

16126С, 16266Т, 16304С, 16344С

И с помощью частного детектива, нанятого королевской семьей, еще в 1920-х годах удалось собрать сведения, что Анна Андерсон – по всей вероятности полька голландского происхождения Франциска Шанцковска. Но окончательно доказать это тогда не удалось. И только в наше время было показано, что родственник Шанцковской по материнской линии имеет точно такой же гаплотип, как показано выше. Строго говоря, это может быть крайне маловероятным совпадением, но здесь не только гаплотип совпал, но и масса привходящих обстоятельств. Так что вопрос практически закрыт, но знаменитый кинофильм 1956-го года *Anastasia*, в котором главные роли играли Ингрид Бергман и Юл Бриннер, так и остался знаменитым.

Вопрос второй - действительно ли мтДНК из останков деградировала настолько, что ее определение не представляется достоверным?

Собственно, ответ на него уже получен и описан выше. Сам вопрос откровенно намекает на фальсификацию данных. Для работ такого масштаба и значимости, к тому же тех, которые непременно будут проверяться и перепроверяться разными людьми, вопрос, конечно, злонамеренный и несерьезный. Но поскольку я обещал разобраться, будем продолжать разбираться.



В цитированной выше статье Л.А. Животовский, не принимая результаты исследований и их заключение, настаивает, что мтДНК, пролежавшая в земле 70 лет, приобретает состояние «древней ДНК», и химически деградирует до фрагментов размером меньше чем в 250 нуклеотидов, или вообще разлагается практически полностью. А поскольку в исследовании

царских останков, по словам Животовского, размеры мтДНК были до 1223 нуклеотида, о чем и сообщено в статье исследователей, то этого просто – по словам Животовского – быть не может. Это – результат загрязнений свежей, современной ДНК, и – по словам Животовского – сводит на нет все полученные данные.

Начнем с того, что первое обвинение Л. Животовского уже неверно. Таблица, приведенная выше, и скопированная из опубликованного исследования царских останков, в оригинале приводит размеры фрагментов нуклеотидов, для которых определялись последовательности. Все они укладываются в диапазон от 634 до 760 нуклеотидов. Это не так принципиально, но «осадок остался». Осадок всегда остается, когда некто, называющий себя ученым, пускается во все тяжкие, чтобы дискредитировать коллегу.

С этим ясно. Теперь выслушаем одного из авторов исходной работы, доктора Эрику Хагельберг (из ответов на вопросы авторов статьи в Atlantis Magazine (2005) Helen Azar и Margarita Nelipa; последняя имеет интернетовский ник Belochka). Д-р Хагельберг – специалист по исследованиям древних (ископаемых) ДНК: «Я исследовала сотни образцов ДНК из ископаемых человеческих костей. Иногда это получается, иногда – нет. Обычно мне взгляда на кости достаточно, чтобы оценить, насколько велик или мал шанс на успех определения мтДНК. Если кости твердые и белые, шанс на успех высок. Кости Романовых на вид определенно были вполне пригодные. При работе с костями Романовых я вообще не работала с современными ДНК (так что вероятность загрязнения ими практически отсутствует – АК). В целом, я много работала с костями человека и животных возрастом от десятков лет до тысяч лет, так что привыкла работать с ДНК, сильно деградированными. До работы с останками Романовых я работала в двух судебно-медицинских исследованиях, еще в 1990-м году, когда это дело только начиналось в судебной медицине. Сначала мы исследовали ДНК останков жертва убийства. Потом мы работали с останками предполагаемого Иосифа Менгеле. Там останки вообще лежали в бразильских тропиках. Так вот, работать с останками Романовых было легче в техническом отношении, чем с археологическими останками. У меня были примеры работы с фрагментами ДНК размером в 800 нуклеотидов из средневековых костей. И я вообще не видела большой проблемы в работе с ДНК из останков Романовых.

Помимо этого, известный американский генетик, специалист по геному человека, профессор Мэри-Клэр Кинг провела независимый анализ мтДНК из образца, извлеченного из зуба предполагаемой Александры Федоровны, и подтвердила идентичность мтДНК с ДНК принца Филипа. Более того, ее изучение останков Николая II подтвердило и гетероплазмию его мтДНК. Д-р Кинг даже не стала публиковать свои данные, объяснив это тем, что они полностью воспроизводят уже опубликованные.

В 1994-м году была проведена эксгумация останков Великого князя Георгия, брата Николая II. Образцы костей были переданы в Лабораторию по идентификации ДНК при Военном Институте патологии в Мэриленде, США, и те обнаружили у Георгия ту же редкую гетероплазмию нуклеотидов цитозина и тимина в положении 16169 мтДНК, что и у Николая. По расчетам специалистов, такое совпадение имеет вероятность менее одной 100-миллионной - и это не считая других совпадений антропологического и прочего характера.

Наконец, еще одно независимое исследование, проведенное Е. И. Рогаевым по изучению мтДНК из крови Тихона Куликовского, сына Ольги, сестры Николая II, опять показало совпадение мутаций в мтДНК с Николаем, включая ту же гетероплазмию С/Т.

Думаю, что и на второй вопрос мы ответ получили.

Вопрос третий - действительно ли мтДНК Елизаветы не совпала с мтДНК Александры и ее дочерей, и, существенный вопрос - насколько не совпала?

Обращаемся опять к статье Л.Животовского. Она, эта статья, подробно описывает скорбный путь гроба с телом великой княгини Елизаветы Федоровны от места ее убийства в Алапаевске. Ее тело было опознано отцом Серафимом, ее священником, и членами комиссии под председательством Н. Соколова, назначенной правительством Белого движения. Гроб с телом был вывезен на восток Сибири, затем в Шанхай, и далее в Иерусалим, где находится по сей день, в русской православной церкви святой Марии Магдалины. В мае 1982 года гроб был вскрыт, и палец покойной был помещен в шкатулку и доставлен в Нью-Йорк. Палец представлял собой кость и затвердевшую ткань. Как кость, так и ткань анализировались в 2003-2004 гг для определения строения мтДНК.

В работе Животовского и др. была получена следующая картина мутаций в мтДНК Елизаветы:

16111С, 16129А, (16111Т), (16129G), 16327Т, 16357Т, (16327С)

Мутации во второй строке не определяли. При определении делали 19 попыток тестирования первой мутации Александры, и 21 попытку второй мутации в верхней строке ее гаплотипа. В скобках показаны те мутации, которые определялись хуже, то есть проявились меньшее количество раз в попытках.

Для сравнения напомним гаплотип Александры:

16111Т, 16357С

263G, 315.1С

Л. Животовский в своей работе часто упоминает, что с такими древними тканями трудно работать, и воспроизводимость опытов плохая. Оттого и мутации на схеме выше в скобках. Тем не менее, мы видим, что обе мутации в верхней строке Александры воспроизвелись, хотя и в меньшем количестве попыток, и вместо 16357С у Л. Животовского получилось 16357Т. Но поскольку у него же получалось то 16327С, то 16327Т, то можно полагать, что чехарда с С и Т - это издержки работы с частично деградированной мтДНК. К слову сказать, комбинация мутаций 16327Т и 16129А, как получилось у Животовского при анализе останков Елизаветы, в природе вообще не известна, и, возможно, просто сбой в определении. Л. Животовский об этом, правда, в выводах статьи не упоминает. Он пишет либо о «неполном соответствии», либо о том, что «действительная последовательность мтДНК Елизаветы не совпадает с последовательностью, сообщенной в исследовании Екатеринбургских останков».

Не упоминает он и о том, что полученный или гаплотип Елизаветы в той же степени не совпадает и с гаплотипом принца Филипа. Хотя там мтДНК вовсе не древняя. Ни слова об этом в статье нет.

Действительно, трудно работать со старыми образцами ДНК. Особенно когда нужно любой ценой опровергнуть и дискредитировать выводы научного соперника.

Видимо, и этот вопрос закрываем. Собственно, и на четвертый вопрос мы тем самым ответили

Вывод – все в порядке с анализом гаплотипов мтДНК царских останков.

ПОСЛЕСЛОВИЕ

При изложении этой истории я пытался держаться в рамках именно анализа мтДНК, и не связываться с пререканиями и скандалами, бушующими на виртуальных страницах Интернета и в реальной жизни. Как в любой острой жизненной ситуации, в этом деле есть свои короли и шуты, паяцы и наушники, воры и самозванцы, и есть науськивающая толпа, окружающая ристалище. Зачем мне вступать в это дело, когда я могу писать о том, что могут далеко не все? А писать о скандалах может каждый.

Но последние материалы изменили мое мнение, и я уделю некоторое место тому, почему Русская Православная Церковь заняла отстраненную, сугубо наблюдательную позицию в деле признания царских останков истинными. Причина тому – все те же наушники и паяцы, которые умудряются виться вокруг Святейшего Патриарха и сбивать его с толку. А он – человек, и, как и все люди – тоже слаб. Или просто осторожничает.

В итоге, на сегодня в силе остается вывод, сделанный на заседании Священного Синода от 26 февраля 1998 года: -- Решение Государственной Комиссии об идентификации найденных под Екатеринбургом останков как принадлежащих Семье Императора Николая II вызвало серьезные сомнения и даже противостояния в Церкви и обществе.

-- Поскольку с тех пор, насколько известно, не было новых результатов научных изысканий в этой области, захороненные 17 июля 1998 года в Санкт-Петербурге "екатеринбургские останки" на сегодняшний день не могут быть признаны нами принадлежащими Царской Семье.

Более того, представитель епархии сообщил, что "в вопросе о принадлежности новых останков, найденных в окрестностях уральской столицы, Церковь придерживается прежней позиции: пока ученые не придут к единому мнению относительно того, чьи это останки, мы не сможем признать их принадлежащими Романовым".

Как читатель уже понял, а профессионал это и так знает – ученые к единому мнению никогда не придут. Это просто не в природе ученых, касается ли дело идентичности царских останков, или любого другого вопроса, имеющего отношение к науке. Потому что, как говорят в научной среде, ученый скорее воспользуется зубной щеткой своего коллеги, чем примет его научную концепцию в неизменном виде.

В феврале уже прошлого, 2008 года, состоялся «круглый стол», организованный редакцией «Общенационального русского журнала» и Православным Информационным агентством «Русская Линия», по вопросу об идентификации останков царской семьи. В дискуссии принимали участие старший следователь по особо важным делам Следственного комитета при Генеральной прокуратуре РФ В.Н. Соловьев, доктора и кандидаты исторических наук, журналисты, писатели, богословы.

Как видим, ни одного специалиста по ДНК-анализу среди них не было. Естественно, дискуссия пошла по пути «он сказал»-«она сказала». На мой взгляд – совершенно тупиковый путь дискуссий. Так и получилось. Это была, на мой взгляд, очередная попытка судилища над В.Н. Соловьевым как представителем научной стороны, которая выявила идентичность царских останков.

Да, с процессуальной точки зрения в деле были допущены неточности и ошибки. Это В.Н. Соловьев сам признает. Да, не все было вовремя запротоколировано и заверено. Да, при каждом, даже малейшем элементе дела теоретически можно и нужно было организовывать присутствие международных наблюдателей, представителей церкви, судебно-медицинских экспертов, компетентных иностранных ученых, членов царской семьи, лично О.Н. Куликовской, докторов и кандидатов исторических наук. Так и ходить с такой свитой в поисках захоронения, это было бы технически правильно. Более того, по мнению агрессивных скептиков, так и нужно было сделать. Потому что как нашли захоронение – а эксперты уже все здесь, с самого начала, все в стерильных латексных перчатках, комар носа не подточит. Но для этих критиков у меня есть новость – в жизни так не бывает. Хотя, конечно, придирааться можно всю оставшуюся жизнь. Но поскольку все экспертизы ДНК совпали, причем выполненные разными людьми и в разных местах – то идентификация останков проведена.

Однако дилетанты в анализе ДНК, сидящие вокруг круглого стола, не только не принимали эту идентификацию, но про нее даже и не упоминали. Обсуждали что угодно, любые десятистепенные «моменты», но только не данные ДНК анализа. В качестве равных по значимости (!!)-факторов, а судя по тональности судилища, и несравненно более важных, принималось то, что «земля над могилой должна была осесть, а значит, это было бы заметно при осмотре территории комиссией Соколова в 1919-м году». То, что останки тел могли бы быть погружены в полужидкую грязь, которая практически не оседает, в голову агрессивных скептиков, видимо, не приходит. И так далее, возражения подобного же порядка. Очередное масштабное возражение – «Ольга Николаевна Куликовская-Романова результаты анализа не признает» (!!). На каком основании она не признает, какие конкретные данные ДНК-анализа, где эти данные – ничего за круглым столом не было показано. О том, что Е.И. Рогаев выделил из крови Тихона Куликовского мтДНК и показал, что она такая же, как мтДНК Николая II Романова – об этом за круглым столом и не упоминалось. Да, собственно, что с того, что она не признает? О.Н. Куликовская потомком царской семьи вообще не является. Она – жена царского племянника Тихона Куликовского, сына полковника Николая Куликовского и княгини Ольги, сестры Николая Второго. Кстати, сам Тихон Куликовский фамилию Романов никогда не носил. Откуда эта фамилия появилась у его жены – можно только догадываться. Впрочем, любой имеет право взять себе любую фамилию.

Еще аргумент – там рядом нашли 15-копеечную монету 1930-го года выпуска, а также копейку, алтын и пятак выпуска 1943 года. Всё, захоронение не то. Вопросы еще есть? Это, напоминаем, окрестности Екатеринбурга. Как пишут по этому поводу официальные скептики – «фактически это может означать, что захоронение никакого отношения к Дому Романовых не имеет». Хоть стой, хоть падай.

Еще аргумент – как сообщает профессор В. Попов, в исходном захоронении были обнаружены два зуба, предположительно подростка 13-15 лет. Как пишут скептики, цитата – «при этом эти зубы почему-то никогда никем не исследовались. В тепер обнаруженных останках на челюстях есть выбитые зубы. Учитывая, что зубы не горят, можно спросить, куда они делись?»

Вот тепер надо, наверное, скептиков спрашивать, а те два зуба в челюсти были, а потом выбиты, или они отдельно лежали? Если отдельно, то при чем здесь выбитые зубы? Ну хорошо, зубы куда-то делись, непорядок. Надо

найти и кого-то примерно наказать. Только какое это имеет отношение к тому, что ДНК царских останков идентифицирована, возможно, и без тех зубов? Что делать будем? Как жить дальше?

Еще аргумент, в отношении «несовпадения» мтДНК Елизаветы и ее сестры Александры Федоровны. Выше мы уже разбирали это в подробностях, и убедились, что анализ мтДНК Елизаветы в работе Л. Животовского был трудным и плохо воспроизводимым, анализ много раз повторяли и получали разные данные, часть из них совпали, часть были близки по положению мутаций, часть были то одно, то другое. В устах агрессивных скептиков за круглым столом это – цитата – «категорически не совпадает с тем, что было обнаружено под Екатеринбургом». Замечаете – уже «категорически не совпадает». Вот так выстраивается линия нападения. Это что – передергивание или невежество? И кто же этот, позвольте спросить, специалист, который «категорически не совпадает» – наверное, специалист в ДНК-анализе? Ну, как же, как же! Это – специальный корреспондент "Русского журнала" и главный редактор Православного Информационного агентства "Русская Линия".

Еще аргумент – останки не те, потому что «перед этими так называемыми "захоронениями членов царской семьи" не служит никаких молебнов, нет и личного поклонения верующих». Значит, отсюда вытекает, что анализ мтДНК подделан. Сильно, не так ли? Сами же ведут активную компанию через все источники информации, что останки не те, и сами же с удовлетворением отмечают, что не те, потому что народ их не почитает. Здорово.

Еще «аргумент» – японский исследователь Тацуо Нагаи получил какие-то другие данные, о которых известно только вот это – цитата – «результаты ДНК не совпали». Еще цитата – «Выяснилось, что структуры ДНК разные». Еще цитата – «Японские генетики доказали на 100 процентов, что экспертиза проведенная группой господина Иванова была чистой воды халтурой». Где эта структура мтДНК, определенная японцами, в чем она разная, в каких мутациях, где она опубликована (ответ: нигде – АК), как она выглядит – об этом за круглым столом ни слова. О том, как хранил Тацуо Нагаи материалы для анализа – вообще не известно, как анализировал, какими методами – тоже. В коротком описании своей работы в реферате на конференции было написано «анализ ДНК проводился обычными методами». Замечательно. Это – насмешка над стилем научных сообщений и над аудиторией. О том, как именно попали образцы останков из России в

Японию и о том, что сейчас по этому поводу, судя по поступающей информации, готовится судебное дело – к нашему материалу отношения не имеет, поэтому не будем на этом останавливаться. Хотя забавно, что фигурантом здесь является именно профессор В. Попов, который бил тревогу по поводу пропажи двух зубов. Речь идет о банальной краже и о нелегальном перевозе образцов через границу, в Японию. Как они перевозились, в отношении интактности материалов – суд, видимо, будет разбираться. Может, это те зубы и были? Но об этом за круглым столом, конечно, тоже не говорилось. Как и то, совпали ли японские данные с мтДНК современников – Филипа, Ксении, Джеймса? Если не совпали – то грош цена этим данным. А если совпали – то совпали и с мтДНК останков царской семьи. Тоже мне, ребус.

То есть читать эту «дискуссию» и пытаться понять основания для позиции агрессивных скептиков просто невозможно, если оперировать рациональными категориями. Но слово «рациональными» здесь неуместно. Категории у скептиков нерациональные, какие-то сюрреалистические, коктейль неудовлетворенных амбиций, ревности, да и банального невежества, если уйти в область понимания и анализа ДНК, важности выводов анализа. Похоже, для них это – темный лес, а вот нахрапистость, агрессивность, скандалы – родная стихия.

И вот эти люди активно и успешно сбивают с толку руководство Русской Православной Церкви, и не только его. 5 декабря 2008 года пошло очередное воззвание президенту РФ Д. Медведеву, премьеру В. Путину и Священноначалию Русской Православной церкви с очередным сообщением, что «у следователя В.Н.Соловьева и его сторонников много известных и компетентных критиков». О компетентности этих «критиков» мы уже имели возможность убедиться. Они, эти люди, постоянно обращаются через свои средства печати и информации к широкой аудитории, и Интернет гудит от недоверчивых, да и злобных комментариев одуроченных и некомпетентных читателей, «представителей трудящейся общественности» в адрес специалистов в ДНК-анализе и старшего следователя В.Н. Соловьева. Я не удивлюсь, если после публикации этого материала тоже стану мишенью этого народа, и потоком пойдут обвинения о том, что я «проплачен» врагами народа, а также ЦРУ, НКВД, ЧК, иудейским и прочим сионизмом и мировым капиталом. Я, может, и проплачен, только вот деньги не доходят. Кто-то их перехватывает.

На этом и подведем.

Литература

М. К. Дитерихсъ. Убийство царской семьи и членовъ дома Романовыхъ на Урале. Типографія Военной Академіи, Владивостокъ, Русскій островъ, Пристань 36-го полка. 1922 г. 675 с.

Н. А. Соколов. Убийство царской семьи. Издательство Спасо-Преображенского Валаамского монастыря. 1998 г. 391 с.

АЗБУКА ДНК-ГЕНЕАЛОГИИ

Некоторые понятия генетики и их связь с ДНК-генеалогией

Елена Березовская

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

С появлением скоростных систем обмена информации мы вошли в информационный век, и это послужило значительным толчком для интенсивного развития многих наук, в том числе и генетики. Самой генетике, науке о генах и их строении, уже более 100 лет, однако длительный период времени внимание концентрировалось на ее практическом применении в генной инженерии растений и животных – создавались новые сельскохозяйственные сорта растений и породы животных. Медицинская генетика, которая изучает строение генетического материала человека и наследственные заболевания, развивалась медленнее, так как процент наследственных заболеваний был очень низким, а технология проведения ДНК-тестирования и определения набора хромосом была слишком дорогостоящей для большинства медицинских и научно-исследовательских учреждений. Благодаря усовершенствованию технологий и обмену информацией о полученных результатах ДНК-тестирования возникла ДНК-генеалогия, которая соединила в себе достижения и знания многих других наук (см., например (Клёсов, 2006a; 2006b; 2007a; 2007 b; 2008)).

ДНК-генеалогия не только связана с теоретической разработкой гипотез возникновения человечества, его продвижения и распространения по всему земному шару, появления народов, народностей и этнических групп, но эта наука нашла широкое практическое применение – определение родственных связей между дальними и ближними поколениями, фактически, создание материнских и отцовских родов. В отличие от обыкновенной генеалогии, где определяется родословная человека, то есть перечень поколений, устанавливающий происхождение и степень родства,

ДНК-генеалогия пользуется совершенно другими критериями определения родовых связей людей, скорее не в ширину, с учетом всех членов рода, а в глубину, от поколения к поколению по отцовской или по материнской линии. В какой-то степени, результаты ДНК-тестирования с точки зрения ДНК-генеалогии вызывают замешательство у некоторых людей, ибо они путают разные категории этого тестирования, смешивая такие понятия как геном, кариотип, генотип, фенотип, гаплогруппа, гаплотип.

С интенсивным развитием генетики в отношении генетических особенностей человека, его происхождения, ученые пытаются использовать эти данные в интеграции с данными других наук – антропологии, социологии, географии, истории, биологии, химии, физики и т.д. Поэтому все чаще поднимаются вопросы о связи генетической информации человека с его специфическими внешними признаками, которые зачастую определяют принадлежность человека к определенной расе, народности, этнической группе. И здесь появилось очень много противоречий и споров. У многих людей проявляется интерес к своему прошлому, в особенности прошлого предыдущих поколений, выяснению истоков своего происхождения и связи родов через поколения. Некоторые из них поднимают вопросы «генетической» элитности, «чистокровности», расовости, не без цели создания своей специфической группы, организации, рода. Доходит до серьезных споров, как сохранить чистоту «генетической линии рода» у определенной группы людей, что по этому поводу говорит ДНК-генеалогия, можно ли считать гаплогруппу признаком «генетической чистоты» и т.п.

Очень модными стали разговоры о принадлежности к «элитному» роду, то есть о далекой или близкой родственной связи с известными личностями прошлого, занимавших, в первую очередь, высокий социальный уровень в обществе. Найти генетическую связь с «голубо-кровными» родами пытаются многие люди, и не всегда не без корыстной цели. Само понятие «голубая кровь» возникло в испанском обществе в XIX столетии, когда произошла смесь нескольких родов Кастильских аристократов с другими европейскими аристократическими родами, и среди смуглых отпрысков этих родов было немало потомков с бледной белой кожей, через которую просвечивались венозные кровеносные сосуды. Современные искатели родственных связей с элитными родами пользуются другой терминологией: чистокровность, породистость. Однако эти понятия более приемлемы в мире животных и растений, где под сортом или породой понимают специфические внешние признаки (фенотип), определяющиеся набором

определенных генов (геномом), передающихся по наследству, при скрещивании с представителями с таким же геномом. Поддержание чистоты фенотипической линии во многом зависит от поддержания чистоты генетического фонда, отвечающего за специфические фенотипические признаки, и проводится с помощью селективного отбора. У людей селективный отбор не уместен, однако относительная чистота «социальной породистости» поддерживается определенными законами передачи наследства и правовой силы правления родом, семейством, государством (например, потомство от морганатических браков лишается социального статуса, права на наследство и других привилегий рода).

Немало споров появилось среди антропологов о делении всех людей на специфические группы (расы, народы, этнографические группы) и учетом достижений генетики. Не так давно все люди были разделены на расы по внешним признакам, в основном по цвету кожи, и некоторым особенностям строения тела и скелета. Народы и народности, а тем более этнические группы, «стусевывались» при таком делении людей. «Физические» антропологи считали, что деление на расы и другие группы должно основываться только на специфических внешних и внутренних признаках, то есть на фенотипических признаках. «Культурные» антропологи утверждали, что деление людей на расы должно быть с учетом не только фенотипических признаков, а с учетом географических, культурных, этнографических, лингвистических особенностей группы. С развитием генетики и ДНК-генеалогии два основных отряда антропологов разделились на еще большее количество спорящих группировок. Одни ищут связь между расами, народами, этническими группами и их специфическими геномами или генотипами, чем и занимается генетика человека. Другие ищут ту же связь между гаплогруппами или гаплотипами, чем занимается ДНК-генеалогия. Кто из них ближе к «истине», и можно ли использовать гаплогруппы в совокупности с антропологическими данными при определении специфики народа, народности, этнической группы?

Давайте обсудим ряд понятий, связанных с ДНК, генами и хромосомами, которые могут доминировать в одних «ген»-науках и не иметь отношения к другим, и попытаемся ответить на заданные вопросы. Итак, какая разница между геномом, генотипом, кариотипом, гаплогруппой, гаплотипом и какова между ними связь?

Единственная связь, которая существует между этими понятиями, является ДНК, которая хранится в хромосомах человека. Гены – это те участки ДНК

(дезоксирибонуклеиновая кислота), которые несут закодированную информацию о строении определенного белка или РНК (рибонуклеиновая кислота). Все процессы в человеческом организме начинаются и проходят на химическом и физическом уровнях, в первую очередь. И самым первым звеном в передаче информации с ДНК будет синтез белков, которые в дальнейшем будут определять специфические признаки и функцию клетки, биологической ткани, органа, системы органов и всего организма в целом. Эти признаки представляют собой фенотипическое проявление генетической информации. Таким образом, фенотип – это внешние и внутренние признаки строения человека, которые определяют его специфичность не только как индивидуальной особи природы, но и принадлежность к специфической группе людей по разным категориям (пол, рост, цвет кожи, цвет глаз и т.д.).

Участки ДНК, которые составляют гены и несут информацию о строении белка или РНК, по предположению ученых занимают только 2% всего генетического фонда человека. Значение многих участков ДНК в хромосомах человека пока что не изучено. ДНК-генеалогия изучает те участки ДНК Y-хромосомы, которые не несут генетическую информацию, поэтому не определяют внешние признаки человека.

Набор хромосом человека называется кариотипом и он является специфическим для единственного вида людей, проживающего на планете, - *Homo sapiens*. У мужчин кариотип состоит из 22 пар соматических (аутосомных) хромосом и пары половых хромосом XY. X-хромосому мужчина получает всегда от матери, а Y-хромосому – от отца. У женщин кариотип содержит 22 пары соматических хромосом и одну пару половых XX, где одна X-хромосома от матери, а другая – от отца. Каждая пара соматических хромосом содержит по две аллели генов, отвечающих за какие-то специфические признаки. Однако фенотипически (наружно) будут проявляться признаки доминантного гена, или же иногда проявление двух аллельных генов будет смешанное.

При ряде хромосомных аномалий набор хромосом может быть на одну-две хромосомы больше или меньше, и люди-носители таких кариотипов будут страдать определенными дефектами развития. Таким образом, кариотип не может использоваться для категоризации людей по каким-то признакам, в том числе на этнические группы, за исключением деления их на мужчин и женщин (по половым хромосомам).

Набор генов, отвечающих за специфические признаки человека, называется геномом. Геномом может быть множество – зависит от того, какие признаки нас интересуют. Например, если разделять людей по цвету кожи и волос, то можно определить набор генов, которые отвечают за окраску кожи и волос. Однако, чем больше расширять диапазон признаков, которые характеризуют, например, какую-то определенную группу людей с заданными «параметрами» внешности, то «чистота» генома будет наблюдаться только в выбранном поколении людей. Хотя следующему поколению передается по 50% генетического материала от матери и отца, но какие именно половинки хромосом отца и матери, полученные ими от их отцов и матерей, передадутся следующему поколению (то есть, в каком процентном соотношении ребенок получит генную информацию от дедушек, бабушек) неизвестно, так как комбинация половинок 22 соматических хромосом может быть разная. Предположение, что ребенок получит по 25% генной информации от каждого дедушки и бабушки с материнской и отцовской линии, ложное.

Чтобы понять лучше систему передачи соматических хромосом, возьмите две колоды карт, где будет 22 карты разных мастей, но попарно одинакового ранга. Например, одна колода содержит валет крестовый, другая – валет бубновый, по две разных шестерки, восьмерки, туза и т.д. Этот набор «карт» составляет кариотип человека, который он получил от своих родителей – одну «колоду» от матери, другую «колоду» от отца. При созревании половых клеток, как у мужчин, так и у женщин, идет деление этих клеток по механизму, отличающемуся от деления обычных клеток, и каждый сперматозоид и каждая яйцеклетка получит по одной хромосоме из 22 пар хромосом – по одному «валету, королю, тузу, шестерке» и т.д. Эти хромосомы-«карты» могут «перетасовываться», переходя из одной «колоды карт» в другую в процессе деления половой клетки. Однако, неизменно будущий мальчик всегда будет получать Y-хромосому от отца, что используется в ДНК-генеалогии. Как видите, предсказать какой именно набор соматических хромосом получит ребенок, а потом его ребенок, а потом ребенок ребенка, и так далее, невозможно, хотя математически можно вычислить сколько существует всевозможных комбинаций для 22 пар хромосом.

Возможно, некоторые половинки хромосом передаются в комбинации с другими по определенным законам природы, о которых ученые пока что знают мало. И, не исключено, что может быть найдена связь между гаплогруппами и геномом человека, что в совокупности будет проявляться

специфическими фенотипическими признаками гаплогрупп. Пока что о такой связи мы ничего не знаем.

Таким образом, «чистота» геномов «разбавляется» из поколения в поколение довольно спорадически, и применение селективного отбора в отношении человека, как это делают в поддержке чистоты фенотипической, в первую очередь, линии при выращивании сортов растений и пород животных, невозможно, да и не этично. Использовать геном для характеристики расы, народа, народности, этнической группы тоже нерационально, так как специфических геномов нет, хотя над этим работают антропологи с генетиками вместе. Проблема в том, что придти к обоюдному согласию, какие фенотипические признаки считать строго специфическими для этого народа или этнической группы, а какие нет, не удастся. И, вправду, разве у всех коренных русских людей русые волосы и голубые глаза?

Генотип содержит совокупность геномов человека, хотя порой геномом называют весь генотип человека. Но, другими словами, генотип человека определяет его фенотип, то есть как человек выглядит. Зачастую на проявление фенотипа имеет влияние внешняя среда. Влиянием внешней среды объясняется возникновение рас людей. Если внимательно посмотреть на карту мира, то тропические и экваториальные районы Земли заселены чернокожим населением. Средние полосы заселены «желтым» населением. А чем ближе к северу, тем больше доминирует белое население. Имеет ли генотип связь с гаплотипом и гаплогруппой? Генотип человека содержит половые хромосомы, и Y-хромосома используется для определения гаплогруппы у мужчин. А вот в отношении женщин такого не скажешь – в ДНК –генеалогии используется митохондриальная ДНК, которая находится вне хромосом, а поэтому вне генотипа.

Остается разобраться с понятиями гаплогруппы и гаплотипа. Здесь тоже существуют некоторые неточности в определении этих понятий людьми не только без медицинского образования, но и с медицинским образованием. Для ДНК-генеалогии важны те участки ДНК в Y-хромосоме и митохондриальной ДНК, где происходят определенные изменения в виде единичного нуклеотидного полиморфизма (SNP) и коротких tandemных повторений нуклеотидов (STR), совокупность которых определяет какой гаплотип у человека и к какой гаплогруппе он принадлежит. Такая категоризация людей, благодаря ДНК-генеалогии, пока что единственная четкая классификация современного поколения в отношении связи со

всеми другими существовавшими поколениями людей, которая совпадает с миграцией человечества и заселением планеты, историческими фактами, этническими и культурными особенностями, возникновением и развитием языков.

Важно понимать, что мутации, в том числе SNP, возникают и в соматических хромосомах, на генных участках ДНК, и они могут провоцировать развитие метаболических (обменных) заболеваний человека. Эта область медицины изучается молекулярной генетикой. Оказывается, многие заболевания начинаются именно с поломки гена в виде SNP, которая частично компенсируется организмом, пока другие факторы (возраст, нерациональное питание, вредные привычки, условия внешней среды и др.) не спровоцируют проявление генных изменений на уровне обменных процессов, что повлечет за собой развитие болезни. Но к ДНК-генеалогии SNP мутации в соматических хромосомах отношения не имеют, как и наоборот, SNP, которые изучаются ДНК-генеалогией, ничего общего с обменными заболеваниями не имеют.

Заключением и обобщением вышесказанного является данная таблица:

Кариотип	Набор хромосом соматических и двух половых (46,XX или 46,XY). При ряде хромосомных заболеваний набор +/- 1-2 хромосомы	Хранится в ядре клеток, в том числе половых клеток	Всегда индивидуальный для каждого человека	Не передается по наследству в целом виде – только в половинном наборе	Определяет фенотип человека индивидуально	Изучается медицинской генетикой
Генотип	Полный набор генной информации человека, отвечающей за фенотипические признаки. Состоит из геномов	Хранится в виде неидентичных аллелей двух идентичных хромосом, и в половых хромосомах	Всегда индивидуальный для человека	Передается по наследству, однако, какая из двух хромосом передастся – неизвестно	Определяет фенотип человека индивидуально	Изучается медицинской генетикой, судебной медициной
Геном	Набор генов, отвечающих за специфический	Может храниться в одной или разных	Может быть общим для группы людей, выбранных по определенным	Может передаваться по наследству	Определяет специфические фенотипические признаки	Изучается медицинской генетикой, геномной инженерией,

	(е) признак(и)	хромосомах.	критериям-признакам	но спорадически, неселективно		антропологии
Гаплотип	«Гаплоидный генотип» - набор не-генных участков ДНК с STR (для ДНК-генеалогии), генных участков и SNP в молекулярной генетике	У-хромосома у мужчин, цитоплазматическая митохондриальная ДНК у женщин – в ДНК – генеалогии, соматические хромосомы в других науках	Общий для гаплогруппы (в ДНК-генеалогии) Индивидуальный для человека	Передается или по мужской линии только, или по женской линии – в ДНК генеалогии, передается спорадически – в других науках	Не определяет фенотипические признаки (пока что такая связь не доказана) – в ДНК-генеалогии, Может проявляться фенотипически метаболическими заболеваниями	Изучается ДНК-генеалогией, судебной медициной, молекулярной генетикой
Гаплогруппа	Набор не-генных участков с SNP (в ДНК-генеалогии) Набор всех гаплотипов у человека	У-хромосома у мужчин, цитоплазматическая митохондриальная ДНК у женщин – в ДНК – генеалогии,	Общий для больших групп людей	Передается или по мужской линии только, или по женской линии – в ДНК генеалогии,	Не определяет фенотипические признаки – в ДНК-генеалогии	Изучается ДНК-генеалогией, молекулярной эволюцией

Таким образом, исследование ДНК, ее различных участков, как и хромосом в целом, находит широкое применение в разных современных науках, включая немедицинские науки. Однако интерпретировать результаты этих исследований, а также категории и понятия, связанные с генной и генетической информацией человека, для категоризации людей на определенные группы, в том числе на расы, народности, этнические группы, рода, необходимо с учетом их ограничений и спецификой применения. ДНК-генеалогия «приблизилась» к четкой и правильной категоризации людей больше всех других наук, представляя ценные данные, которые могут использоваться историками, антропологами, лингвистами, археологами и другими учеными. Хотя между гаплогруппами и фенотипическими признаками людей, как и определенными геномами, принадлежащих к этим группам, связь не подтверждена, так как гаплогруппы не определяют фенотип, однако не исключено, что такая связь может существовать через неизвестные ученым механизмы. Интеграция

ДНК-генеалогии с другими науками позволит понять специфику возникновения рас, народов, народностей и этнических групп и ответить на многие вопросы, ответы на которые пока что весьма противоречивые и неточные.

Литература

Клёсов А. А. (2006а) Се-человек, часть 1, <http://www.lebed.com/2006/art4606.htm>

Клёсов А.А. (2006b) Се-человек, часть 2, <http://www.lebed.com/2006/art4614.htm>

Клёсов А.А. (2007а) Хинди-руси бхай-бхай с точки зрения ДНК-генеалогии, или откуда есть пошли славяне. <http://www.lebed.com/2007/art5034.htm>

Клёсов А.А. (2007b) Иосиф и его братья, или взрослые игры с молекулярной генеалогией. <http://www.lebed.com/2007/art4914.htm>

Клёсов А.А. (2008) Откуда появились славяне и "индоевропейцы"? Ответ даёт ДНК-генеалогия. <http://www.lebed.com/2008/art5375.htm>, <http://www.lebed.com/2008/art5386.htm>

Полемические комментарии к «Азбуке»

С. Каржавин

Положения и извлечения из статьи Е. Березовской представлены курсивом.

Некоторые замечания

ДНК-генеалогия ... нашла широкое практическое применение – определение родственных связей между дальними и ближними поколениями, фактически, создание материнских и отцовских родов.

Мне сильно не нравится понятие «род», как это часто интерпретируется (думается, что это когда-нибудь войдет в строго научное русло). Одно дело, когда для решения НАУЧНЫХ ЗАДАЧ мы определяем «род» как древовидную МАТЕМАТИЧЕСКУЮ структуру, соединяющую современных МУЖСКИХ потомков и первопредка, и другое дело, когда эта МАТЕМАТИЧЕСКАЯ конструкция начинает в сознании многих конкурировать с существующим ОБЩЕПРИНЯТЫМ (но не сформулированным четко в обыденном сознании) понятием «рода» как совокупности ближайших ПО КРОВИ (ГЕНОТИПУ) и, соответственно, юридически взаимосвязанных МУЖСКИХ и ЖЕНСКИХ особей. А ведь именно так и понимали и понимают у всех народов это важнейшее понятие – «род».

Одни ищут связь между расами, народами, этническими группами и их специфическими геномами или генотипами, чем и занимается генетика человека. Другие ищут ту же связь между гаплогруппами или гаплотипами, чем занимается ДНК-генеалогия. Кто из них ближе к «истине», и можно ли использовать гаплогруппы в совокупности с антропологическими данными при определении специфики народа, народности, этнической группы?

Генотип и гаплотип связаны, но очень специфическим образом. Поскольку в древности и Средневековье народы (некочевые) жили в определенной степени обособленности друг от друга, то и гаплотипы мигрировали не так

активно, как в наше время. Следовательно, определенная корреляция преобладающей в народе гаплогруппы с неким «усредненным» генотипом (фактически, доминирующим антропологическим типом) имелась, да сейчас еще имеется, НО ТОЛЬКО В СРЕДНЕМ по всей популяции. То есть, конкретный, скажем, монгол может иметь гаплогруппы R1a1 или J2, но в среднем монголы имеют 50% C3c и 25% O.

Если мы от «одномерного» анализа по гаплогруппе переходим к «двумерному» по гаплогруппе и антропологическим признакам, то мы фактически переходим к анализу генома, т.е., мы синтезируем первый и второй вариант – анализ генома и анализ гаплотипа. На определенном этапе исследований это дает дополнительный эффект.

Очень модными стали разговоры о принадлежности к «элитному» роду, то есть о далекой или близкой родственной связи с известными личностями прошлого, занимавших, в первую очередь, высокий социальный уровень в обществе.

По этому поводу мне очень понравилось положение, высказанное на нашем Форуме rodstvo.ru, что знание родства с великим предком мобилизует и наполняет человека ответственностью за свои дела.

Замечено, что в советских лагерях наиболее достойно вели себя священники и представители аристократических родов. Кстати, так же вели себя и многие представители аристократии и при крушении Титаника: погибли, помогая другим, хотя могли бы и выжить.

Возможно, некоторые половинки хромосом передаются в комбинации с другими по определенным законам природы, о которых ученые пока что знают мало. И, не исключено, что может быть найдена связь между гаплогруппами и геномом человека, что в совокупности будет проявляться специфическими фенотипическими признаками гаплогрупп. Пока что о такой связи мы ничего не знаем.

Во-первых, хромосомы друг от друга физически не зависят, так как разнесены пространственно довольно далеко друг от друга.

Во-вторых, конкретная гаплогруппа (гаплотип) – это результат мутаций в Y-хромосоме, в то время как формирование конкретного набора генов у ребенка осуществляется из отцовского и материнского наборов генов соматических хромосом. Не просматривается даже идея, как «гаплотипные»

мутации (одна на 100 поколений) могут быть связаны с механизмом формирования генома. Иное дело, что формирование генома ребенка может быть не совсем случайным, и, скорее всего, это так и есть. Но если нас интересуют только некие интегральные характеристики (температура газа в целом, а не скорости отдельных молекул), то вполне допустимо продолжать пользоваться моделью стохастического способа формирования генома ребенка.

применение селективного отбора в отношении человека, как это делают в поддержке чистоты фенотипической, в первую очередь, линии при выращивании сортов растений и пород животных, невозможно, да и не этично.

В реальности у всех без исключения народов на Земле не только допускается такая мысль, а на это настроены и обычаи взаимоотношений с «чужеземцами», и поэтому политкорректность, веротерпимость и пр. – это в основном для внешнего потребления, а на практике обычно совершенно иное. Мало того, генная инженерия, я уверен, скоро изменит и этику. Как только появится возможность «заказывать» у ребенка формирование определенного генного набора (хотя бы, корректировать состояние генов), тут же будут этим пользоваться, в частности, выращивая «элиту».

Имеет ли генотип связь с гаплотипом и гаплогруппой? Генотип человека содержит половые хромосомы, и Y-хромосома используется для определения гаплогруппы у мужчин. А вот в отношении женщин такого не скажешь – в ДНК – генеалогии используется митохондриальная ДНК, которая находится вне хромосом, а поэтому вне генотипа.

Ну, так и Y-хромосома также находится «вне» соматических хромосом, и поэтому независима от них.

Если внимательно посмотреть на карту мира, то тропические и экваториальные районы Земли заселены чернокожим населением. Средние полосы заселены «желтым» населением. А чем ближе к северу, тем больше доминирует белое население.

Часто, но не всегда. Монголоидные в большинстве своем с гаплогруппами Q, N, да и C живут СЕВЕРНЕЕ европеоидов. Европеоидные арабы и прочие семиты живут южнее многих монголоидов.

Если чернокожесть – явно результат приспособления к ультрафиолету, кучерявость и длинноноготь – приспособление к повышенной теплоотдаче в жарких широтах (как коротконоготь, маленький рост и пухлость народов Севера – приспособление к уменьшению теплоотдачи в северных широтах), то монголоидность – большая загадка. Утверждения, что узкоглазость – результат приспособления к ветрам и степному климату тут же разбивается «европейскими» глазами арабов в пустыне.

Использовать геном для характеристики расы, народа, народности, этнической группы тоже нерационально, так как специфических геномов нет, хотя над этим работают антропологи с генетиками вместе. Проблема в том, что придти к обоюдному согласию, какие фенотипические признаки считать строго специфическими для этого народа или этнической группы, а какие нет, не удастся. И, вправду, разве у всех коренных русских людей русые волосы и голубые глаза?

Проблема не в том, что нет генов, отвечающих за какие-то определенные признаки (они как раз есть), а в том, что такое – раса? Кого принимать за представителей чистой расы? Аналогия такая же, как с Кембриджским эталоном мтДНК. В Африке огромное количество народов, и все – «чернокожие» разных расцветок. Конечно, можно выделить представителей, скажем, наиболее архаичной гаплогруппы А, а из них обладателей базового гаплотипа и принять их за эталон чистой расы (закон больших чисел белых людей с таким гаплотипом усреднит и минимизирует). Но ведь за все это время расовые признаки «уплыли», поскольку есть механизм приспособляемости к внешним условиям. Раскопки, к сожалению, на это полный ответ тоже не дают.

Гаплогруппа	Набор не-генных участков с SNP (в ДНК-генеалогии) Набор всех гаплотипов у человека	У-хромосома у мужчин, цитоплазмальная митохондриальная ДНК у женщин – в ДНК-генеалогии,	Общий для больших групп людей	Передается или по мужской линии только, или по женской линии – в ДНК генеалогии	Не определяет фенотипические признаки – в ДНК-генеалогии	Изучается ДНК-генеалогией, молекулярной эволюцией
--------------------	---	--	--------------------------------------	---	--	---

Я увидел некорректное использование термина «геном» в своей собственной статье, опубликованной в предыдущем выпуске Вестника, поскольку имел в виду полный набор генов соматических хромосом, отвечающий за фенотип, т.е. должен был использовать термин «генотип», а не «геном». Правда, у меня в статье есть толкование термина «геном» именно в смысле «полного набора», тем не менее, в дальнейшем надо будет это учесть.

Мнение, что гаплогруппа является общей для больших групп людей и определяет этнос, наверное, неистребимо, хотя и верно лишь в малой части.

ДНК-генеалогия «приблизилась» к четкой и правильной категоризации людей больше всех других наук, представляя ценные данные, которые могут использоваться историками, антропологами, лингвистами, археологами и другими учеными.

Как я понимаю, ДНК-генеалогия не занимается категоризацией людей, у нее другие задачи.

Хотя между гаплогруппами и фенотипическими признаками людей, как и определенными геномами, принадлежащих к этим группам, связь не подтверждена, так как гаплогруппы не определяют фенотип, однако не исключено, что такая связь может существовать через неизвестные ученым механизмы.

Если такая связь вдруг будет обнаружена, например, опосредованно через аномальную скорость мутаций у каких-то индивидов, имеющих «дефектные» гены, отвечающие за процесс деления клеток, то, думаю, для задач ДНК-генеалогии – это все равно будет фактором малого порядка.

Некоторые общие соображения, которые я вынес из статьи

1. Проблемы обособления определенных групп людей по различным признакам, будь то гаплогруппы, принадлежность к определенному генеалогическому древу (Рюриковичи, Морганы, Стюарты, мак-Дональды), проблемы «чистоты крови», оказываются очень востребованными в обществе и сейчас (и не только для оценки качества селекции собак). Меня

это сильно удивило. Значит, я своим исследованием (точнее, расчетом), проведением в предыдущем выпуске Вестника, попал в точку, правда, непонятно, в какую именно.

2. Автор очень доходчиво объяснила механизм формирования генотипа ребенка. Из этого объяснения я дополнительно убедился в правильности интерпретации механизма формирования генома (на самом деле, генотипа!) у ребенка, который я применил в своем моделировании, и это лишний раз успокаивает, поскольку я этот механизм сейчас использую, и буду далее это делать, дополняя его всякими мелкими деталями.

3. Нет пока никаких строго вычисляемых критериев, по которым бы можно было судить о доле тех или иных предковых этносов у современных людей. Все антропологические, фенотипические, краниологические критерии построены на субъективном выделении неких признаков, которые считаются значимыми. Что интересно, в этом отношении математическое моделирование дает более точный численный расчет долей геномов (еще раз извините, генотипов) предков в генотипе потомков.

Правда, и мне сейчас пришлось использовать в моделировании субъективный критерий «монголоидности», который встречается во многих работах молекулярных генетиков, а именно, суммарная доля азиатских мтДНК (A, B, C, D, E, F, G, M*, Y). Хоть такой критерий мне и не очень нравится (но где другой взять?), но результаты моделирования не вызовут у них лишнего раздражения.

Дополнительные соображения

Механизм экспоненциального (во времени) уменьшения количества гаплотипов в изолированной популяции, который я исследовал с помощью статистического моделирования, действительно работает, причем, более всеобщее, чем бутылочные горлышки популяции.

Обратите внимание на Уэльс (82% R1b, периферия Англии), Шотландию - 72,5% (тоже изолированный район), Швейцарию - 50% R1b (хотя в центре Европы, но все средневековье в самоизоляции в горах, к себе никого не пускали, а сами в качестве наемников свои гаплотипы разносили по всей Европе).

Кельты, завоевав Западную Европу (географически – это типичный полуостров с сухопутной границей от Венеции до Гданьска), уперлись в Атлантический океан и с запада, и с севера, да и с юга (Пиренейский п-ов). В результате этого без притока новых гаплотипов гаплогруппа R1b1 стала «поглощать» все остальные. То же самое видим и на Пиренейском полуострове: несмотря на его величину, он сильно географически оторван от остальной Европы, вот и имеем большой процент R1b (Испания – 70%, Португалия – 56%). Ирландия – 79% R1b (периферия Европы), Франция – 61% R1b. А в Восточной Европе такой географической изоляции не было, вот и меньшее преобладание какой-либо гаплогруппы.

Интересно, что в Норвегии и особенно сильно изолированной Исландии моногаплогруппности не наблюдается, что соответствует историческим сведениям об их позднем заселении, т.е., какая-либо гаплогруппа не успела еще стать доминантной.

В Индии изолированная популяция (R1a1) была создана не благодаря географической самоизоляции, а по политическим и религиозным соображениям. В результате наблюдаем значительное преобладание гаплогруппы R1a1 у высших каст.

Аналогичная картина моногаплогруппности (N, C, Q) у народов Севера. Что интересно, по причине случайности, у одних на Дальнем Востоке и Камчатке со временем начала преобладать Q, у других – C, а у третьих – N.

Замечу, что эффект бутылочных горлышек популяции был везде, поскольку чума, неблагоприятные условия жизни, войны, эпидемии были везде: и в Восточной Европе, и в Западной Европе, и в Византии, и в Азии. Тем не менее, в открытых географически районах (Средняя Азия, Турция) имеем максимум энтропии по гаплотипному составу (например, турки, узбеки).

По поводу моих дальнейших работ (анонс)

Сейчас уже закончил отлаживать более сложную модель развития популяции, и теперь приступаю к моделированию «омонголивания» европеоидного (скифо-сакского) населения Казахской степи гуннами, тюрками, монголами и, наконец, калмыками. К сожалению, из-за сложности

дели, да и постановки задачи, предварительный этап потребовал много времени.

У казахов мы в настоящее время имеем определенный гаплогруппный состав Y-DNA и mtDNA. Аналогично, главные претенденты на «омонголивание» - монголы, калмыки (ойраты), также имеют свой гаплотипный состав. Сделаем некие предположения о гаплогруппном составе европеоидного населения степи, например, по андроновско-тохарскому гаплогруппному составу (без добавочного С), или можно взять за основу и южнорусский вариант. Далее, задаваясь процентом проникновения представителей монгольской/калмыцкой национальности (мужчин и женщин, причем, мужчины, в отличие от женщин - в основном доминанты), изучить, с каким темпом происходит «омонголивание», сколько поколений нужно, чтобы достичь состояния превращения саков в казахов. Соответствует ли это той хронологии, которая сегодня принята. Должен сказать, что уже первые тестовые прогоны модели уже заставили меня призадуматься.

Ответ Е.Березовской:

Слово "род" имеет много понятий и интерпретаций. Совершенно верно, можно использовать то понятие, которое подходит в определенном случае, определенной науке. Очевидно, специфическое определение слова "род" в ДНК-генеалогии возникло из-за смешивания понятий "родословная" и "род". Мужские и женские линии в ДНК-генеалогии являются в какой-то степени родовыми линиями по мужской или женской линии, и далеко не родословными, национальными или этнографическими линиями. Если говорить о степени родства, то так или иначе, мы все родственники в некоторой степени. Но это грубое определение связи. Более тонким определением родства занимается генеалогия.

Если рассматривать определение генеалогии как науки, то слово "генеалогия" является производным двух греческих слов: γένεα, genea - «семья», у европейцев - «корни», и λόγος, logia - «знания», «наука». С одной стороны, это историческая дисциплина. С другой стороны, эта наука изучает родственные связи между людьми, поколениями, и занимается составлением родословных. ДНК-генеалогия не является наукой,

возникшей сама по себе, а является синтезом генеалогии и генетики, и эта наука тоже занимается определением родства между поколениями, но используя свои правила и законы. Отрицать практическое значение ДНК-генеалогии в этом направлении, то есть определении родства - это отрицать саму науку. Помимо определения родства по женской или мужской линии (но на более дальнем временном расстоянии), ДНК-генеалогия имеет и другое применение и развитие в других направлениях (например, в судебно-медицинской экспертизе).

В своей статье я не отрицаю, что гаплотип и генотип не связаны, а допускаю такую связь, однако она не доказана пока что научно. И хотя названия рас, народов и этнических групп используются многими науками, в том числе ДНК-генеалогией, так как различия между группами людей существуют и по внешним признакам, и по этническим признакам, и по культуре и традициям, однако четкой характеристики этих групп по «генетическим параметрам» не существует, в том числе и на уровне больших групп людей – рас.

На сегодняшний момент нет точного определения рас. Классическое определение рас было основано на ряде фенотипических (антропологических) признаков. С миграцией населения планеты, возникли вопросы, кого из представителей существующих рас считать прототипом, и к какой расе отнести поколения представителей смешанных рас? Сколько в таком случае, должно быть рас? Какие представители рас самые "расовые", в том числе по антропологическим признакам, а какие "не очень"? То есть, эталонов расовых представителей нет, хотя всем понятно, что чернокожий житель Африки по внешним признакам будет отличаться от белокожего жителя Европы.

На сегодняшний момент нет четкой системы геномов, характеризующих определенные "расовые" признаки. Можно, например, говорить о процентном содержании разных геномов в какой-то популяции людей, пусть изолированной, как это осуществляется в ДНК-генеалогии при определении гаплогрупп какой-то популяции людей. Но четкой систематизации геномов нет, хотя этим вопросом занимается ряд наук (эволюционная генетика, антропологическая генетика и др.). В ДНК-генеалогии существует четкая систематизация гаплогрупп, и в этом ее преимущество, когда речь идет о систематизации групп людей.

ДНК-генеалогия изучает те участки Y-хромосомы, которые не несут гены, и ученые пока что не знают, какова роль этих участков ДНК. Говорить, что эти участки определяют какие-то фенотипические, в том числе, антропологические признаки, пока что рано. А вот в отношении женщин, когда речь идет о митохондриальной ДНК, получится своеобразная ситуация - этот вид ДНК не несет генную информацию, она не связана с геномом или генотипом человека, хотя содержит информацию о синтезе определенных видов белка, используемых митохондриями разных клеток организма. Поэтому как же быть в отношении женщин? Если Y-хромосому можно отнести к геному или генотипу человека, потому что она содержит все-таки гены, то митохондриальная ДНК - это цитоплазматическое включение клетки.

Чтобы найти связь между геномом, гаплогруппой и фенотипическими признаками определенных групп людей (рас, народов, народностей, этнических групп), должны быть сопоставлены очень многие данные по этим трем совершенно разным понятиям-категориям. Не исключено, что с развитием генетики, ДНК-генеалогии, антропологии и других наук это станет возможным.

В отношении понятий "геном" и "генотип" существует немало путаницы не только между людьми без образования в генетике, но и у людей с образованием в генетике, медицинской генетике и других смежных науках. Проблема в том, что стоит одному известному ученому использовать свой термин в интерпретации своих данных, как многие его цитаты используются другими людьми в последующих публикациях. В медицине существует тоже немало путаницы в названиях болезней, медицинской терминологии, систематизации заболеваний, категоризации лекарственных препаратов и их названиях.

Когда речь идет о геноме, классическое определение генома - это совокупность генов, отвечающих за определенные фенотипические признаки. И часто, мы можем сами выбирать эти признаки для рассмотрения. Например, давайте определим геном людей, у которых белокурые волосы, голубые глаза, тонкий нос, пухлые губы. Естественно, в такой выборке должен доминировать какой-то один геном, то есть набор генов, отвечающих за проявление этих фенотипических признаков. Чем больше признаков мы будем добавлять, тем труднее будет определить доминирующий геном, и это тоже объяснимо. Таких геномов может быть несколько в одной популяции.

Генотип - это понятие всегда было связано больше с человеком, как целым организмом. Классическое правило генетики гласит: генотип определяет фенотип. Генотип человека - это его все гены, делающего человека уникальным, отличающимся от других людей. Иногда вместо понятия "генотип" используют понятие "генофонд", но чаще всего под генофондом понимают совокупность генотипов популяции, то есть генофонд характеризует уже определенную территорию с определенным населением. Опять же, многие ученые используют генетическую терминологию на свой лад. Нередко генотип называют геномом, и наоборот.

ДНК-генеалогия - это наука, поэтому без категоризации данных (а данными являются маркеры ДНК изменений) она не сможет существовать. Какой смысл создавать гаплогруппы и, фактически, определять принадлежность человека и его предшественников по материнской или мужской линии к той или иной группе, если отрицать эту категоризацию? И, совершенно верно, ДНК-генеалогия не ищет пока что связей между геномами, генотипами, фенотипами, так как не оперирует категориями этих наук, хотя использует анализ ДНК. У многих людей создано ложное представление, что ДНК - это всегда гены, а значит это всегда какой-то внешний признак, в крайнем случае, внутренний признак, то есть фенотип человека. Как происходит сам механизм созревания половых клеток и формирование половинного набора хромосом, которые потом участвуют в создании хромосомного набора ребенка, генетике известно давно. Однако, с точки зрения поколений, неизвестно какая именно хромосома прадедушки или прабабушки, или их прадедушек и прабабушек достанется будущему ребенку, и как он будет выглядеть внешне благодаря проявлению генов в этих хромосомах. И ДНК-генеалогия не имеет отношения к передаче этих хромосом, за исключением передачи половой хромосомы по мужской линии, что определяет половую принадлежность индивидуума в первую очередь, и его фенотипические признаки как мужчины, и не более. Важно также понимать, что менделевские законы передачи генов к ДНК-генеалогии не имеют отношения.

Таким образом, ошибочное смешивание понятий генетики и ДНК-генеалогии может привести к поиску «истины» в ложном направлении, длительным спорам, где оппоненты не имеют четких представлений «что отвечает за что». А так как основой генетики и ДНК-генеалогии, и других производных наук, является изучение ДНК, то можно смотреть на совершенно разные участки ДНК разного происхождения и разного

функционального значения, и ошибочно сравнивать полученные данные, как, например, при сравнении самолета с паровозом (и тот, и другой являются средствами передвижения, но разницу заметит и ребенок). Длительные споры, где оппоненты оперируют совершенно разными понятиями, существуют до сих пор в идентификации царских останков. Вместо того, чтобы прийти к сопоставлению и объединению фактов, каждый оппонент выдвигает свою научную и ненаучную точку зрения, и волокита с царскими останками продолжается уже третье десятилетие.

ДИСКУССИИ

Языки арийский и индоевропейские, и их отношение к гаплогруппе R1a1

aklyosov:

Под арийскими языками понимают языки, ограниченные примерно началом первого тысячелетия до н.э., а под индоевропейскими - производные им языки, вплоть до современных языков индоевропейской группы.

Есть возражения против такого определения? Какие конкретно?

Igor:

Принципиальных возражений против такой формулировки нет. Впрочем, тот подход, что Вы предлагаете, имеет смысл, если есть сомнения в генетической связи древних и современных языков. Если связи доказаны, то лучше использовать терминологию, построенную по иерархическому принципу, а членение по времени сохранить для отдельных языков (например, гомеровский греческий -> классический греческий -> койне -> среднегреческий -> новогреческий).

aklyosov:

Я не понял, какой «подход» здесь предлагаю, и какая связь со сделанным «замечанием». Дело в том, что в отношении арийского языка не только «есть сомнения», но он как таковой просто отрицается современной лингвистикой. Вместо него употребляются разнообразные эвфемизмы, только чтобы не дай Бог не произнести слово «арийский». Поэтому о «доказанности связей» говорить просто не приходится. А раз их нет, то Ваше соображение, к сожалению, просто не на месте.

Ну ладно, перейдем к делу.

Как у индоевропейских языков, так и у арийских есть конкретная привязка – это исходно язык (или языки, в вариантах и диалектах) рода гаплогруппы R1a1. Этот род впервые идентифицируется на Балканах

(нынешние Сербия, Босния, Косово, Македония) в период 10-12 тысяч лет назад (данные ДНК-генеалогии), и далее, примерно 5-6 тысяч лет назад расходится с Балкан по всем направлениям – до Атлантики и Британских островов на западе, до Балтики и Скандинавии на севере и северо-востоке, до Средиземного моря с островами, Греции, Малой Азии и южнее, вплоть до Аравийского полуострова на юге, и, пройдя по Среднерусской равнине и далее Казахстан, Среднюю Азию, Южный Урал, Сибирь и до Северного Китая на востоке, переходит в Иран и Индию примерно 3500 лет назад. Это все – носители гаплогруппы R1a1, в то же время носители арийского языка в его естественной динамике. Перейдя по имени ариев в Индию и Иран, они завершили распространение арийских языков от Атлантики до Тихого океана, до Индии и Ирана. Именно поэтому эта арийская группа языков через три с лишним тысячи лет была названа «семейством индоевропейских языков».

Поначалу, в 18-19-м веках, и вплоть до 1930-х годов, их так и называли «арийскими языками». В некотором ходу были названия «индогерманские языки» и «индоевропейские». Затем, в основном по политическим соображениям, как протест против некорректного использования термина «арийские» германскими учеными и затем нацистскими политиками, возобладал термин «индоевропейские языки». Далее он некорректно был перенесен на народы и даже на конкретных людей, и, например, в археология стало обычным описывать ископаемого человека как «индоевропеец». Языковая категория была бездумно и некритично перенесена на категории антропологические, этнические, культурные.

Сейчас ДНК-генеалогия показала, что понятие «индоевропейский» в своей основе неразрывно связано с понятием «арийский», и имеет в качестве научно и количественно определяемой меры гаплогруппу R1a1. Естественно, впоследствии, да и параллельно, по мере продвижения рода ариев во всех направлениях в период, начиная с 4-го тысячелетия до нашей эры, арийский язык заимствовался другими народами и носителями других гаплогрупп, в том числе и кельтской (в данном контексте – условное название гаплогруппы R1b и ее доминирующего европейского варианта R1b1b2), индоевропейские языки уже нельзя отнести к носителям определенных гаплогрупп. Но сейчас мы знаем, что в основе индоевропейских языков был язык рода R1a1, рода ариев, арийский язык. Поэтому его разумно приравнять к тому «проиндоевропейскому языку», который уже 200 лет ищут лингвисты.

В свою очередь арийский язык (или языки) со всей очевидностью образовался из языка (или языков), на которых общались обитатели Северной Месопотамии, Южного Прикаспия, Анатолии, Передней Азии примерно 40 тысяч лет назад. В этом отношении лингвисты, указывавшие на Анатолию и западный Азербайджан, или даже более конкретно, район между озерами Ван и Урмия, были, возможно, правы. Только вместо их оценок 8-10-12 тысяч лет назад как время возникновения этих языков, ДНК-генеалогия указывает на времена примерно 40 тысяч лет назад. И, поскольку носители тех древних языков разошлись двумя противоположными путями - гаплогруппы I и J (в частности) через Малую Азию на запад, гаплогруппа R (в то время в составе других гаплогрупп) на восток, чтобы потом встретиться в Европе, корни арийских языков и надо искать в древних языках носителей гаплогрупп I и J2, более древних обитателей Европы, и сводной гаплогруппы R, из которой потом разошлись гаплогруппы арийская (R1a1) и «кельтская» (R1b1b2). Так что может оказаться, что древние лексемы двух последних гаплогрупп могут пересекаться. Более того, не исключено, что древними лексемами могут пересекаться и арийские и будущие уральские и угро-финские языки, поскольку не исключено, что носители будущих гаплогрупп R и N могли передвигаться на запад вместе, в период 35-30-25 тысяч лет назад, разойдясь в районе Памирского узла.

Вот так представляется совместная история арийских языков и их первых носителей, гаплогруппы R1a.

Таким образом, понятия «арийские языки» и «индоевропейские языки» могут сходиться или расходиться в зависимости от того, какой временной период рассматривать, и какой смысл в понятие «индоевропейские языки» вкладывать. Эти понятия можно считать идентичными, и можно считать разными. И любой вариант можно обосновать.

Igor:

Принципиальных возражений не было бы до тех пор, пока Вы не дали однозначную привязку арийских языков к народу-носителю R1a1, потомки которого дошли до Ирана и Индии. Против самого определения ничего не имею, оно удачное и точное. Но, настаивая на том, что понятия "арийский" и "индоевропейский" - это две стороны одной медали, Вы, сами того не подозревая, допускаете серьезную методологическую ошибку.

aklyosov:

Я не знаю, что такое «две стороны одной медали». Поясните, пожалуйста. Я показал выше, что это могут быть идентичные понятия (одна сторона медали?), или могут быть разные (разные медали?). Все будет зависеть от контекста и желания и намерений показывающего.

Igor:

Хорошо, я поясню. Пример в лингвистике - определение славянских языков. Культурологический термин "славянский" вполне корректно используется для определения языков с установленным родством, восходящих к единому праславянскому языку. Причем, как в любой классификации, основанной на генетическом родстве, славянские языки 1000 лет назад были славянским, остаются славянскими сейчас и будут оставаться славянскими, пока существуют.

aklyosov:

Пример неудачный. Потому что в отношении 1000 лет назад со славянскими языками есть полная договоренность, есть консенсус специалистов. А как насчет 3000 лет назад? 5000 лет назад? Они все еще славянские языки? Нет. Тогда не было ни славян, ни славянских языков. «Индоевропейцы»? Тоже нет. Не было тогда «индоевропейских языков», арии до Индии 5000 лет назад еще не дошли. Там у лингвистов – полный раздрай.

Вы противопоставляете разные вещи, и в этом – методологическая ошибка. Известно, что у лингвистов в отношении того, что я сейчас обсуждаю, ответа нет. Вот что пишут Гамкрелидзе и Иванов: «хотя происхождение индоевропейских языков изучается наиболее интенсивно по сравнению с другими, это продолжает оставаться наиболее трудной и устойчивой проблемой исторической лингвистики... Несмотря на более чем 200-летнюю историю вопроса, специалисты так и не смогли определить время и место индо-европейского происхождения». Вот что пишут Грей и Аткинсон, специалисты-лингвисты: «К сожалению, археологические, ... и лингвистические исследования индо-европейского происхождения пока не привели к единому выводу», и далее – «чтобы разрешить проблему, нужны независимые доказательства». Но когда лингвистам даешь эти независимые доказательства, они говорят, что они им не нравятся, потому что надо менять устоявшиеся положения лингвистики.

Вот такой смешной парадокс.

Igor:

По поводу лингвистов, раздрай касается невозможности установить время и место формирования языка. В чисто лингвистических аспектах, по большинству принципиальных пунктов есть согласие. Восстанавливается лексика и фонология языка, общего предка для 12-ти родственных ветвей. По схеме его распада на диалекты, признается, что первыми выделились из единого языка анатолийские, затем тохарские, вслед за ними - кельто-италийские языки. Дебаты касаются, в основном, топологии последующего ветвления и датировке узлов.

Грей и Аткинсон - не лингвисты, а биологи, что применили в своих оценках те же алгоритмы, что хорошо работали при исследовании новозеландских вьюрков.

aklyosov:

Я вовсе не утверждаю, что у лингвистов вообще нет согласия ни в чем. Естественно, ими проводится огромная работа, и проводилась столетиями. Но мы ведь об арийских языках, не так ли? Или о «индоевропейских», если угодно. И вот там – раздрай. Я как я вижу – причиной раздрая является отход почти столетие назад от разумной концепции арийского языка, который, как сейчас становится совершенно очевидным, был присущ одному на протяжении относительно долгого времени совершенно конкретному роду, с четко определяемыми ДНК-характеристиками, причем характеристиками, устойчивыми к ассимиляции на протяжении тысячелетий. Как только мы начинаем говорить об этом роде, гаплогруппы R1a1, сразу приобретает значительно большую определенность вопрос о прародине этого рода (видите, даже корни слов общие), о его связи с другими родами, о миграциях этого рода и истории миграций родов и, следовательно, языков, о сути, месте и времени бореального, ностратического и прочих древних языков.

Что касается Грея и Аткинсона – замечание не принимается. Этак и Эйнштейн был не физиком, а сотрудником патентного бюро. Они – сотрудники факультета психологии Оклендского университета в Новой Зеландии, и их статьи по лингвистике публикуют ведущие журналы мира, например, Nature. Вам нужны шашечки, или Вам нужно ехать? Но Ваше замечание опять характерно, поэтому я на нем и остановился. В гуманитарных дисциплинах часто важны символы, в отличие от естественных, где важна суть. Вот символ гуманитариев – не «лингвист», а «биолог». Все, дальше их типа можно не слушать. Это у них – плохо

излечимая болезнь. Не относите к себе буквально, но об этом стоит упомянуть.

Igor:

Насколько понимаю, у Вас глубокая убежденность, что история распада языковой общности - это история клана R1a1, и все 12 языковых ветвей восходят генетически к языку этого клана. Если это действительно так, то мы имеем тот же вариант, что и со славянскими языками, и все в порядке. А если нет?

aklyosov:

Что значит - «а если»? Вот это и есть задача структурной лингвистики - показать, к одному ли языку восходят эти 12 ветвей? Если к одному - то, как Вы говорите, «все в порядке». Это и есть тот самый арийский язык, судя по всему. А если восходят к разным языкам, то это уже не ветви. Тогда одни ветви восходят к арийскому языку, а другие ветви - к какому-то другому. Например, к древнему «балканскому» языку носителей I2. Или к баскскому языку. Или к уральским языкам.

Если же лингвисты не могут эти 12 ветвей «рассортировать», тогда это не возражение. Это признание того, что их методы пока неадекватны, не могут ответить на вопрос.

Я ведь исхожу из совершенно четкой схемы. Род - это потомки одного предка, они обязаны изначально говорить на одном языке. В нашем случае - это род ариев, гаплогруппа R1a1. И действительно, мы видим принципиально один язык, один в своей основе, от Атлантики до Сибири. Вы, позиционируя лингвистом, говорите - «в нем 12 ветвей, и мы пока не знаем, восходят ли они к одному языку. Мы пока еще не договорились. Но мы возражаем, что это был арийский язык, потому что мы не знаем».

Вам не кажется, что это несерьезно? Да примите за рабочую гипотезу, и продолжайте работать. Зато уже будете знать, как интерпретировать, если ветви разойдутся. ДНК-генеалогия подсказывает, какая там может быть основа.

Igor:

За рабочую гипотезу принимаю охотно, но давать жесткую привязку арийских языков к носителям R1a1 преждевременно, потому что синхронное распространение арийских языков и R1a1 на восток

прослеживается, начиная примерно с 5000 лет до настоящего времени, тогда как становление основного массива лексики можно датировать 6000 - 7000 лет до настоящего времени, а оформление языка как самостоятельной лингвистической единицы - еще более ранней эпохой. Фактически Вы относите R1a1 только, так сказать, к "новоарийскому" языку. Что касается "среднеарийского" и "староарийского", то здесь однозначных доказательств его связи с R1a1 пока нет. Продуктивна ли для этих этапов такая рабочая гипотеза, пока неясно.

Весомым аргументом была бы находка в Малой Азии или Синьцзяне/Кыргызстане/Восточном Казахстане древних (>7 тыс. лет) гаплогрупп R1a1, возможных реликтов анатолийцев и тохар.

Пока таких подтверждений нет, возможны альтернативные гипотезы, например, что клан R1a1 перенял арийский язык (в "новоарийском" варианте) у другого народа, проживавшего поблизости, и только после этого ушел на новые территории. Возможно, в связи с изменением климата, которое практически точно совпадает по дате с началом экспансии.

aklyosov:

Да, альтернативные - это пожалуйста. Но для альтернативных гипотез тоже должны быть хоть какие-то основания. Иначе мы нарушаем принцип «бритвы Оккама». Дело в том, что гаплогруппа R1a1 имеет значительно более раннюю историю, чем от 5000 лет назад до настоящего времени. Я по сериям гаплогрупп вижу присутствие гаплогруппы R1a1 в Европе и 7 тысяч лет назад, и 9 тысяч лет назад (в Англии, например), и 11500 лет назад, на Балканах. Для простоты логичнее (по-Оккамовски) предположить, что язык у них был в принципе тот же, но, естественно, менялся во времени как и подобает языкам. Можно, конечно, с потолка предположить, что язык у них был исходно суахили, а арийский они позаимствовали у инопланетян, но с публикацией такого материала у нас будут некоторые трудности. Давайте все-таки для простоты исходить из концепций для начала лучше упрощенных, чем для начала усложненных. А там посмотрим, какие конкретные данные заставят нас эту упрощенную концепцию изменить.

И еще - допустим, мы найдем в Восточном Казахстане гаплогруппы R1a1, сплошь мутированные, и ведущие к общему предку 8000 или 10000 лет назад. Что это нам даст в отношении языка? Даже если на этих гаплогруппах

будет написано, что они тохарские, что маловероятно. А если не написано, то оппоненты всегда скажут, что эти гаплотипы там всегда были, еще от неандертальцев. Что это нам даст в отношении языков? В отношении же ДНК-генеалогии это просто подтвердит то, что мы вроде как и так знаем, что R1a1 как гаплогруппа скорее всего появилась в Азии, где-то в Сибири или в Средней Азии, на пути от Памирского узла или Иранского нагорья на север. И даже ископаемые гаплотипы R1a1 давностью 8 тысяч лет в Азии нам мало что скажут в отношении языка.

Igor:

Я продолжаю. Тут-то и всплывают недостатки модели. Во-первых, несмотря на заявление: "Я не специалист в лингвистике, но..."- Вы фактически вмешиваетесь в дискуссии лингвистов и загоняете их в прокрустово ложе очень жесткой схемы. Во-вторых, есть очень веские лингвистические аргументы, что язык, на котором говорили люди клана R1a1 приходится протокельтскому языку, предку современных гэльского и бретонского, не отцом, и даже не братом, а скорее внучатым племянником. Что получится, если мы классифицируем их оба как арийские, как Вы предлагаете?

aklyosov:

Возражения не принимаются. Первое – лингвисты сами просят вмешаться в их дискуссии, потому что они в тупике, и более ста лет не могут этот тупик разрешить. Значит, им надо что-то в консерватории поменять. Второе – арийский язык и должен приходиться протокельтскому относительно дальним родственником. Арийский – это гаплогруппа R1a, кельтский – гаплогруппа R1b. Кельты в Индию с ариями не приходили 3500 лет назад, и санскрит к проторусскому должен быть ближе, чем к протокельтскому. Можно и проще – если санскрит ближе к русскому, чем к английскому, то моя концепция верна. Ваш ответ? Что к чему ближе? Только конкретно.

Igor:

Санскрит ближе к русскому, но не вижу, какое это имеет отношение к верификации концепции. Русский и санскрит вышли из "новоарийского", английский, через протогерманский, - из "среднеарийского" этапов развития общего языка. Нужны доказательства связи R1a1 со "среднеарийским" этапом.

aklyosov:

Отношение к верификации имеет самое прямое. Дело в том, что гаплогруппа R1b появилась в Европе намного позже, чем гаплогруппа R1a1, и даже несколько позже, чем арии (R1a1) начали активно расходиться по Европе примерно 5000 лет назад. Гаплогруппа R1b появилась у намного более древних басков 3600 лет назад, в Скандинавии – 4200 лет назад, в Европе – 3900 и 4600 лет (две разных популяции), в центральной Европе – 4100 лет назад.

Так что в Европе в 3-м тысячелетии до н.э. схлестнулись два языка – «кельтский» (гаплогруппа R1b1b2) и арийский (R1a1). К тому времени арии со своим языком уже шли на восток по среднерусской равнине и закладывали андроновскую археологическую культуру в Северном Казахстане, а затем на Южном Урале. И тот факт, что языковая семья оказалась одна от Атлантики до Урала, Сибири, Тихого океана, говорит о том, что арийский язык одержал верх. Возможно, он в некоторой степени и позаимствовал от языка R1b, и поэтому русский ближе к санскриту, чем английский и французский. Думаю, это отражение не «среднеарийского» этапа в центральной и западной Европе, а просто легкой модификации арийского языка в Европе по описанным причинам.

Кстати, у меня есть несколько неортодоксальная мысль – а что, если язык басков – это и есть язык древних R1b? Они пришли на Пиренеи 3600 лет назад, и в первую очередь расселились в нынешней стране Басков и Гасконии, в силу просто их географического положения, у горлышка Пиренейского полуострова. Там сейчас более 87% и 96% R1b1b2, соответственно. Там они свой древний азиатский язык и сохранили, который потом лингвисты назвали баскским, и до сих пор ломают голову, откуда он взялся. А по всей остальной Европе возобладал язык R1a1, арийский.

Я понимаю, что лингвисты сейчас мне приведут сто одну причину, что это невозможно, но на сам вопрос не ответят, как не ответили уже предыдущие 200 лет. Я бы советовал подумать.

Igor:

Та логическая ловушка, что заложена в подмене определений "арийский", потенциально может быть использована в интересах соответствующих идеологий. Надеюсь, у них до поры до времени не хватит мозгов разобраться в сложной терминологии лингвистики и генетики, но есть же горе-популяризаторы! Как следствие - дискредитация очень интересной и

плодотворной идеи.

aklyosov:

Абсолютно не принимается. В самом понятии «арийский» ничего идеологического, и тем более негативного быть не может. Нацисты вкладывали в этот термин понятие «сверхчеловеки». В этом, и только в этом была их смертельная ошибка, которая повела за собой грандиозные преступления. А сам факт того, что была моторная гаплогруппа R1a, которая по ряду причин пошла на восток и дошла до Индии-Ирана, а другая моторная гаплогруппа R1b по ряду причин направилась на запад и заселила центральную Европу и Атлантику, и третья моторная гаплогруппа Q заселила Америку (наряду с четвертой моторной гаплогруппой C), а пятая моторная гаплогруппа O заселила Юго-Восточную Азию, не делает эти события идеологическими.

Igor:

Дело не в самом слове "арий", оно мне тоже видится более релевантным для группы языков, известных как индоевропейские. Дело в том, что в Вашем определении заложена потенциальная возможность делить языки на "чистые" и "нечистые". Первые - те, в этногенезе носителей которых участвовали R1a1 как языкообразующий элемент, вторые - те, в гаплогруппах носителей которых R1a1 не представлена или является результатом поздних ассимиляций. Еще того хуже, процент "арийскости" начнут вычислять.

aklyosov:

Опять же не принимается. Если иранские языки - а известны «средние» (с 4-3 вв до нашей эры до 8-9 вв нашей эры) и «новые» иранские индоевропейские языки - (с 8-9 вв нашей эры до настоящего времени) - являются более поздними, то какие же они «нечистые»? Нормальный ход истории вкупе с языками. А в китайском языке R1a1 вообще не представлена - что он, «нечистый»? Разруха, как говорил хрестоматийный персонаж - в головах. Кому надо - он и на ровном месте «нечистых» и «инородцев» найдет, как ему науки не объяснять.

Я понимаю, что современные индоевропейские языки могут включать как арийские, так и кельтские ветви, идущие к разным родам-гаплогруппам, но это надо показать. Но тогда надо будет приставку «индо» снять, если в Индии этих кельтских ветвей не обнаружится.

Именно поэтому я связываю понятие «индоевропейский» с «арийский» и с гаплогруппой R1a1, если кто еще не уловил. Они все три идут параллельно. Потому что в Индию-Иран язык принесли носители гаплогруппы R1a1, они же – согласно древним текстам и гимнам – арии. Кельты, носители R1b, образовавшись где-то в Азии примерно 16 тысяч лет назад, двигались далее на запад. К «индо» они отношения не имели. Вот и всё. Хотите – разделите языки на арийский и кельтский, возможно, классификация лучше будет. Но тогда снимите понятие «индоевропейский».

Igor:

Можно убрать двусмысленность в определении слова "арий". Простейший способ - зарезервировать слово "арийский" только для языков, генетически восходящих к языку этноса, определенного Вами как арии. Такое определение тем более удобно, что оно применимо вне зависимости от времени. Современные русский, литовский и хинди - арийские языки, старославянский и сарматский - тоже арийские, язык Вед - арийский, и так то до точки расхождения с ближайшими "братьями". Для всей же группы родственных языков, включая арийские, имеет смысл сохранить географический термин "индоевропейские", по крайней мере, до тех пор, пока не прояснятся в бОльших деталях связи между разными их ветвями.

На мой взгляд, от такой небольшой модификации Ваши исследования только выиграют, поскольку это добавляет больше возможностей для их согласования с данными лингвистики, антропологии и этнографии.

aklyosov:

Что касается первой части – это то, что я и предложил чуть выше, а именно арийские языки – это ветви языков, разошедшиеся от гаплогруппы R1a1. Что касается второго – то Ваше предложение неверно, потому что остаток к «индоевропейскому» вообще не имеет отношения. А назвать «европейские» - тоже будет неверно. «Кельтские» - куда ни шло, но как быть с гаплогруппами J, I и другими?

Igor:

Может быть, назвать арийско-балканскими, по аналогии с алтайскими и уральскими? Название горной системы во всех трех случаях отмечает не географическое положение (Турция в 5 тыс. км. от Алтая!), а генетическую

связь языков. Не уверен, правда, что лингвисты к этой идее с восторгом отнесутся.

aklyosov:

По мне хоть как их назовите, но название должно отражать историю или географию, а не современную идеологию. Вообще терминология – это предмет не спора, а договоренностей между специалистами.

Так что принципиальных расхождений у нас с Вами нет. То, что «индо» – это не индо, а арийские языки. Именно я об этом и писал, что термин «индоевропейский» в лучшем случае устаревший, в худшем – неверный. Индоевропейские языки – это арийские. А уж пристегивать ли к ним западноевропейские – думаю, что они арийские тоже, потому что сходные. Образовались на основе арийского. Если нет – продемонстрируйте. Но думаю, не получится. Уж очень арии, гаплогруппа R1a1, оказали в Европе большое влияние, в том числе и языковое, в период от 6 тысяч до 3 тысяч лет назад. Так, по-видимому.

Igor:

От 6 тыс. до 3 тыс. лет – да. Но сам язык – старше (8 тыс. лет до настоящего времени или больше). Мы не оставляем себе хода назад, если будут доказательства языковых переходов R1a1 в период 5000 - 6000 гг. до настоящего времени.

aklyosov:

Не стоит драматизировать. Колумб вообще Америку Индией назвал, и то ход назад нашли. Хотя то, что туземцев индейцами с тех пор называют, так и осталось. Сами туземцы, правда, недовольны, и определенно дожмут, чтобы от «индейцев» отказались. Так что если кому надо, ход назад будет.

Спасибо за обсуждение. Тема интересная, и с сюрпризами. Еще вернемся.

ДИСКУССИИ

Гаплогруппа N, ее история, распространение, закономерности

С августа 2008 года на сайте www.rodstvo.ru/forum идет дискуссия по гаплогруппе N и ее подгруппам. Здесь даны некоторые извлечения.

Для начала – некоторые сведения о номенклатуре гаплогруппы N согласно перечню ISOGG 2009 года. Ее «входной» снип – M231, он делаетвилку на N*, тупиковую, и N1 (бывшая гаплогруппа N, снип LLY22g).

Подгруппами гаплогруппы N1 являются N1a (M128), N1b (P43) и N1c (M46/Tat, или P105). Эти три подгруппы до последнего года назывались N1, N2 и N3.

N1a подгрупп пока не имеет.

N1b, помимо самой себя (тупиковой), имеет **N1b1** (снип P63, бывшая N2a).

N1c, помимо опять самой себя, тупиковой, имеет:

N1c1 (снип M178, бывшая N3a), которая подразделяется на

N1c1a (снип P21, бывшая N3a1),

N1c1b (снип P67) и

N1c1c (снип P119).

Сайт <http://dna.ancestry.com> дает следующие сведения: Родительская гаплогруппа N1 образовалась, по-видимому, 10 тысяч лет назад. Наиболее распространенная ее подгруппа, N1c, распространена по всей Евразии, и не ограничена языками. Она особенно распространена среди многих популяций в северной Сибири и охватывает почти 90% якутов. Эскимосы и ненцы имеют ее до 50%. В Европе N1c присутствует в бассейне Волги в таких популяциях, как коми, мордва и удмурты, а также среди финнов, саами и эстонцев с частотой до 60%. N1c практически отсутствует на юге и

западе Европы. Редкие случаи N1c на Британских островах обычно приписывают викингам.

Эти сведения можно добавить теми, что среди русского населения двенадцати областей от Архангельской на севере до Тамбовской и Липецкой на юге гаплогруппа N1c встречается у 14%.

Вариация N1c от севера к югу показывает весьма резкий градиент, начиная от Литвы (40%) до Польши (примерно 2%) и Белоруссии (от 2% до 6%). У финнов эта гаплогруппа встречается примерно в 60% случаев, у саамов – 49%, у шведов и норвежцев 5-7%, у русских – примерно 14%, что объясняют близостью к финнам. У русских поморов ее 20-43%.



Виктор: Гаплотипы, конечно, необходимы. Но, я думаю, что открытий здесь не предвидится. Теперь я жду дальнейших исследований, как наших, так и китайских учёных в районе Алтая, обеих Монголий, Такла-Макана и Тибета, в общем, Центральной Азии.

От ДНК-генеалогии жду:

1. Определить общих предков из племени балтов. Как долго они были балтами (уже определено: до начала - середины 11 века).
2. Определить из какого балтийского племени были предки.
3. Из какого уральского племени предки вышли, чтоб стать балтами. Когда это случилось (пока предположение 500 г до. н.э.).
4. Когда предки - угро-фины пришли в Европу.
5. Откуда и когда появились угро-фины.
6. Где и когда появился первый N1c (пока предположение - Алтай).
7. Где и когда появился первый N1a (пока предположение - Такла-Макан). На языке какой группы он говорил.
8. Где и когда появился первый N1 (пока предположение - Северный Вьетнам), его язык (пока - прото сино-тибетский)
9. Где и когда появился первый NO.
10. Каким путём добрались предки из Индии в Юго-восточную Азию. Когда это было.

Игорь: Я бы пожалуй, дополнил её ещё одним вопросом - каким путем предки попали из Ю-В. Азии в Такла-Макан. Пути всего два:

1. Вдоль Гималаев с западной их стороны, через современные Индию, Пакистан, Афганистан и перевалы в районе Карокорума в Такла-Макан (там позднее проходила одна из веток Шелкового Пути.
2. В обход Гималаев с юга и далее - через весь Южный и Центральный Китай, вместе с О.

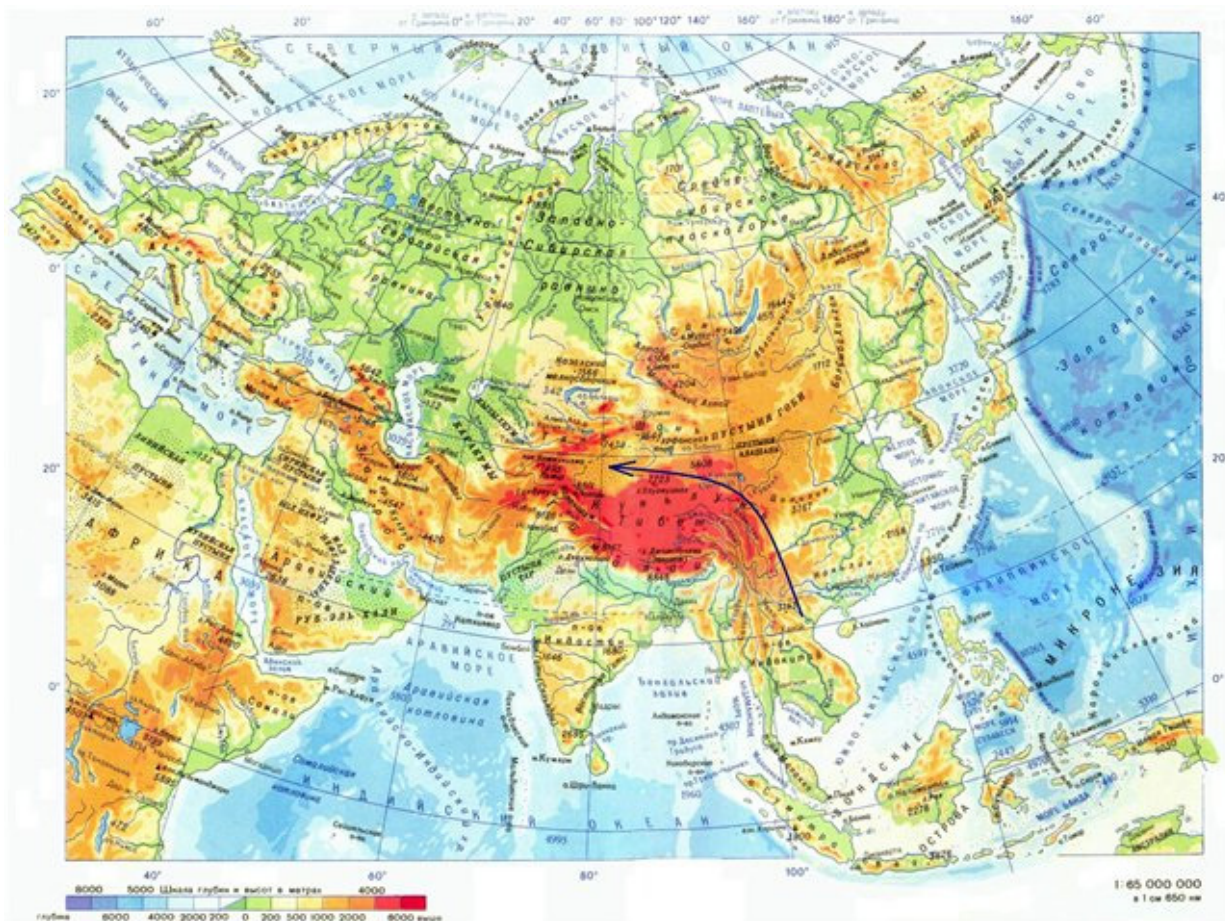
Они там должны были "наследить" - хороших убежищ в обоих случаях хватает. Преимущество первого варианта - миграции идут в основном вдоль долин рек, а не поперек. Достоинство второго - более лёгкий рельеф, но с

необходимостью переправ через крупные реки.

Как бы Вы сами прошли, учитывая что карты нет и конечный пункт неизвестен путнику - он не идет, а мигрирует, исходя из преимуществ жизни на новом месте ?

Сергей: А почему нет самого простого пути - пряником из Северного Вьетнама через Южный и Центральный Китай с восточной и северной стороны Гималаев?

Зачем и как обходить Гималаи с юга, когда путь - через Южный и Центральный Китай к востоку и северу от Гималаев (см. карту)?



Игорь: Потому, что исходно N и O пришли в Индокитай с запада и могли попасть в Такла-Макан лишь обходя Гималаи либо с севера и запада, либо с юга и востока.

Сергей: А разве N и O не должны были идти одним путем, так как до разделения они составляли общую гаплогруппу NO, и разве N появилась не в Юго-Восточной Азии?

А. Клёсов: Если до разделения - одним путем, если после разделения - могли разными. Где появилась N - для меня пока тоже вопрос.

Михаил: Допустим (доказать невозможно, это просто одна из версий) - те и другие из провинции Юньнань в южном Китае. Китай - даже до зарождения земледелия - страна богатой природы, она и охотников-собирателей может прокормить во множестве. Вот взять многократно меньший в сравнении с Китаем остров Новая Гвинея, в каждой долине - племя с тысячелетней историей, отличной от соседей. Неужели из тысяч родов, кочевавших по Китаю, не было в чистом виде O и в чистом виде N? По-моему - они все были "в чистом виде". А уж кто из них оторвался и пустился в свободное плавание до Чукотки на востоке, до Финляндии и Сувалок на западе - дело случая.

Сергей: Да, но вопрос в том - где разделились N и O.

В. Волков: Со стопроцентной уверенностью подтверждаю предположение - «В обход Гималаев с юга и далее - через весь Южный и Центральный Китай, вместе с O." Но не вместе с O, а двигалась предковая группа NO, которая отделилась от P-Q-R перед "непроходимыми горами", где "выхода было всего два - или наверх, в Среднюю Азию, либо вниз, в нынешние Пакистан и Индию, с юга. И опять поток разделился - одни, которые станут родами-гаплогруппами K, L, M, O ушли в обход гор на юг, и стали восточно-азиатами, австралоазиатами, дравидами, а наш прямой предок, который тогда входил в обобщенный род N, P-Q-R, пошел на север, в евроазиатские степи, на юг Сибири. N, впрочем, мог уйти и на юг, совершить круг и выйти в Сибирь со стороны Китая" (цитата, А. Клёсов).

NO действительно пошла на юг, обогнув Индокитай с севера, и пришли в Южный Китай (вьетнамцы - это ветвь NO, ушедшая на юг в Индокитай) . Здесь появились N и O, и, оставляя потомков по пути следования, двинулись в Северо-Восточный Китай - Манчжурию, оттуда в Монголию, где и появились N1с. Многие из N1a и N1b ушли в Корею и Японию. Дальше Саяны, Алтай, Юго-Западная Сибирь для N1с, N1b - Саяны, Приобье и Западная Сибирь.

Виктор: Следы миграций есть. А есть куда спешить? Идут и идут потихоньку. Климат меняется не сразу. Конкуренты в долины рек проникнуть большим коллективом не могут. А с малым количеством всегда можно справиться. Необходимо также учитывать, что в период 10-6 тысяч лет назад произошло значительное повышение уровня мирового океана - даже на десятки метров (см. Опшенгеймер). Все племена, которые обитали на огромном, медленно уходящем на дно континенте, объединяющем Индокитай с западной частью Индонезии, стали перемещаться на возвышенности. Как видно, племена с гаплогруппой О просто заперли носителей гаплогруппы N в одной или нескольких долинах рек. Выхода у моих предков особенного и не было - вот и всё преимущество.

Чтобы найти что-нибудь конкретное, я перелопачиваю кучу литературы, исследований китайцев. Пока на юге Китая нигде нет скопления N, кроме как на севере Вьетнама, юго-западе Китая (народы группы Yi, живущие как раз в долинах рек). У тибетских ханьцев N отсутствует. Теперь просматриваю самих тибетцев.

Но ясно, что в период повторного заселения Австралии гаплогруппами K и M - не было отдельных гаплогрупп N и O. Была гаплогруппа NO

По поводу утверждения, что территории Китая могли прокормить охотников-собирателей во множестве - не согласен. Я читал, что во время последнего ледникового периода, около 18 тысяч лет назад, практически весь Китай, кроме прибрежных районов и ушедшего под воду "континента" была практически бесплодной пустыней. Тогда-то и произошло разделение на южных и северных монголоидов с весьма характерными антропологическими признаками.

В период ледникового максимума (пока существовавшая в течение десятков тысяч лет плодородная суша позволяла туда проникнуть) шло переселение из Индии племён гаплогруппы NO, а, может быть, и других, потом не выживших, в Индокитай, а некоторых и дальше - в Новую Гвинею и Австралию.

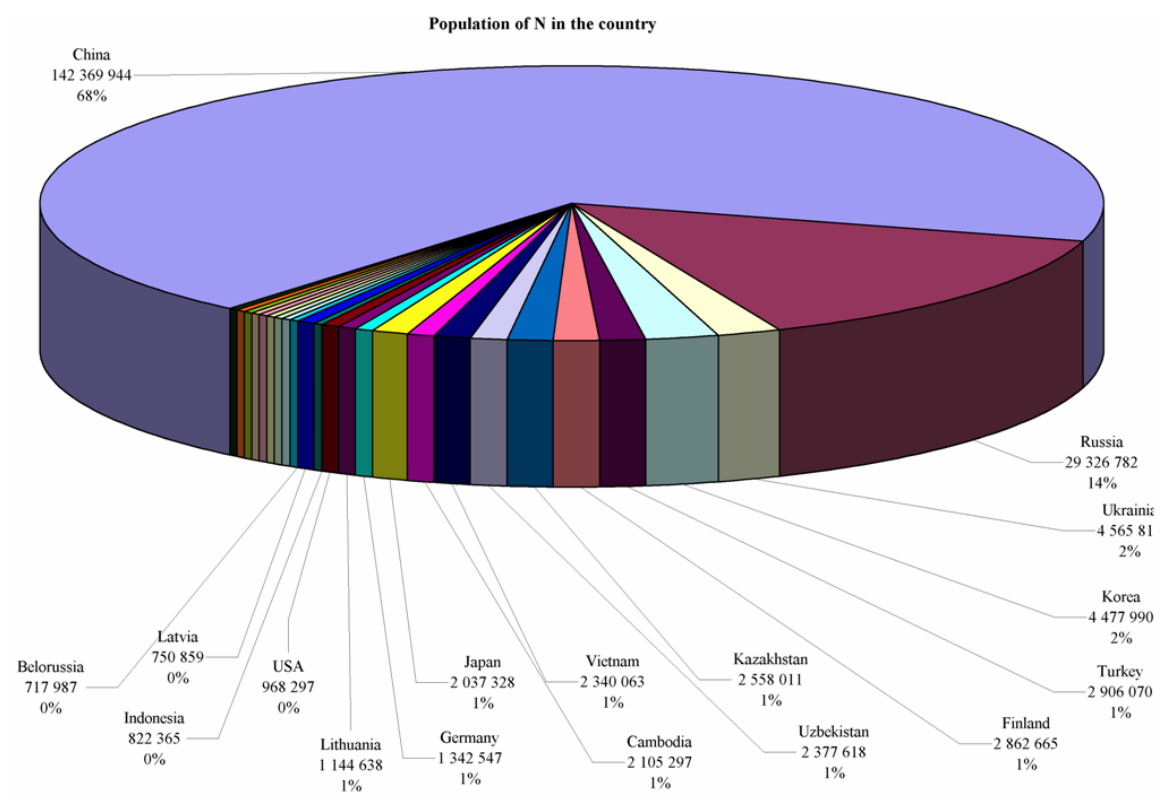
Это у R1a1 территория постоянного обитания в течение последних 4,5 тыс. лет более-менее понятна: от Эльбы до Алтая (ну, не без перемещений, конечно). А у нас - тайна, покрытая мраком. Кто ж за нас решит её? Мы же молодые ещё. В то время, как многие народы, такие, как египтяне, евреи или армяне создавали свои цивилизации, мы ещё были дикими. А вот где

мы были дикими - вот это и интересно.

На данный момент (обновления происходят постоянно) удмурты всё ещё держат наибольший процент жителей N, даже в сравнении с якутами.

http://en.wikipedia.org/wiki/Y-DNA_haplogroups_by_ethnic_groups

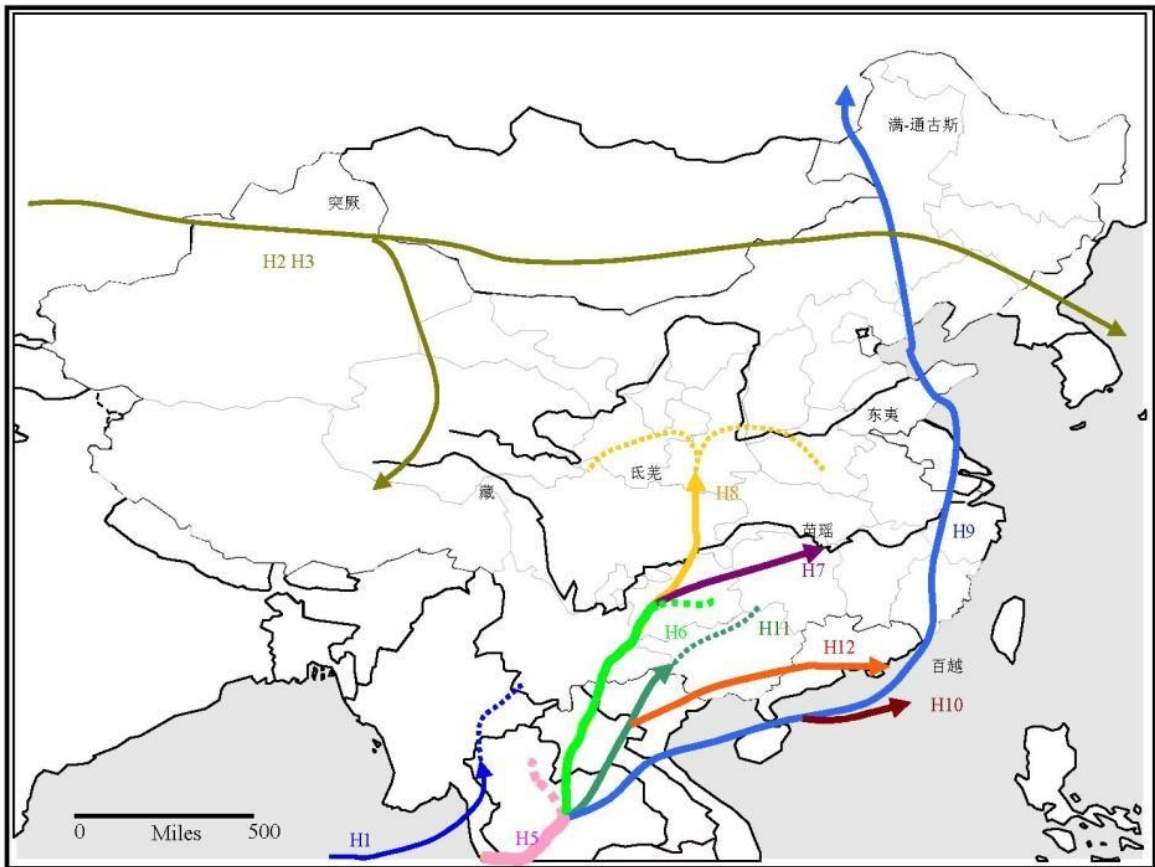
А вот – сколько носителей гаплогруппы N в Китае, в сравнении с другими:



Виктор: Мнение китайских учёных о маршрутах заселения Юго-Восточной Азии изложено в этой статье:

A Genetic Study on Genes of Human Bones in Graves LI Hui

И вот их данные:



图五三 推测 Y 染色体各单倍型的地理发生图（虚线表示扩散）

По Оппенгеймеру, были северные и южные монголоиды. О времени их появления Оппенгеймер пишет - 10 000 лет назад. В данный момент гаплогруппа O не похожа на коренную для Мамонтовой степи, это уже визитеры, «туристы». Гаплогруппа N моложе O. И представителей N* на теперешней территории очень мало, в основном N1. В Индокитае же именно N*.

Поэтому как место появления гаплогруппы N (и O) я пока рассматриваю Южные земли. А Восточную часть Мамонтовой степи, скорее всего, можно рассматривать как место обитания C и Q. Сам Дальний Восток - как место обитания D.

Кстати, восточная Мамонтовая степь и Западная, похоже, были заселены разными людьми. Может быть всё-таки какой-нибудь древний водоём препятствовал их смешению?

Владимир Л: Здесь нашли NO* (синие точки):



А здесь N1c желтые:



А здесь N* - зеленые:



На карты нанесены данные из статьи **Male Demography in East Asia: A North-South Contrast in Human Population Expansion Times**

Виктор: Насколько я себе представляю, история нашего предка по прямой отцовской линии прослеживается с переменным успехом до примерно 3500 лет до н.э., то есть 5500 лет назад.

Имеется ли у кого информация к размышлению по поводу места и времени проживания многих поколений наших общих предков в период времени 3500 - 8000 лет до н. э. (последняя цифра - мнение FTDNA о возникновении гаплогруппы N), а также о наименованиях культур, которые могут иметь отношение к гаплогруппе N на этом временном протяжении?

Насколько я понимаю, формирование китайского народа очень напоминает формирование русского народа, только начавшееся на 1500 лет раньше. Шла в основном не колонизация территорий ханьцами, а ассимиляция народов. Таким образом, народы, входившие в систему цивилизации ханьцев, через пару поколений становились настоящими ханьцами. Осталось ли хоть что-то от наших предков (в культурном плане) в культуре жителей современных провинций Китая?

Я знаю, что исследования генофонда жителей Китая идут полным ходом. Но, к сожалению, результаты издаются на китайском.

В. Волков: С данными по Китаю будем разбираться. Я тоже не могу глубже сдвинуться, все пересчитал, везде 3500 лет назад, и по европейским N1c, и по азиатским.

Виктор: Получается, что общий предок, живший 3500 назад (1500 год до н.э.), жил во время потепления климата? С запасом 4000-4500 лет назад (2000-2500 лет до н.э.) - возникновение гаплогруппы N1c? Насколько это соответствует памятникам культуры? Не должна ли у нас дата приблизиться к 5500 назад (3500 лет до н.э.)?

Лингвистические данные в нашем случае для того времени можно в расчёт не принимать. Исходный язык гаплогруппы N* - сино-тибетский, а в 500 году до н.э. (точная ли дата - не знаю) N1c говорят уже на языке, подхваченном на Алтае у местных аборигенов. (Кто были эти алтайцы по гаплогруппам? C?, Q?) И развивают его дальше. У нас в таком случае возникают несоответствия. Кто были самодийцы? N1b или какая-то другая

гаплогруппа? Насколько я помню (поправьте, пожалуйста), самодейцы с уральцами разошлись 5500 лет назад (3500 год до н.э.).

Пока ясно, что племена носителей N1c составляли моно-гаплогруппные общности до переселения в Сибирь и в Европу. Похоже, что в Европе моно-гаплогруппные племена оставались также до 500 года до н.э., а в Сибири и до начала 2 тысячелетия н.э.

Владимир Л.: Я пересчитал возраст общего предка для выборки из статьи М. Деренко - имеем 732 мутации на 236 12-маркерных (D393, D390, D19, D391, D385a, D385b, D439, D389I, D392, D389II, **D437, D438**) гаплотипов при скорости **0,0018** (если эту скорость можно использовать), тогда получаем 3550-4300 лет до общего предка при 25-30 годах на поколение.

Но если исключить 30 одинаковых бурятских гаплотипов (оставив один и изменив модальный), то получим дату **4000-4750 лет назад для общего предка N1c & N1b**, при возрасте предка для N1b - 1850-2250 лет, для N1c - 2550-3050 лет или 2850-3450 без бурят.

В статье "Migration Waves to the Baltic Sea Region" Lappalainen_et_al_2008 приведены 566 10-маркерных (D393, D390, D19, D391, D385a, D385b, D388, D389I, D392, D389II-I) гаплотипов N1c, которые имеют 1323 мутации, а какую скорость использовать не знаю; при использовании скорости 0,002 получим 3000-3500 лет до общего предка N1c в Северо-Восточной Европе - Скандинавии без России.

А. Клёсов: 732 мутации на 236 этих необычных 12-маркерных гаплотипов (скорость мутации у них в среднем должна быть 0.022 на гаплотип на поколение, или 0.00183 на маркер на поколение, дадут 4100 лет до общего предка (с поправкой на возвратные мутации). Но поскольку Вы упомянули, что в выборке есть 30 одинаковых (бурятских) гаплотипов, то так считать нельзя. Потому что при 30 одинаковых гаплотипов на 236 в выборке получается 2600 лет до общего предка, а не 4100 лет. А поскольку разнотип в цифрах - то в выборке несколько общих предков, и считать как якобы один - нельзя.

Вот мои пока беглые наметки по русским N1c, 17-маркерные гаплотипы в формате Y-файлер, в последовательности 19-385a-385b-3891-3892-390-391-392-393-437-438-439-448-456-458-635-GATAN4.

Всего среди 76 гаплотипов (это из 539, то есть 14% от всех русских по выборке по 12 областям) есть шесть ветвей, с базовыми гаплотипами:

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12 (2500 лет до общего предка)

14-11-13-14-30-**24**-11-14-14-14-10-10-19-14-17-**21**-12 (1325 лет, 7-й век)

14-11-13-**13-29**-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12 (3375 лет)

15-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-**13**-17-22-12 (2775 лет)

14-11-13-14-**31**-23-11-14-14-14-10-10-19-14-17-22-12 (3050 лет)

14-11-13-14-30-23-**10**-14-**13**-14-10-10-19-14-17-**21**-12 (2000 лет, 1-й век)

Выделены отличающиеся от большинства аллели. В целом все эти шесть гаплотипов сводятся к гаплотипу первопредка на русской территории:

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

и имеют от него в совокупности 10 мутаций (мутированные аллели опять выделены). Это дает всего 1300 лет вглубь от усредненного времени жизни предков всех ветвей (2500 лет). Таким образом, общий предок всех русских N1c жил 3800 лет назад.

Как это согласуется с другими данными?

Если пересчитать другим методом, без разделения на ветви, то получается 3525 лет до общего предка. То есть разница небольшая, всего 7%. В пределах погрешностей расчета.

Виктор: На какой территории брались образцы, только европейской или азиатской тоже, представлены ли нерусские популяции, представлены ли выборки из Псковской, Тверской и Смоленской губерний, и каково приблизительное соотношение в выборке 23/24 в значении шестого маркера?

А. Клёсов: Гаплотипы определяли у жителей двенадцати областей Российской Федерации – Архангельской, Брянской, Ивановской, Липецкой, Новгородской, Орловской, Пензенской, Рязанской, Смоленской, Тамбовской, Тверской и Вологодской. Как принято у специалистов, жителей отбирали не абы как, а только тех, кто не менее трех поколений жил на этой территории (то есть отец, дед, мать и бабушка родились в данной области), чтобы все четверо предков были этническими русскими, и чтобы родной язык был русским, и чтобы тестируемые не были родственниками по

крайней мере в третьей степени родства. Это – стандартные требования в исследованиях такого рода.

>приблизительное соотношение в выборке аллелей 23/24 в значении шестого маркера?

Из 76 гаплотипов у 55 - "23", 15 - "24", 6 - "22".

Виктор: Предварительный вывод: В выборке из 76 гаплотипов представлены 15 из финской группы и 61 из балтской или финнобалтской группы (разделить по этим маркерам затруднительно).

А. Клёсов: Я о том, кто входили в древние (9-12 век) русские племена и племенные союзы, и откуда пришли их предки. Определенно в некоторых русских племенах того времени преобладала гаплогруппа N1с, в большинстве - гаплогруппа R1a1. В племенах, которые вошли в состав Киевской Руси, видимо, преобладали R1a1 и I2, в Новгородской Руси - видимо, племена N1с. Это - общая канва, которая формируется на распределении этих гаплогрупп по Российской Федерации и Украине-Белоруссии. Несмотря на интенсивное перемешивание людей и гаплотипов, распределение все-таки сохранилось, хотя наверняка и несколько размылось.

Виктор: В состав Киевской Руси входили, в основном, арии, гаплогруппа R1a1. Гаплогруппа I2 в большом количестве появилась в Киевщине после повторного заселения местности славянами из Волыни после ослабления Золотой Орды и Крымского ханства.

В. Волков: Если общий предок XVII век до н.э. (3800-3700 лет назад) – то это сейминско-турбинская культура.

А. Клёсов: Омские края? Если корни действительно там, то шли большими группами, сохранив гаплотип сибирских предков. Выходит, не было с тех пор бутылочного горлышка.

Виктор: Так никто и не говорит, что у кого-либо, кроме финляндцев, было бутылочное горлышко.

Сергей: Рюриковичи принадлежат к 3-ей ветви. Гедиминовичи, скорее всего, - к 5-й.

В. Волков: Цитата - Волосовская культура — неолитическая археологическая культура, расположенная на территории центральной России и Поволжья. Антропологический тип европеоидный с монголоидной примесью. Предки волосовцев мигрировали из Урало-Камского региона, однако в их этногенезе также приняли участие племена ямочно-гребенчатой керамики. Предполагается, что волосовцы говорили на языке финно-угорской группы.

Время существования — **2200–1500** гг. до нашей эры, хотя есть и версии углубления ранней даты на несколько веков. Была распространена в бассейне реки Ока, ниже нынешнего г. Рязань и в низовьях реки Клязьма. В 2000–1500 гг. до нашей эры Волосовская культура распространилась далеко на север (стоянка Николо-Перевоз на Дубне и другие). В конце своей истории подверглась нашествию племен фатьяновской культуры, а также абашевских племен. Синтез абашевской и волосовской культур породил поздняяковскую культуру

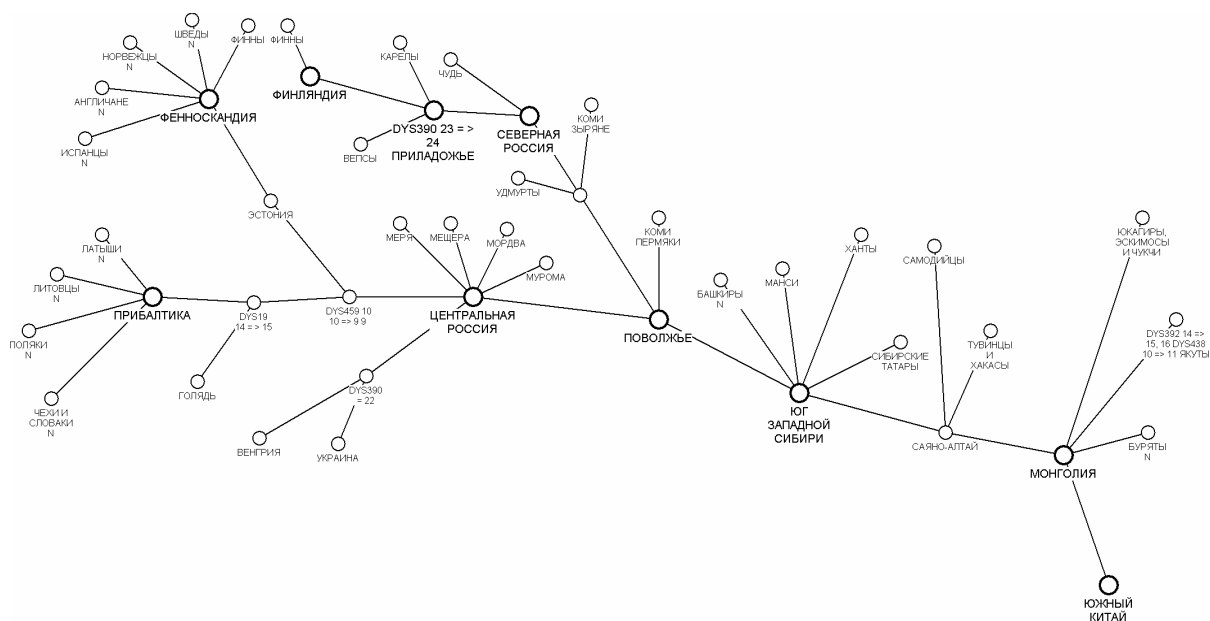
Сейминско-турбинская Культура - культура Верхнего Поволжья и Прикамья. Поздняя бронза. II тыс. до н.э. Предполагают, что принадлежит выходцам из Сибири. Превосходные бронзовые копья, кинжалы, топоры, долота, кремневые и костяные наконечники стрел и др. Основные могильники: Сейма (Н. Новгород), Турбине (Пермь), Ростовка (Омск).

<http://www.archeologia.ru/Library/Book/35ecb1a304cf/page174>

Исходным районом формирования сейминско-турбинских популяций могли быть Рудный Алтай, бассейн Верхнего Иртыша. На это указывают изображения типичных для этого района животных-лошадей, архаров, барса, козла на кинжалах, кельте. Об этом же свидетельствует химический состав их металла. Таким образом, с Алтаем связан первый и основной компонент сложения сейминско-турбинских племен [Черных Е. Н., Кузьминых С. В., 1989]. Второй компонент, сопрягающийся с кремневым и нефритовым инвентарем, костяными орудиями и защитными доспехами, связан с южной зоной восточносибирской тайги. Так, аналогии кремневым изделиям, пластинчатым доспехам обнаружены в материалах неолитических и постнеолитических культур Прибайкалья, бассейна Ангары, Восточных Саян. К югу от Байкала известны источники нефрита. В определенный период произошло органическое слияние двух слагающих компонентов в достаточно однородную исходную культуру.

Из районов Верхней Оби, где предположительно могло произойти слияние, новые консолидированные группы населения стремительно двинулись на запад. В сравнительно короткий срок в XVII—XVI вв. до н. э. сейминско-турбинские племена прошли путь в 4 000 км. Такому продвижению способствовало использование коня как верхового животного, а также совершенное оружие и военная организация. Скорее всего, уже первые столкновения с петровскими племенами заставили сейминско-турбинских воинов придерживаться при передвижении северного, таежного пути, в междуречье Иртыша и Оби, ведущего на Урал. Вблизи Урала пути племен расходятся по трем основным направлениям: северному (в бассейн Печоры), центральному (бассейн Средней Камы), южному (в низовья Камы и Оки). Мигрировав на территорию Восточной Европы, сейминско-турбинские племена вскоре исчезли. Часть их погибла в сражениях, часть растворилась в чужеродной среде. Однако металлургические новации, принесенные их мастерами, оказались очень устойчивыми. Уже после их исчезновения с исторической арены в середине II тыс. до н. э. в Северной Евразии началась отливка копий, кельтов, а также производство высококачественных оловянных бронз.

В. Волков: Вот как можно представить миграцию предков популяций гаплогруппы N.



Виктор: На данный момент, в наличии имеется 196 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы N1. Я попытался восстановить гаплотип нашего общего предка (в формате FTDNA, приведены соответствующие DYS):

393 390 19 391 385a 385b 426 388 439 389-1 392 389-2
458 459a 459b 455 454 447 437 448 449 464a 464b 464c 464d
460 GATA H4 YCA IIa YCA IIb 456 607 576 570 CDY a CDY b 442 438
531 578 395S1a 395S1b 590 537 641 472 406S1 511 425 413a 413b 557 594 436 490
534 450 444 481 520 446 617 568 487 572 640 492 565

13 23 14 10 11 14 11 12 11 13 14 30
16 9 9 11 11 26 14 19 29 14 14 15 15
11 11 18 20 15 14 18 18 35 36 12 10
11 8 15 17 8 11 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12
16 7 13 23 21 14 12 11 10 11 11 12 11

Рассчитанный возраст общего предка - 10 000 лет.

А. Клёсов: для справки, в формате 17-маркерных гаплотипов, так называемого Y-файлера, в последовательности 19-385a-385b-389¹-389²-390-391-392-393-437-438-439-448-456-458-635-GATAH4, эта последовательность будет такой:

14-11-14-13-30-23-10-14-13-14-10-11-19-15-16-X-11

А предковый гаплотип китайского происхождения, рассчитанный по статье Rooti et al (Вестник №1, 2009, стр. 52), следующий (здесь последняя аллель, видимо, дана в другом формате, увеличена на единицу):

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

Виктор, продолжение -- гаплотип общего предка для 193 гаплотипов N1c:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 14 30
16 9 9 11 11 25 14 19 28 14 14 15 15
11 11 18 20 14 14 17 18 35 36 14 10
11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12
16 7 13 20 21 16 12 11 10 11 11 12 11

Возраст общего предка - 6 600 лет.

А. Клёсов: опять для справки, в формате 17-маркерного Y-файлера, эта последовательность будет такой:

14-11-13-14-30-23-11-14-14-14-10-10-19-14-16-X-11

Предковый гаплотип N1с, рассчитанный по той же статье Rooti et al (Вестник №1, 2009, стр. 52), следующий (последняя аллель опять увеличена на единицу):

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

Рассчитанный возраст общего предка – 6300 лет назад, так что совпадение с данными Виктора хорошее.

Несмотря на ограниченность выборки в статье Rootsi, базовый гаплотип почти тот же самый, отличие всего на одну мутацию. А гаплотип первопредка славян гаплогруппы N1с, о котором идет речь в настоящем выпуске Вестника

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

Он абсолютно совпадает с приведенным выше гаплотипом.

Виктор, продолжение -- предок для 134 гаплотипов финнов и балто-финнов гаплогруппы N1с:

14 23 14 11 11 13 11 12 10 13 14 29
17 10 10 11 12 25 14 19 29 14 14 15 15
11 11 18 20 14 15 17 19 36 36 14 10
11 8 15 17 8 8 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12
17 7 13 20 21 15 12 11 10 11 11 12 11

Возраст общего предка – 5000 лет.

В 17-маркерном формате Y-filer этот гаплотип имеет вид:

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

Аналогично, для финской кроны дерева патриарх всех 59 гаплотипов финнов гаплогруппы N1с имеет вид:

14 **24** 14 11 11 13 11 12 10 **14** 14 **30**
17 10 10 11 12 25 14 19 **30 13 13 14 14**
11 11 18 20 14 15 **18** 19 36 36 **12** 10
11 8 15 17 8 **9** 10 8 11 10 12 21 22 14 10 12 12
18 7 13 20 21 15 12 11 10 11 11 12 11

Отличия от гаплотипа выше выделены.

Возраст общего предка - 1 875 лет.

А Клёсов: В 17-маркерном формате Y-filer этот гаплотип имеет вид:

14-11-13-14-30-24-11-14-14-14-10-10-19-14-17-X-11

И он уже отличается на одну мутацию от предкового гаплотипа славян гаплогруппы N1с:

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

Виктор: Ниже приведена структурная сеть 67-маркерных гаплотипов 196 человек из уSearch + FamilyTree, построенная в Network с коэффициентами из статьи В. М. Урасина, опубликованной в "Вестнике". Длина ветвей пропорциональны количеству мутаций. Цветовая кодировка стран:

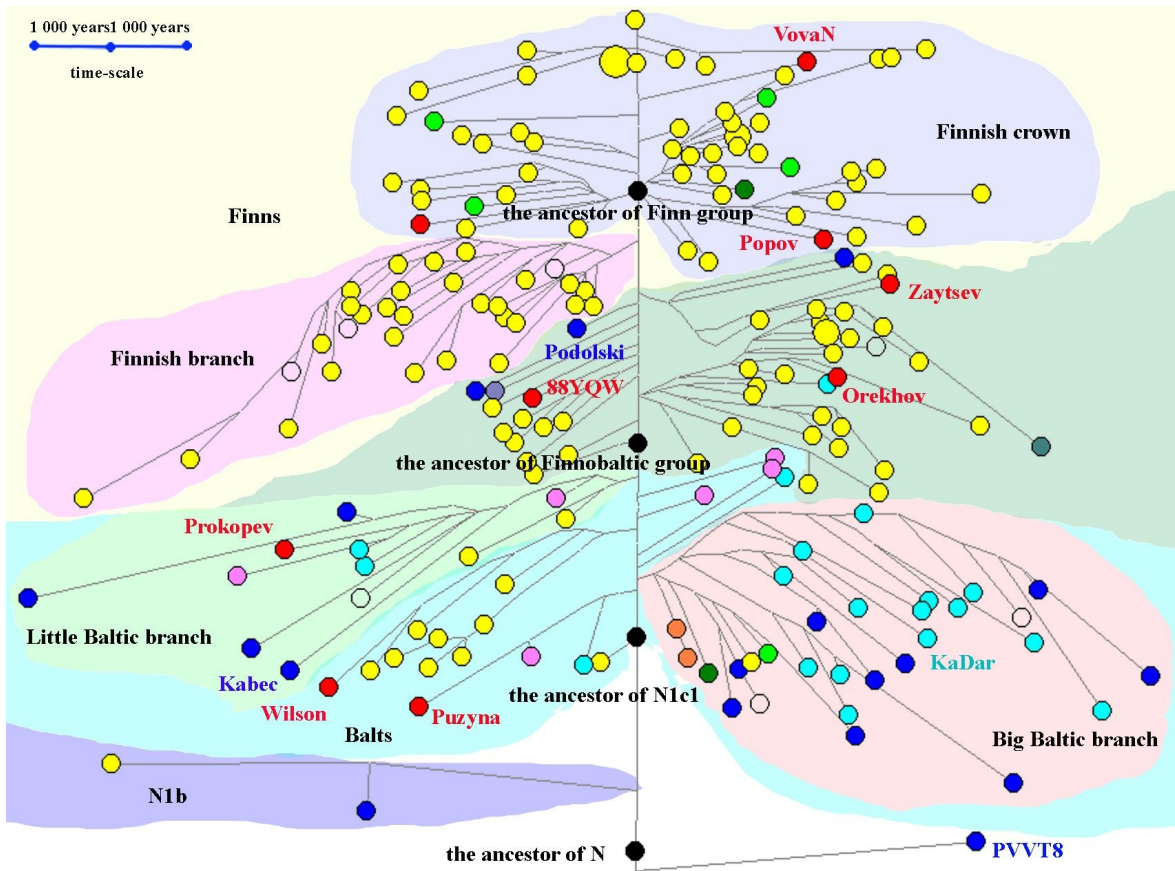
Финляндия - желтый
Балтика-1 (Польша, Германия, Пруссия) - синий
Балтика-2 (Латвия, Литва, Белоруссия, Украина) - голубой
Венгрия - фиолетовый
Россия - красный
Эстония - тёмно-зелёный
Норвегия -зеленый
Швеция - салатový
Англия - розовый
Испания - оранжевый
Неизвестные - белый
Предки - чёрный

В самом низу - N1b и, возможно, N1a.

Из 210 гаплотипов гаплогруппы N1, один N1a, три N1b, и 206 N1c. В последней – шесть ветвей:

- Ветвь Пузыны
- Большая Балтийская ветвь
- Малая Балтийская ветвь
- Финнобалты
- Финская Ветвь
- Финская корона.

А также отдельные гаплотипы, идущие от ствола дерева.



В балтийской (и финнобалтской) части преобладают старые гаплотипы с огромным количеством мутаций до медиан-векторов - 10-20 мутаций (1 700 - 3 500 лет). Говорить о генеалогии нет смысла - сплошная популяционная генетика.

В финской части уже имеются ветви, отцов-основателей которых уже можно просчитать.

А. Клёсов: Я не понял, чем различаются финны и балто-финны и что явилось критерием отнесения), а те 59, кто "чистые финны" - это что, место жительства предков - Финляндия?.

Далее, что я уловил - это то, что возраст общего предка для каждой группы рассчитывался по всем 67-маркерным гаплотипам, со средней скоростью мутации 0.0022 на маркер и с табличной поправкой на возвратные мутации (Вестник номер 5), и получилось, что для всех 196 гаплотипов N1 с подгруппами (из которых 193 были N1с) получилось 10 тысяч лет до общего предка, а для тех 193 N1с получилось 6600 лет до общего предка.

Мой комментарий - если считалось так, как я понял и описал, то так считать нельзя. Мы таким образом усредняем огромный массив (193 гаплотипа) N1с и всего три других гаплотипа (два N1b и один N1a). В итоге система капитально перекошена, и мутации считаются не от гипотетического общего предка, а от N1с, который доминирует.

Впрочем, возможно, считалось по другому. Я бы считал по другому.

Далее, общий предок для 134 финнов и балто-финнов жил 5000 лет назад, а общий предок 59 "чистых" финнов - 1875 лет назад, то есть во 2-м веке нашей эры. Это так?

Да, еще - N1с разделились на шесть ветвей. Интересно, это то же самое количество ветвей, что я нашел по 17-маркерным гаплотипам у 76 русских с гаплогруппой N1с. Это случайность или нет? Чтобы ответить, надо сравнить гаплотипы по ветвям. Вы, по-моему, это делали, уважаемый Виктор, и что получилось? Напомните, пожалуйста.

И последнее. Вообще-то считать для двухсот гаплотипов по всем 67 маркерам - это избыточно, тем более учитывая коварность некоторых "прыгающих" маркеров типа CDY и подобных. 67-маркерные хороши для идентификации ветвей, а потом, разделив на ветви, можно посчитать и по более коротким гаплотипам. Для 200 гаплотипов 25-маркерных будет за глаза, и результат будет точнее.

Попробуйте пересчитать по 25-маркерным - что получится? Это интересно

в связи с шестью русскими N1c ветвями.

Виктор: Расчёт представлен исключительно по 25-маркерным, по Вашей рекомендации. Скорость 0,00183 и с поправкой на возвратные мутации. Мутации считаются от гаплотипов предков, приведённых чёрными кружками.

А. Клёсов: Тогда все верно, или, по крайней мере, сходится по методологии с другими расчетами.

Виктор: Говоря об Америке, насколько я читал, N обнаружена лишь у индейцев навахо, гаплотипы по научным статьям не нашёл, а то, что выложено для широкого пользования хорошо укладывается на веточки балтов на деревце N. Чисто N1c - общий предок со мною - максимум 2,5 тыс лет назад.

Думаю, что гаплогруппой N у америндов пока можно пренебречь. Хотя она (M178) и упоминается в качестве трех основных (наряду с Q и C) в статье Карафет и др. (2006) в Вестнике ВОГС. Но доминирует гаплогруппа Q. В статье Zegura et al (2004) N была единичной и рассматривалась как примесь. Все авторы, в том числе, и сама Карафет, ссылаются на одну единственную работу: *Ancestral Asian source(s) of new world Y-chromosome founder Haplotypes* Karafet, T.M., Zegura, S.L. и др, там из 56 навахо нашли одну N1c. Гаплотип не указан.

Так что, мы со спокойной совестью можем считать его потомком или русских первопоселенцев, то ли кого-то ещё. И считать, что первый северянин прибыл в Новый Свет с викингками, а то и позднее.

Виктор: Необычно по Чехии: по статье *Y-Chromosomal Variation in the Czech Republic* F. Luca, F. Di Giacomo и др. из 257 человек 1,6% N1c.

По данным из выборок по линку
<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?show...post&p=2656>
из 267 человек 4,5% N1c.

Вроде бы выборка для статьи немалая. Или N1c сосредоточены в городах? По карте незаметно.

Сергей: У нанайцев N2 - 18%

В. Волков: Думаю, что первоначальные уйгуры, те, кто еще не ушли в Восточный Туркестан, по большей части были N.

Сергей: Что касается Словакии, то N1c намного больше в Чехии, чем в Словакии. И в основном в Моравии.

Виктор: Был вопрос о саамах, относящийся к двум тысячам лет назад. Но 2000 лет назад саамы уже были коренными европейцами. По Y-DNA они никак не вычлняются из общей массы северных европейцев. По-моему, перемещений саамов из-за Урала, и тем более, в обход его с юга, в новой эре замечено не было.

Тут с форума dna-forums.org поступил интересный вопрос, перевожу:

Балтийский финский язык Urheimat употреблялся где-то к югу от территории Санкт-Петербурга, откуда его первичное распространение на запад произошло около 3000 лет тому назад, а в Финляндию из Эстонии около 2000 лет тому назад. До того, как племена финнов прибыли в Финляндию, всей Финляндией владели саами. Вы думаете, что восточно-финский dys390=24 haplotype прибыл из западной Финляндии?

Насколько эти слова соответствуют действительности? Могло ли такое произойти с маркером 390?

В. Волков: Центром зарождения dys390=24 я также считаю территорию южнее Санкт-Петербурга. Прямым предком этой группы следует считать карело-ижорскую этническую группу. В Эстонии среди всех N1c - группа с dys390= 24 составляет 30%, у карелов - 35%, у западных финнов - 48%, у восточных финнов - 84%. В Швеции - 50%, в Норвегии почти полное отсутствие.

Все мои расчеты дают возраст для этой группы 1450-1500 лет назад, т.е. 6-й век нашей эры.

<http://kirjazh.spb.ru/karel/karel1.htm>

В 6 в. от Рождества Христова на Карельском Перешейке появляются люди знакомые с земледелием и умеющие обрабатывать железо. Вероятно, это были торговцы мехами. Они пришли по р. Вуоксе и селились, в основном, по ее берегам.

Вуокса в то время впадала в Ладожское озеро и Финский залив и позволяла на судах легко попадать из Балтийского моря в Ладожское озеро. В период с 6 по 8 вв. они создали несколько поселений в районе оз. Суванто (Суходольское), п-ва Суотниemi (около г. Приозерска) и Ряйсяля (п. Мельниково). Все поселения располагались на берегах Вуоксы. Данные археологии позволяют утверждать, что эти люди принадлежали к потоку переселенцев, **который начался в Эстонии, прокатился через Финляндию и докатился до берегов Ладожского озера.** Этнически они были наиболее близки к финскому народу Хямь. Поселенцы застали на берегах Ладоги кочевавших Саамов (Лопарей). Они поселились среди них и установили с ними торговые связи. Поселенцы выменивали меха у саамов на изделия из железа и украшения, которые те не умели делать. Затем торговцы отправлялись с мехами в страны Балтии. Эта волна поселенцев была немногочисленна. Их поселения редки. Практически нет их поселений в Северном Приладожье.

Не согласен с направлением миграций. Археологи часто путают это направление, найдя близкие культуры. Движение началось из Приладожья одновременно в Эстонию, Карелию и Финляндию.

С саамами сложно, гаплогрупп мало и только один принадлежит к какой-то древней линии N1c.

Если финское племя хямь - емь - это $dys390=24$, то сумь - суоми - это потомки саамов, т.е. носители предкового гаплогруппа. В Швеции носители предкового и финского гаплогруппа соотносятся 50:50

Виктор: Так вопрос по Европе, не по Скандинавии. В Европу-то они пришли, жили и живут вдоль берегов Северного Ледовитого, а до Скандинавии, мне кажется, дошли последние.

Чего-то европейцы нас в России насчитали 23%. У меня с ними не сходится. У меня 20,5% получается. Наверное, где-то ошибся. Или расхождение по России и по русским из-за того, что много русских за рубежом.

В. Волков: По опубликованным данным видно, что в России N1c в десять раз больше, чем в Финляндии.

Сергей: Гаплогруппа N - по русским 13,70% , по нерусским России 16,14%. По N1c: 13,30% у русских, 11,96% у нерусских России.

Данные из *Oleg Balanovsky, Siiri Rootsi, Andrey Pshenichnov, Toomas Kivisild, Michail Churnosov, Irina Evseeva, Elvira Pocheshkhova, Margarita Boldyreva, Nikolay Yankovsky, Elena Balanovska, and Richard Villems* **Two Sources of the Russian Patrilineal Heritage in Their Eurasian Context**

В. Волков: вот еще про финский могильник 4-го века в Ивановской области:
<http://www.rodstvo.ru/forum/index.php?show...t=0&start=0>

Начало Московской Руси

Сенсационная находка российских археологов. В Посадском районе Ивановской области во время раскопок ученые обнаружили финский могильник, который датируют примерно 4 веком. Внутри бронзовые вещи и останки. Теперь ученым, возможно, придется переписывать историю возникновения древнерусской культуры.

http://www.vesti.ru/videos?vid=142527&...p;doc_id=198415 или

<http://video.rfn.ru/rtr-vesti/142527.asf>

В. Волков: Вот эта информация по сейминско-турбинским памятникам может быть полезна (<http://history.novosibdom.ru/node/46>)

...Сейминско-турбинские племена, зона миграций которых отмечена многочисленными, разрозненными находками металлических орудий и оружия своеобразных типов на бескрайних просторах Евразии от Монголии и Саянских гор до Финляндии и Молдавии. С сейминско-турбинскими племенами связаны кардинальные изменения в металлургии позднего бронзового века. Именно они принесли в Восточную Европу оловянные бронзы алтайских рудных источников...

Сейминско-турбинские поселения до сих пор не открыты. Основная масса вещевого инвентаря этих племен обнаружена в четырех крупных некрополях: Турбино (под Пермью), Сейма, Решное (на р. Оке), Ростовка (под Омском). Помимо них в число памятников сейминско-турбинского типа включаются малые, условные могильники, разрушенные одиночные погребения, а также единичные случайные находки бронзовых кельтов, наконечников копий, ножей [Черных Е. Н., Кузьминых С. В., 1987; Черных Е. Н., Кузьминых С. В., 1989].

Распространенность памятников на огромной территории и в то же время отсутствие своего четко очерченного ареала, очевидное своеобразие сейминско-турбинских некрополей не позволяет применить к ним термин «археологическая культура». Е. Н. Черных и С. В. Кузьминых для обозначения этих памятников предложили использовать понятие «сейминско-турбинский транскультурный

феномен». Погребения не имели курганных насыпей и других надмогильных сооружений... В некрополях найдены многочисленные нефритовые украшения - кольца, браслеты, бусины, не характерные для культур Евразийской провинции.

Наиболее крупный сибирский могильник Ростовка расположен на южной окраине г. Омска [Матющенко В. И., Сеницына Г. В., 1988; Матющенко В. И., 1999]. На его площади обнаружено 38 грунтовых могил, а также ряд скоплений вещей вне погребений... В двух могилах обнаружены тальковые и глиняные литейные формы.

...На ноже из Ростовки изображен лыжник, следующий за лошадьё и держащийся за вожжи. По мнению зоологов, такая порода лошадей была распространена только в области **Западного и Южного Алтая и Восточного Тянь-Шаня**.

Исходным районом формирования сейминско-турбинских популяций могли быть **Рудный Алтай, бассейн Верхнего Иртыша**. На это указывают изображения типичных для этого района животных-лошадей, архаров, барса, козла на кинжалах, кельте. Об этом же свидетельствует химический состав их металла. Таким образом, с Алтаем связан первый и основной компонент сложения сейминско-турбинских племен [Черных Е. Н., Кузьминых С. В., 1989]. Второй компонент, сопрягающийся с кремневым и нефритовым инвентарем, костяными орудиями и защитными доспехами, связан с южной зоной восточносибирской тайги. Так, аналогии кремневым изделиям, пластинчатым доспехам обнаружены в материалах неолитических и постнеолитических культур Прибайкалья, бассейна Ангары, Восточных Саян. К югу от Байкала известны источники нефрита. В определенный период произошло органическое слияние двух слагающих компонентов в достаточно однородную исходную культуру.

Из районов **Верхней Оби**, где предположительно могло произойти слияние, новые консолидированные группы населения стремительно двинулись на запад. В сравнительно короткий срок в **XVII—XVI вв. до н. э.** сейминско-турбинские племена прошли путь в 4 000 км. Такому продвижению способствовало использование коня как верхового животного, а также совершенное оружие и военная организация. Скорее всего, уже первые столкновения с петровскими племенами заставили сейминско-турбинских воинов придерживаться при передвижении северного, таежного пути, в междуречье Иртыша и Оби, ведущего на Урал. Вблизи Урала пути племен расходятся по трем основным направлениям: северному (в бассейн Печоры), центральному (бассейн Средней Камы), южному (в низовья Камы и Оки). 7

Мигрировав на территорию Восточной Европы, сейминско-турбинские племена вскоре исчезли. Часть их погибла в сражениях, часть растворилась в чужеродной среде. Однако металлургические новации, принесенные их мастерами, оказались



очень устойчивыми. Уже после их исчезновения с исторической арены в середине II тыс. до н. э. в Северной Евразии началась отливка копий, кельтов, а также производство высококачественных оловянных бронз.

То, что сейминско-турбинские памятники не относятся к ареалу распространения андроновской культуры, это очевидно.

Какой народ мог быстро пройти «в сравнительно короткий срок в XVII—XVI вв. до н. э.» путь в 4 000 км, какой прошли сейминско-турбинские племена? Такому продвижению способствовало использование коня как верхового животного, а также совершенное оружие и военная организация. «Скорее всего, уже первые столкновения с петровскими племенами заставили сейминско-турбинских воинов придерживаться при передвижении **северного, таежного пути**, в междуречье Иртыша и Оби, ведущего на Урал." То есть в аккурат в момент существования волосовской культуры в междуречье Оки и Волги.

Виктор: Одновременное перемещение ариев и северян должно быть вызвано либо изменением климатических условий, либо высыханием очередного

последникового моря. Уважаемый Владимир, подскажите, что происходило с точки зрения природы на этих территориях?

В. Волков: Сейчас можно с уверенностью говорить, что на протяжении всего II тыс. до н.э. население Окского Поволжья и Верхней Волги было смешанным: глухие районы, населенные потомками исконного местного рыболовческо-охотничьего

неолитического населения, изготавливавшего ямочно-гребенчатую керамику, соседствовали с районами, где поселилось пришлое население – волосовцы, поздняяковцы, абашевцы. Постепенно отдельные группы населения неизбежно смешивались в общем этногенетическом котле (свидетельство тому – присутствие керамики разных типов на одном Сейминском памятнике).

Так, на рубеже III и II тыс. до н. э. в Окском Поволжье на аборигенное неолитическое население, на древнюю дофинно-угорскую гидронимику насаживается пласт пришлое с востока населения с культурой волосовского типа, связанной с историко-культурной областью приуральского и камского неолита. Эта восточная волна была древнее волго-финской и привела к возникновению древнейшей финно-угорской топонимики в Волго-Окском крае. Памятники волосовского типа распространились очень далеко на север и запад, вплоть до Балтийского и Белого морей. “Этим движением камско-уральских племен на запад было положено начало волго-окским, северным и прибалтийским финно-угорским племенам. Западная и юго-западная границы их расселения уже тогда, во II тыс. до н.э. приблизились к северо-восточной границе балтийской гидронимики”. Важно, что принесенные волосовскими племенами финские языки, выдержав все последующие иноязычные волны и проникновения, сохранились здесь до времен первых русских летописей.

С середины II тыс. до н. э. из общей относительно культурно однородной массы племен Волго-Окского края резко выделились большекозинские, сейминские племена Нижнего Поочья и Балахнинской низины. Именно им удалось сдержать агрессивный натиск племен пришлое поздняяковской культуры, сохранив для себя и однокультурных им более восточных племен возможность самостоятельного развития на следующем чирковско-сейминском этапе. Агрессивные, но достаточно немногочисленные индоиранские поздняяковские племена постепенно ассимилировались и полностью растворились в местной финно-угорской среде.

Если волосовцы смогли наложиться на некий дофино-угорский субстрат, так, что те не оставили следов, почему сейминцы не могли этого сделать. Пришли к волосовцам, которые уже наложились на культуру гребенчатой керамики и наложились на нее, будучи почти все воинами.

Очевидно, что и в бассейне Оки, и в Среднем Поволжье, и в Приуралье жили одновременно и абашевские, и волосовские, и сейминские, и турбинские, и балановские, и фатьяновские, и поздняяковские и др. племена – жили по соседству и не могли оставаться совершенно изолированными друг от друга. Об этом свидетельствуют достаточно многочисленные находки абашевских вещей на памятниках почти всех этих культур. Смешавшись в общем этногенетическом

процессе, они легли в основу культур железного века, но оставили в них хорошо различимые следы. Так, отдельные абашевские элементы получили дальнейшее развитие в ананьинской культуре и, преобразовавшись, дожили до современности в национальной одежде марийского, чувашского и мордовского народов.

<http://www.opentextnn.ru/history/archaeology/?id=1988>

Виктор: То, что мы довольно молодая группа, это уже ясно по нашим Y-DNA. Глубже, чем на 3 500 - 4 000 лет назад в Европе не проследишь.

Интересно, кто они - дофино-угорский субстрат. Ведь они и есть первоевропейцы. Может быть, то же, что и догерманский субстрат в немецком языке? Скорее всего, гаплогруппа I?

В. Волков: Я тоже думаю, что именно они - I. У мордвы сохранились. Возможно что и культура гребенчатой керамики - которая доходила до Скандинавии - не финно-угорская?

Культура гребенчатой керамики или Культура ямочно-гребенчатой керамики – культура, существовавшая в каменном веке на северо-востоке Европы (Скандинавия, русский северо-запад), приблизительно с 4200 до н. э. до 2000 до н. э.. Название было дано по способу украшения керамических находок, характерных для этой культуры, некоторые выглядят как отпечатки гребней.

Распространение артефактов данной культуры приблизительно следующее: Финнмарк (Норвегия) на севере, река Каликс (Швеция) и Ботнический залив (Финляндия) на западе и река Висла (Польша) на юге. На востоке гребенчатая керамика с некоторыми вариациями стилей была распространена до Уральских гор. Возможно, среди прочих включала в себя нарвскую культуру в Литве.

Носители этой культуры были, предположительно, охотниками и собирателями, хотя так называемая нарвская культура в Литве имеет признаки земледельчества. Для более поздних горизонтов некоторых из этих регионов характерна Культура шнуровой керамики.

Антропологический тип

Поселения этой культуры всегда сопровождаются захоронениями представителей уральской расы, в фенотипе которой обнаруживают монголоидные элементы. Но почему уральский фенотип?

Сейминско-турбинский латник на лыжах. В походах лошадь навьючивали необходимой поклажей, включавшей предметы вооружения – плетёный щит (а), копье (б), лук со стрелами (в, г), булаву (д), а также запас пищи и минимум походной утвари. Сам воин передвигался с оружием (е) в руках. Длиной пластин доспехов (ж) определяется количество лент, ярусно соединенных между собой и

охватывающих корпус воина. Диаметр кольца каждой нижней ленты несколько больше, чем у верхней. Кольца входят друг в друга, изнутри между их стенками оставлен небольшой зазор. Это позволяет панцирю складываться, а воину свободно двигаться и даже мчаться на лыжах. Длинные роговые пластины прикрывают руки и ноги латника (з). XVI – XIII вв. до н. э. Реконструкция по материалам могильника Ростовка



В любом случае, особенно смотря на реконструкции, сомнений почти нет - сейминцы - это гаплогруппа N. Кроме того, в те времена андроновцы разъезжали на колесницах, а сейминцы колесницы не использовали.



Реконструкция андроновской боевой колесницы.

В середине второго тысячелетия до н.э. в **Барабэ** обитало местное монголоидное население так называемой кротовской культуры, со своим погребальным обрядом, неплохо изученным, керамикой, характерным домостроительством, бронзовыми предметами и т.д. В начале третьей четверти второго тысячелетия до н.э. на территорию Западной Сибири хлынул мощный поток мигрантов с территории примерно современного Центрального Казахстана – племена так называемой андроновской культуры. Это было европеоидное население с очень яркой культурой, тоже скотоводы, но владеющие колесным транспортом. Что-то их заставило вдруг уйти с насиженных мест, и они начали осваивать огромные территории. Часть их ушла на запад, в Приуралье, другая двинулась по лесостепям и степям Западной Сибири на восток и остановилась на территории Минусинской котловины. Еще одна группа ушла на юг, и отдельные элементы этой культуры мы находим на огромной территории, включающей часть Средней Азии, Южный Казахстан. Их следы находят даже в китайском Синьцзяне. В конечном итоге, они дошли до Индии.

И, наконец, когда мы выходили на проблему этногенеза, выяснилось, что у мальчиков, захороненных на территории, освоенной пришельцами, генофонд ближе всего к популяциям Средней Азии, Кавказа, параллели есть даже на Ближнем Востоке. У мальчиков же, которые были захоронены в домах местной, автохтонной части памятника, генофонд ближе всего к **финно-уграм**.

В. Волков: Видимо, культура ямочно-гребенчатой керамики действительно **дофинно-угорская**. Центр ее смещен все же ближе к Скандинавии и Прибалтике, но доходила до Урала. Хронологические рамки- 4500 - 2000 г. до н.э. (6500 - 4000 лет назад).

Культура гребенчатой керамики или Культура ямочно-гребенчатой керамики – культура, существовавшая в каменном веке на северо-востоке Европы (Скандинавия, русский северо-запад), приблизительно с 4200 до н. э. до 2000 до н. э..

Виктор: Размышления по поводу доугрофинов. Гаплогруппы (данные по *Two Sources of the Russian Patrilineal Heritage in Their Eurasian Context*), южан не рассматриваю.

F - очень мало

I1 (сейчас по северу России 0 - 12%). По гаплотипам севера России, отличию их возраста от Скандинавских могут подсказать другие. Данных, наверное, немного.

I2 пока на Балканах, сейчас по северу России 0-8%.

N1b (сейчас по северу России 3,3 - 15,8%) - слишком молоды для этого (если не появятся более старые гаплотипы из Поволжья или Перми). Данных пока мало. Может быть они за Уралом тогда ещё были?

N1c (сейчас по северу России 24 - 46%) - слишком молоды для этого (если не появятся более старые гаплотипы).

R1a (сейчас по северу России 20 - 44%) - по возрасту подходят. Может быть какие-то племена решили жить не в степи, а в лесах. По гаплотипам тут уже ничего не получим. Арии уже посчитали.

R1b (сейчас по северу России 0 - 14%) - интересно, а что с их возрастом на севере России. По возрасту подходят. А вот по культуре должны бы быть поближе к Западу. Или кельты всё-таки заселяли всю Европу равномерно до прихода неолитиков (южан и нас, северян)? И культура ямочно-гребенчатой керамики их?

Уважаемый Владимир, а каких-нибудь карт распространения сейминцев нет?

В отношении скандинавских носителей гаплогруппы I1 – цитата из недавнего обсуждения:

А. Клёсов: Относительно I1 - в Швеции: среди 133 гаплотипов 27 идентичных. Оказалось, что эти 27 - из самой молодой ветви в 28 гаплотипов, и на все 28 - одна мутация. То есть их предок в пределах десятка поколений. Остальные общие предки жили 2300, 2700 и 4000 лет назад. Всех их в Швеции суммарно треть от всех гаплотипов.

Если пройтись по всей базе данных YSearch, то для 12-маркерных гаплотипов получается (это – чохом по всем ветвям, так что просто прикидка):

Для I (включая все подгруппы) - 5436 гаплотипов, 33734 мутации, это дает 10100 лет до общего предка.

Для I1 - 1983 гаплотипа, 5260 мутаций, это дает 3500 лет до общего предка.

Для I2 - 663 гаплотипа, 4494 мутаций, это дает 11500 лет до общего предка.

Для I2b1 (бывшая I1c) - 467 гаплотипов, 2084 мутаций, это дает 6500 лет до общего предка.

В. Волков: Л.Н. Гумилев пишет:

В то время когда китайцы и жуны уничтожали друг друга в истребительных войнах, в степях Центральной Монголии и Южного Забайкалья сложилась оригинальная культура, которой предстояло большая будущность. Это так называемая "культура плиточных могил", а по сути дела - ранний этап самостоятельной хуннской культуры. Она исследована Г.И. Боровкой и Г.П. Сосновским, но законченное описание ее принадлежит А.П. Окладникову. Эти могилы, вытянутые цепочками с юга на север, содержат великолепные изделия из бронзы.

http://society.polbu.ru/gumilev_hunnu/ch09_i.html

Культура плиточных могил считается родственной таштыкской именно в том плане, что основу их составили пришельцы монголоидного типа. Таштыкцы-гяньгуни стали предками хакасов, потомками носителей культуры плиточных могил считают курыкан (курумчинская культура), а потомками последних - якутов.

Возможно, и монголоиды-таштыкцы и плиточники - предки части хунну были N1c - вышедшие из Китая в первой половине I тысячелетия до н.э. или чуть раньше, а точнее народ ди, отличный от динлинов.

Виктор: Вы - историк, Вам виднее. Но на мой взгляд, для наших предков уже несколько поздновато. Нужно время, чтобы расселиться по Поволжью. А в середине 1 тысячелетия до н. э. часть северян уже начали входить в состав балтийских племён. Нет размаха. За четыреста лет было не достигнуть Поволжья и заселить весь север России. Если это и были N1c, то не наши предки, а предки сибиряков.

А не N1b это были?

Владимир: «Если это и были N1c, то не наши предки, а предки сибиряков». Вы меня правильно поняли, это я как раз и хотел сказать.

Если взять якутов, эвенков, эвенов, то на маркере DYS392 имеем значения 15, 16, 17 и даже 18. Так, в формате 19 389I 389II 390 391 392 393 385 имеем:

Northern Sakha Republic, Russian Federation [Western Evens]
14 14 31 23 11 **18** 14 11,13 (один человек)

Northern Sakha Republic, Russian Federation [Yakut-speaking Evenk]
14 14 32 23 11 **17** 14 11,13 (два человека)

Однако большинство N1c имеют DYS392=14, отклонения в сторону 13, 12, 11 редки.

Значение 12 имеют двое, которых однозначно можно отнести к N1b - это Сергей и «Tatar». Два других - Brazauskas, Raudzens - балты, но сильно отличаются от всех других. Со значением 13 - Wahlberg, Vaillancourt, Sisco.

Очень интересно - пять якутов определены по снипам (20-маркерные гаплотипы в формате 393 390 394 391 385a 385b 426 388 439 389I 392 389II 447 437 448 460 H4 YCAIIa YCAIIb 438)

N3a* M178* N3a 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 16 31 24 14 19 11 12 18 23 11

N3a* M178* N3a 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 16 32 24 14 19 11 12 18 23 11

N3a* M178* N3a 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 16 31 25 14 19 11 12 18 23 11

N3a1 P21 N3a1 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 15 31 24 14 19 11 12 18 23 11

N3a1 P21 N3a1 14 23 14 11 11 13 11 12 10 14 15 31 24 14 19 11 12 18 23 11

Те, которые определены как носители снипа M-178 имеют на маркере DYS392 значение 16, P-21 имеют значение 15. Это по крайней мере разрешает вопрос, кто первичней. Получается, те, которые имеют 16.

По моему, это неверно, так как тогда получается, что снип P-21 появился только у якутов. То есть, скорее всего, все они носители P-21, т.е. все N1c1a. Что известно об этом снипе?

Большинство N1c имеют DYS392=14, следовательно, переход от 14 к 16 произошел давно, так, что позволил этому маркеру у эвенков и якутов дойти до 18.

И еще один маркер DYS438, у якутов = 11, у всех европейцев и сибиряков из базы Деренко = 10, у пары европейцев = 6 (это украинец Веклюк и князь

Пузына). В базе Yhrd у тех сибиряков и азиатов, кого можно причислить к N1c, нет ни одного с DYS438 =11

Во первых это доказывает, что совместная якуто-эвенкская популяция имеет более значительный возраст, чем считается. Во вторых, как бы нам не пришлось искать прародину тех, которые имеют DYS392=16 действительно где-то в Китае.

Что думаете?

И возник еще один вопрос. P-21 это снип якутов или других N1c, в том числе балтов и финнов? Тогда кто такие P67 и P119?

Виктор: Не согласен с древностью DYS392=16. Все мы потомки некоего N1 и его предка N*. На данный момент, как у N1c, так и N1b нормальные значения этого маркера 12-14, что видно из коммерческих баз.

Близкие значения в неплохой подборке в *Male Demography in East Asia A North-South Contrast in Human Population Expansion Times*. Там DYS392 = 14-15. Более того, у NO из той же статьи 12-14. Пока я не склонен усложнять и принимать за основу 16 и принимаю 14.

За неимением знаний по истории якутов, считаю для себя основной статью якутских исследователей *Y-chromosomal evidence for a strong reduction in male population size of Yakuts*. Скорее всего, эти, с 16, прошли наше любимое бутылочное горлышко.

В. Волков: Я и не говорил, что у предкового для N1c должен быть DYS392 = 16, я говорю что якутская группа гораздо древнее, чем представлялось, то есть эта мутация могла произойти больше 2000 лет назад.

Владимир Л.: На самом деле они могут иметь снип P67 или P119 (на которые они не тестировались) и тогда картина будет иной.

Виктор: А ведь действительно, Пакендорф определяла только ТАГ и P43

В. Волков: Да, конечно, могло быть и так. Вот теперь и надо разобраться, имеют ли снип P-21 только якуты, или другие народы. Это также прояснило бы этногенез самих якутов. Да и в китайской базе тоже самое P-21, P-67, P-119 нет.

Раскопки древнейшей культуры Ян-шао, в основном распространявшейся на западных и центральных землях. Исследования последнего столетия показали, что ян-шаоский тип культуры сформировался на рубеже VII и VI тыс. до н.э. на западе Китая в бассейне реки Вэй, а затем распространился в бассейн Хуан-хэ и шире. На месте ранних раскопок – стоянки Бань-по (близ г. Сиань, территория столицы империи Цинь) в настоящее время создан музей, который ведет постоянные археологическую, исследовательскую и выставочные работы. Культура Да-вэнь-коу (4300 – 2500 гг. до н.э.), в отличие от Ян-шао пришла в бассейн Хуан-хэ с востока (пров. Шаньдун). В провинции Шаньдун существует археологический музей, посвященный культуре Да-вэнь-коу. Используется как пример одной из множества неантропоморфных культур китайского неолита В III тыс. до н.э. севера и северо-запада в бассейн реки Хуан-хэ пришла поздненеолитическая культура Ма-цзя-яо, находка которой также является одним из достижений китайской археологии последних десятилетий, но пути ее дальнейшего развития неясны.

VII и VI тыс. до н.э. - это 9-8 тысяч лет назад. Хорошая дата для возникновения снипа LLY22g

Л.Н.Гумилев пишет о карасукской культуре (1200-700 гг. до н.э.) на территории Саяно-Алтая

В отличие от предыдущих расовый тип населения карасукской эпохи крайне смешанный. Имеется примесь узколицевого монголоидного элемента, относящегося к дальневосточной расе азиатского ствола. Такие расы сформировались в Китае в эпоху Ян Шао. Археология подтверждает данные антропологии: в карасукское время в южной Сибири встречаются вещи, сходные с северокитайскими. Факт переселения с юга не вызывает теперь никаких сомнений, но любопытно и важно, что переселился уже смешанный народ. "К узколицым южным монголоидам примешан европеоидный брахикранный тип, происхождение коего неясно, так же как и место его в систематике".

Yang-Shao Culture, Neolithic culture that flourished in China about 5000-3000 bc... Phases

Banpo phase, approximately 4800 BC to 4200 BC, central plane

Miaodigou phase, circa 4000 BC to 3000 BC, successor to Banpo

Majiayao phase, approximately 3300 BC to 2000 BC, in Gansu, Qinghai

Banshan phase, approximately 2700 BC to 2300 BC, successor to Majiayao

Machang phase, approximately 2400 BC to 2000 BC

Т.е. культура Ян-Шао существовала до 3 тысячелетия до н.э. и может и дольше. Исход финно-угро-самодийцев мог произойти в период ее существования.

Сергей: Цитата – «Значение 12 имеют двое, которых однозначно можно отнести к N1b - это Сергей и «Tatar». Два других Brazauskas, Raudzens - балты, но сильно отличаются от всех других».

Мы все с 392=12. Это значение модальное для N2-E:

Сергей - N
Setala - N2-E
Harunen - N2-E (2 человек, 1 гаплотип)
Pinega - N2-E (15 гаплотипов)
Mezen - N2-E (4 гаплотипа)
Krasnoborsk - N2-E (3 гаплотипа)
Vologda - N2-E (2 гаплотипа)
Komi - N2 (2 человека, 2 гаплотипа)
Tatar - N2
Mari - N2
Russian - N2
Mansi - N2-E (6 человек, 4 гаплотипа)
Khanty - N2-E
Khanty - N3a
Brazauskas - N
Raudzens - N

В. Волков: Нарвская культура - названа по месту открытия на р.Нарве, распространена в Прибалтике, Белоруссии и Южном Приладожье в неолите. Генетическая основа - мезолит, в формировании западного варианта Нарвской культуры определённая роль, возможно, принадлежала ранним памятникам типа Цедмар (Калининградская обл.). Поселения Нарва I, стоянки Иностранцева, Березье, Кяэпа, Акали, Сарнаре, Оса и др. расположены на берегах озёр (в настоящее время многие из них превратились в торфяники), рек, на морском побережье.

Южный и северный варианты культуры прекратили свое существование с приходом носителей культуры ямочно-гребенчатой керамики, западный вариант культуры существовал дольше. Нарвская культура была одним из компонентов в сложении прибалтийских народов. Хронологические рамки - V

тыс.до н.э.-н. III тыс.до н.э. Нарвская культура была одним из этапов формирования прибалтийских народов – германцев, балтов и прибалтийских славян.

Мои новые расчеты по прибалтийским гаплотипам показали, что эстонские гаплотипы самые древние, т.е. им действительно около 4500 лет, особенно это заметно на сильном отклонении маркера DYS388. Таким образом, культура ямочно-гребенчатой керамики действительно могла быть финно-угорской и вытеснила нарвскую где-то в период 4000-4500 лет назад.

Культура гребенчато-ямочной керамики 3000 до н. э. – 2300 до н. э. Финляндия, Эстония, Латвия, Ленинградская область

Культура гребенчатой керамики или Культура ямочно-гребенчатой керамики – культура, существовавшая в каменном веке на северо-востоке Европы (Скандинавия, русский северо-запад), приблизительно с 4200 до н. э. до 2000 до н. э.. Название было дано по способу украшения керамических находок, характерных для этой культуры, который выглядит как отпечатки гребней.

Поселения этой культуры всегда сопровождаются захоронениями представителей уральской расы, в фенотипе которой обнаруживают монголоидные элементы.

Иногда делаются предположения, что народы гребенчатой керамики говорили на уральских языках и были хотя бы частично предками угро-финских племён. Их принадлежность к индоевропейской группе языков представляется маловероятной. С другой стороны, некоторые топонимы и гидронимы имеют, возможно, не уральское и не индоевропейское происхождение. Видимо, попытки отнести эти народы к какой-либо из известных языковых групп можно считать спекуляциями, так как отсутствуют какие-либо памятники языка этих народов.

Виктор: Цитата - «Нарвская культура была одним из компонентов в сложении прибалтийских народов. Хронологические рамки - V тыс.до н.э.-н. III тыс.до н.э.» То есть 5-7 тыс лет назад. Много. Очень много.

Цитата - «культура гребенчато-ямочной керамики 3000 до н. э. – 2300 до н. э. Финляндия, Эстония, Латвия, Ленинградская область». «Культура гребенчатой керамики или Культура ямочно-гребенчатой керамики – ... (Скандинавия, русский северо-запад), приблизительно с 4200 до н. э. до 2000 до н. э.».

4300-5000 лет назад и 6200-4000 лет назад. Первая дата мне нравится. Вторая, на мой взгляд, великовата для европейских N.

В. Волков: Уважаемый Андрей, не могли бы прояснить, у каких народов распространен европеоидный брахикранный широколицый тип с выступающим носом. "Своеобразный расовый тип - брахикранный, широколицый, с сильным выступанием носа и некоторой уплощенностью лицевого скелета ". Есть ли такой тип в Европе или Западной Сибири.

Андрей: Речь ведь идёт о древнем типе? К примеру, ископаемые неолитические краниотипы при перенесении их проекций в общую краниологическую европеоидную систему координат - предстают совершенно иной плоскостью/"измерением" по отношению к современным краниотипам (результаты последних краниологических исследований европеоидов). Индивидуальная близость с ископаемыми краниотипами - результат кроссинговера, аномалия, экстремальная вариация.

Брахикранных широколицых европеоидных типов с выступающим носом - масса. Это и древний андроновский тип и современный памиро-ферганский и т. д. - то есть нужны уточнения. В комбинации с несколько уплощённым лицом этот комплекс признаков был представлен у некоторых носителей Волосовской культуры. Степень уплощённости лицевого скелета в такой комбинации коррелирует со степенью древнемонголоидной/уралоидной примеси.

В. Волков: Это тип карасукской культуры. Волосовцы подходят, но достаточно ли у них выступающий нос и могли ли карасукцы быть связанными с сеймино-турбинской культурой?

Прибалтийский тип - западнобалтийский тип беломоро-балтийской группы. Нижнее течение Немана, Вента и нижнее течение Западной Двины, бассейн Гауи, побережье Финского залива, в районе Чудского озера и Нарвы. Высокий рост, светлая пигментация волос и глаз, крупные размеры головы и лица, брахикефалия, средняя горизонтальная профилировка лица, сильное выступание носа и средний рост бороды.

Признаки - имеют широкий ареал распространения и отмечаются у населения почти всей Северо-Западной Европы. В Восточной Европе комплекс распространен среди западных групп эстонцев и латышей, карел, поморов, русских Северо-Запада, у групп северных

On the Absolute Chronology of the Proto-Languages of Finnish

Прото-финские языки, датировки:

	Uralic	Finno-Ugrian	Finno-Permic	Finno-Volgaic	Early Proto-Finnic	Late Proto-Finnic
Kettunen & Vaula 1938	4000 BC	2500 BC	1000 BC	200 BC		
Toivonen 1953	3500 BC	2500 BC	1500 BC	1000 BC	500 BC	
Décsy 1965	4000 BC	2500 BC	1500 BC	400 BC	1 AD	1000 AD
Hajdú 1975	4000 BC	2000 BC	1500 BC	500 BC		1 AD
Korhonen 1981	4000 BC	3000 BC	2000 BC	1500 BC	1000 BC	1 AD
Taagepera 1994	4000 BC	2100 BC	1500 BC	1300 BC	1000 BC	

В комментариях к этой таблице отмечается, что прото-уральская группа вряд ли связана с распространением **Combed Ware Style 2 culture** около 3900 до н.э. Однако, распространение **Sejma-Turbino Transcultural Phenomenon** около 1900 до н.э. представляется более разумным. Автор полагает, что финны уже были расселены по обеим сторонам Финского залива в начале новой эры.

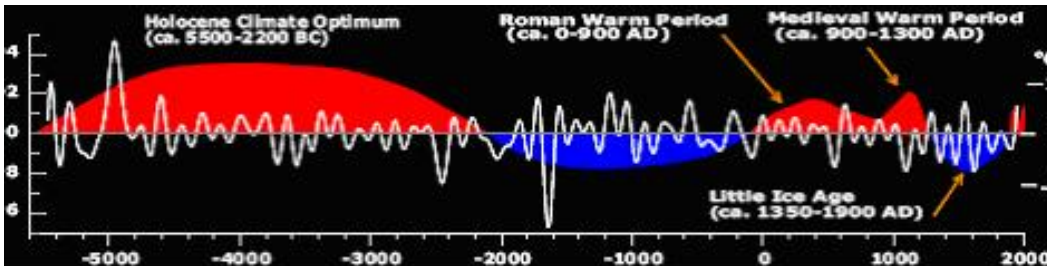
Сергей: N1c у древних венгров.

<http://www.ingentaconnect.com/content/bsc/...000004/art00008>

В. Волков: Вполне возможно, примерно в 3500 году и было бутылочное горлышко, когда абашевцы напали на волосовцев. Но в этом случае, волосовцы должны были отступить, и уйти на севере, не приняв себя гаплотипы завоевателей. Но этого не произошло, волосовская культура не только не погибла, но постепенно преобразилась в поздняковскую и приказанскую, и потомки этих культур в основном N. А вот сеймино-турбинская прямо таки вливается в волосовскую, оставляя после себя явную монголоидность у местного населения.

Туомо: Цитата - «Вполне возможно, 3500 году и было бутылочное горлышко, когда абашевцы напали на волосовцев».

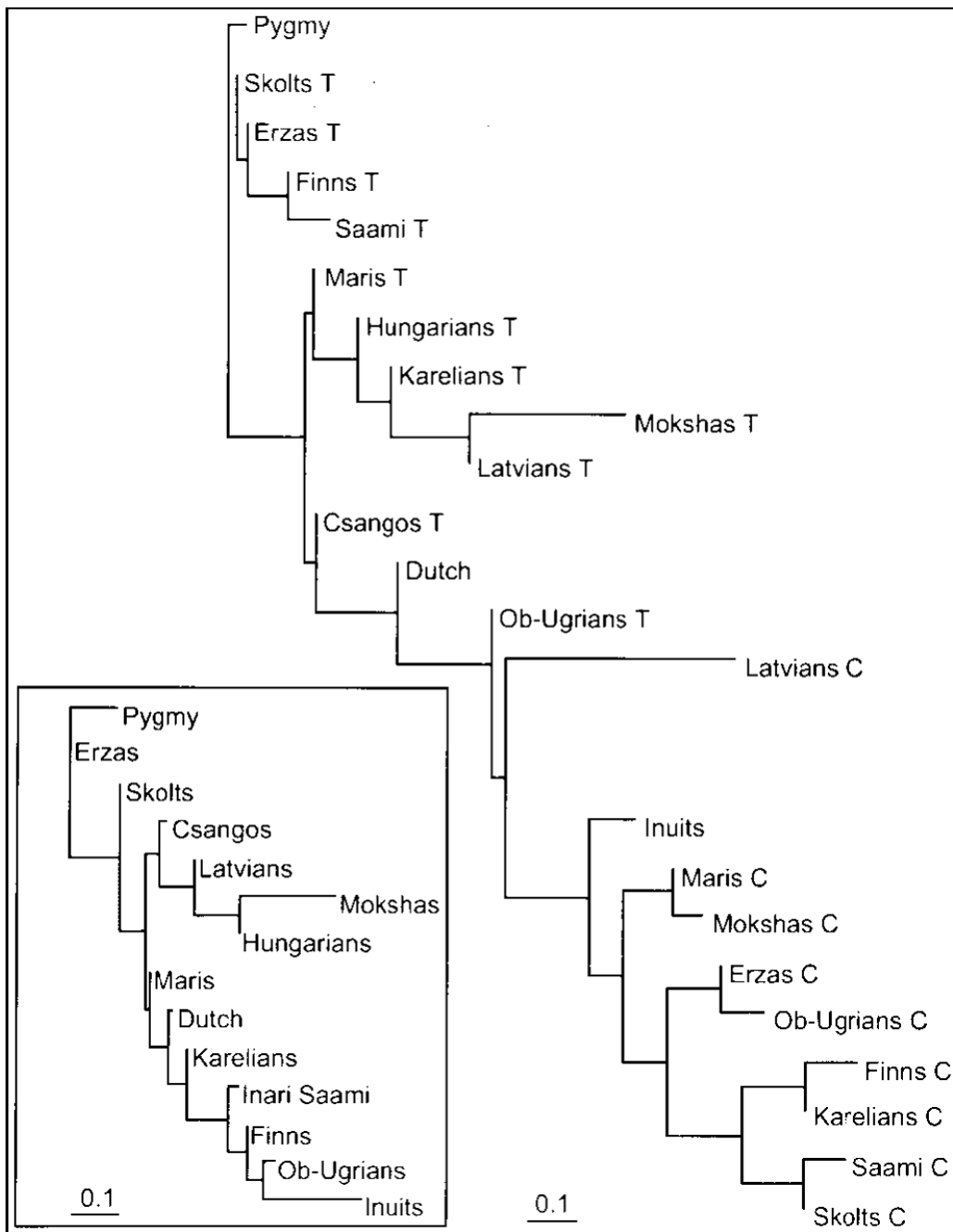
Ниже – таблица динамики климата в финской Лапландии. Примерно в 1600 до н.э. (3600 лет назад) было ухудшения климата:



Из китайских хроник (перевод): Некоторые ученые связывают вулканическую зиму, произошедшую в результате Минойского извержения, с китайскими документами о падении династии Xia в Китае. Согласно Bamboo Annals, падение династии и восхождение династии Shang примерно в 1618 году до н.э. (3627 лет назад) сопровождалось «желтым туманом, тусклым солнцем, затем появлением трех солнц, заморозками в июле, голодом, и засухой всех пяти растительных съедобных культур».

В. Волков: Интересны расчеты возраста и место происхождения Tat-C – «222 поколения, или 4440 лет назад, считая по 20 лет на поколение, или 157-310 поколения, то есть 3140-6200 лет назад с достоверностью 95%».

«Происхождение – на территории нынешней северной Монголии; наличие этой аллели в финнах указывает на значительное азиатское влияние».



Мокша оказались ближе к мари, а эрзя - хантам, хотя группа все равно одна. Финны, как положено, с карелами, а саамы недалеко от них. Все сходится. Интересно, как они высчитывали только по этой мутации, кто кому ближе и даже ханты Т оказались чуть ли не прямыми предками всех Тат-С, что

похоже на правду.

Виктор: Так у балтов (Пузына, к примеру) самый близкий к предку N1c гаплотип. Может быть у хантов-N1b гаплотип близок к предковому N1b. Вот и близость. Разница между N1c европейской и азиатской хорошо прослеживаются, даже на 16 маркерах. Ждём данных по коллеге Адамову. Я уже представляю, что его гаплотип будет между гаплотипом предка N1c и балтами.

В. Волков: Популяции Средней Азии.

Тат-С (N1c)

Киргизы северные - 8,8%

Киргизы южные 13%

Киргизы вместе - 11,2%

Узбеки - 8,3%

Таджики - 0%

DYF155S2 (N*, N1a, N1b)

Киргизы северные - 2,9%

Киргизы южные 13%

Киргизы вместе - 8,7%

Узбеки - 4,1%

Таджики - 0%

Сергей: Думаю, что "русские" N1c - это, в основном, потомки различных финских (не финляндских) племен северо-востока европейской части России. Получается, они были очень непохожи на финляндцев и балтов.

А. Клёсов: Какой смысл Вы вкладываете в это "финских, но не финляндских"? Как это - "русские, потомки финских"? Может, тогда и "русскими" нас называть не надо, финны да и все дела? Так?

Почему русские - "потомки финских", а не уральских, например? С какого времени и почему уральские, сибирские, северные ледовитые - вдруг превратились в "финских", когда именно и почему?

Вот так получается, когда в ДНК-генеалогию вводят некие неопределенные "этнические" категории, не давая им определения.

На мой взгляд, русские N1c – это современные русские, говорящие на русском языке, имеющие предков, говоривших на русском языке, и имеющие гаплогруппу N1c. Почему "финские"?

Я понимаю, почему гаплогруппа R1a1 может называться арийской. Потому что ее обладатели сами себя так назвали, и это - единственное историческое отнесение этой гаплогруппы. Но я не понимаю, почему гаплогруппа N1c стала вдруг "финской".

Сергей: Финляндские - это только жители Финляндии, а финские - это все, которые относятся к финской группе народов. Финская группа народов принадлежит к уральской семье. Финские народы - это только те, что живут на севере европейской части России, в Финляндии, в Эстонии и на севере Скандинавии. Они делятся на пермских финнов, волжских финнов, прибалтийских финнов и саами. Я думаю, ни у кого не вызывает сомнений, что большинство нынешних "русских" N1c происходят от ассимилированных финских народов. Что касается того, как называть - то это, конечно, разговор в совершенно другой системе координат. Но учитывая то, что само понятие "русские" нам, возможно, привнес исконный генетический финн Рюрик, отказываться от него, думаю, не стоит. Но то, что большинство "русских" N1c - генетические финны, тоже факт.

Сергей: По эстонцам - по разным данным 34-37%. Может быть до 41%. Маловато, но не то, чтобы "очень".

<http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlere...i?artid=1287948>

http://www.eupedia.com/europe/european_y-d...plogroups.shtml

Вадим: У них R1a и N в равных пропорциях представлены. Вот тебе и "модельный" финно-угорский этнос.

А. Клёсов: Этнос и гаплогруппы - разные понятия, совершенно разные системы координат. Их вообще не стоит ставить рядом. Как и гаплогруппа и партийность.

Есть, наверное, случаи когда этнос и гаплогруппа могут корреспондировать, но и то всегда с массой исключений.

Вадим: Я не смешиваю эти понятия, просто сравнительный анализ частот гаплогруппы N в Финляндии и Эстонии говорит сам за себя, в то время как эстонцы считают себя представителями финноугоров *par excellence*. Я бы даже сказал, что "финноугорскость" есть краеугольный камень государственной идеологии. А к чистоте крови относятся крайне щепетильно.

Впрочем, исходя из данных, становится понятным почему свой родной язык эстонцы называют *emakeel* (то есть, язык матери) в отличии от русского понятия, которое соответствует языку рода. Численность эстонцев в середине 17 века после Ливонской, польско-русской, шведско-польской и русско-шведской войн упала до катастрофического уровня, и видимо тогда же произошел вброс R1a (беглые крестьяне из Пскова и Новгорода, староверы). Хотя может быть, такое соотношение было изначально в структуре этноса еще тысячу лет назад. Думаю, тут надо будет определять возраст R1a в Эстонии.

А. Клёсов: Я намеренно "заострил" вопрос об определениях, потому что если мы не будем придерживаться некой системы сами, то будем сами путаться, и тем более нас не поймут другие.

По поводу понятия "пермские финны" - вот, например, о непозволительности этого устаревшего и неверного понятия:

Владимир Напольских

ПЕРМСКИЕ НАРОДЫ: УДМУРТЫ

*Удмурты, коми-зыряне коми-пермяки, чьи языки чрезвычайно близки (пожалуй, они внешне даже ближе друг к другу, чем прибалтийско-финские) и происходят от единого пермского праязыка, обособившегося от других известных нам финно-угорских языков достаточно давно (вероятно, не менее трёх тысяч лет назад), образуют пермскую группу народов, объединяемых не только общностью происхождения их языков, но и общностью исторических судеб. В литературе в отношении пермян иногда неправильно употребляют термин *финно-пермские народы*, что непозволительно, так как название *финно-пермский* давно и правомерно используется для обозначения **всех финно-угорских языков и народов, исключая угров, то есть — от прибалтийских финнов до пермян включительно**. Ещё менее удачны такие иногда встречающиеся названия*

пермян, как *пермские финны* или *восточные финны*, так как к *финнам* эти народы имеют весьма отдалённое отношение (с тем же успехом русских, например, можно было бы называть "восточными немцами").

<http://udmurtology.narod.ru/library/napolskikh/udmurts.htm>

А. Клёсов: Так вот, в ДНК-генеалогии устанавливается стандарт называть гаплотипы и гаплогруппы не по этническим группам, и не языковым, а по территориям. Если нет, всегда дается четкое определение, что имеется в виду. Например, когда при обсуждении R1a1 я пишу "английские гаплотипы" - то это те, которые или собраны на территории Англии, либо от предка, который жил на территории Англии. То же самое "индийские гаплотипы" R1a1. "Финские гаплотипы" - собранные на территории Финляндии. Бельгийские гаплотипы - в Бельгии. Украинские - на территории Украины, хотя там, понятно, много русских.

Есть, конечно, исключения. Например, этот принцип не подходит к евреям, но там отнесения гаплотипов проводят по самоидентификации и характерным признакам типа имен-фамилий предков.

Называть гаплотипы "финно-угорскими", "индоевропейскими" или "семитскими" - неверно. Называть их "финскими" в применении к новгородцам - неверно. Говорить, что "русские гаплотипы произошли от финских", имея в виду уральские или сибирские - неверно.

Виктор: Абсолютно согласен, но, наверное, будет более конкретно сказать: племён, говорящих на языках уральской группы. Это - не уральцы, которые не похожи на финнов и балтов. Это финны и мы, балты, непохожи (мутировали) на своих прародителей - российские гаплотипы.

Но, повторяю, абсолютно согласен с Вашим замечанием. Всеми силами пытаюсь бороться с подобными ошибочными определениями. Но в отношении гаплотипов на дереве - что имеем, то имеем. Жители Финляндии преобладают. Сменить название "финская корона" на "карельская корона" не могу. А ведь любому здравомыслящему человеку понятно, что предок финской короны проживал не западнее Карелии и Санкт-Петербуржья, а предок финской ветви - в Поморье.

Как Вы посмотрите на обозначения ветвей (от названия балтийский не отступлюсь, так как там прослеживается определённая закономерность):

"Ветвь гаплотипов из Финляндии"
"Крона гаплотипов из Финляндии"?

Сергей: Нормально. А то понятие "финны" действительно сбивает с толку. У многих, как вы имели возможность заметить на моем примере, оно вызывает путаницу в головах. Особенно, учитывая официальную терминологию.

А. Клёсов: Нет предмета для спора. Я бы вообще назвал оба варианта "финская", пометив, что "финская" - это с территории Финляндии.

Михаил: При классификации надо учесть, что N1c у русских - это сборная группа. Ведь даже в последние два-три века обрусело много карелов, мордвы, удмуртов, почти все коми-пермяки. Конечно, если взять только мордву, даже только эрзя или только мокша, там тоже будет сборная, только не такая широкая и гораздо более ранняя.

К сожалению, очень мало представителей названных этносов сдали анализ на ДНК, а кто сдал, опубликовано 9 маркеров или около того - слишком мало для уверенного позиционирования на ветви.

А если бы товарищи ученые достали собранную в экспедициях кровь из холодильника да повторили анализ хотя бы на 25 маркеров, можно было бы называть: "вепсовская ветвь", "чувакская ветвь".

А. Клёсов: Еще один вопрос - это разнобой в аллелях маркера GATA H4. То, что в сериях гаплотипов у Виктора 11, в моих сериях - 12. В действительности есть разные системы счета блоков GATA в нуклеотидной последовательности. Одни считают как GATA, другие как TAGA, и при этом получаются разное на единицу число тандемов. Отмечается, что кит Y-filer (то есть система 17-маркерные гаплотипы) считает несколько по-другому; впрочем, каждый считает во что горазд. Вот что я нашел в литературе про GATA H4: есть шесть "провайдеров", или лабораторий, и у них - три разные системы счета аллелей GATA H4. Одна лаборатория (подозреваю, что FTDNA) считает так-то, две других добавляют к этому единицу, одна вычитает 9, и две вычитают 10.

Если это Y-filer, что добавляет единицу, то разобрались.

Сергей: Да, это верно. Вот пояснения для GATA H4:

http://www.cstl.nist.gov/strbase/YSTRs/H4_nomenclature.htm

А. Клесов. Ну, с этим разобрались. Итог дискуссии по происхождению гаплогрупп N и подгрупп пока подводить не будем. Далее продолжим.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 7

Анатолий Клёсов

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.
<http://aklyosov.home.comcast.net>

ПИСЬМО ДВАДЦАТОЕ (перевод)

Я прочитал в ваших сетевых дискуссиях, что предковый гаплотип относительно недавней ветви ашкеназийских коэнов гаплогруппы J2

12 23 15 10 14 17 11 15 12 13 11 29

а сефардийских коэнов той же гаплогруппы

12 23 15 10 13 18 11 15 12 13 11 29

Мой гаплотип такой (та же гаплогруппа J2):

13 22 14 10 12 16 11 13 11 13 11 30

Могу ли я оказаться тоже в группе коэнов по гаплотипу?

МОЙ ОТВЕТ:

Естественно, приведенные гаплотипы коэнов довольно короткие, только 12-маркерные. По имеющемуся у меня набору гаплотипов коэнов (именно священников и их потомков), предоставленному ассоциацией коэнов Южной Америки, общий предок как ашкенази, так и сефардов современных коэнов гаплогруппы J2 жил примерно 900 лет назад, во времена первого крестового похода (1096-1099), что евреи порой называют

«Первым холокостом». Общий предок как ашкенази, так и сефардов этих недавних линий жил примерно 2100 лет назад.

К этой группе Вы принадлежать не можете. Ваш гаплотип отличается от приведенных выше предковых гаплотипов коэнов на 10 мутаций на 12 маркерах. Это соответствует примерно 10,400 лет до общего предка, и близко к временам жизни наиболее древних предков гаплогруппы J2. К тем недавним генеалогическим линиям коэнов гаплогруппы J2 Вы отношения не имеете.

ПИСЬМО ДВАДЦАТЬ ПЕРВОЕ (перевод)

В недавней статье **Excavation past population structures by surname-based sampling: the genetic legacy of the Vikings in the Northwest England** (Mol. Biol. Evol. 25, 301-309, 2008) приведены 18 гаплотипов гаплогруппы R1a1 из северной Англии, наряду с предположением, что они отражают популяцию скандинавских переселенцев.

MC46	15 25 12 10 11 13
ORM3M	15 25 10 10 11 13
WIC108M	16 25 10 10 11 13
WIC22M	15 24 12 10 11 13
WIC86M	15 25 12 11 11 13
WIS19M	16 26 12 10 11 13
133A	15 27 12 11 11 13
189A	14 24 12 10 11 13
163A	15 25 13 10 13 13
92A	16 26 10 10 11 13
93A	15 25 12 7 11 12
91A	15 25 12 10 11 13
121A	15 25 12 11 11 14
109A	16 25 9 10 11 13
112A	15 25 12 11 11 13
78A	15 25 12 10 11 13
104A	15 25 12 10 11 13
73A	15 25 10 10 11 13

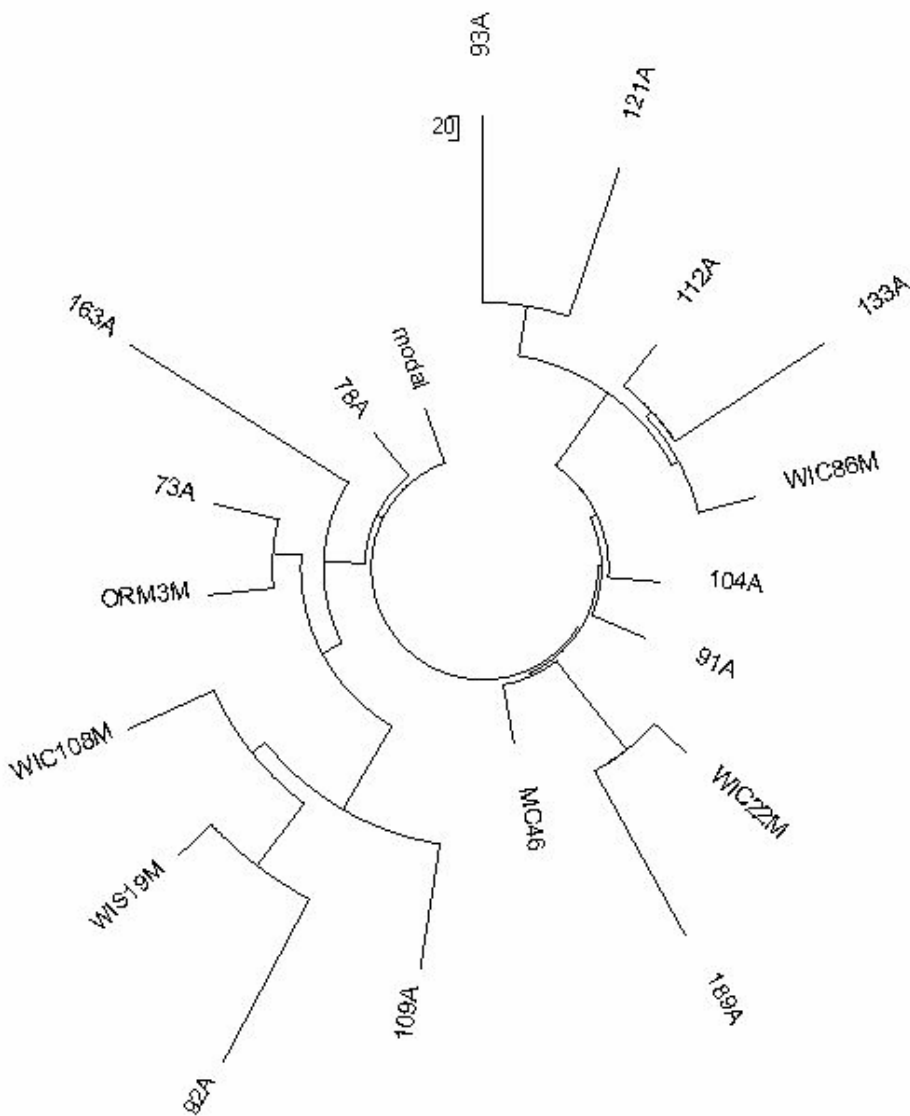
В данном списке первые шесть – это современные гаплотипы, номера с индексом А – гаплотипы современных жителей Англии (не менее двух

поколений живших в районах изучения), но фамилии которых были представлены в тех же районах с периода не позднее 1572 года. Ряд этих фамилии имеют скандинавские элементы, приписываемые возможным викингам.

Вопрос – действительно ли «современные» и «средневековые» гаплотипы образуют различные группы, как говорится в статье, и говорят ли «средневековые» гаплотипы что-то о викингах?

МОЙ ОТВЕТ:

Ни то, и ни другое. Посмотрите на дерево этих 18 гаплотипов:



Оно состоит из отдельных левой и правой ветви, у каждой из которых есть свой предок. Обе ветви – смесь «современных» и «средневековых» гаплотипов: в левой – 3 первых и 5 вторых, в правой – 3 первых и 7 вторых.

Так что никакой разницы между «современными» и «средневековыми» гаплотипами нет. Более того, по удаленности от «ствола» они тоже не различаются.

Правая ветвь, из 10 гаплотипов, содержит 14 мутаций от базового гаплотипа (в формате DYS 19, 388, 390, 391, 392, 393)

15-12-25-10-11-13

что соответствует 4700 лет до общего предка носителей трех современных и семи «средневековых» гаплотипов.

Левая ветвь, из 8 гаплотипов, содержит 16 мутаций от базового гаплотипа

15(16)-10-25-10-11-13

что соответствует 7275 лет до общего предка.

Между обоими гаплотипами 1.75 мутаций разницы. Это дает 6175 лет дистанции между их общими предками, что в свою очередь означает, что ИХ общий предок жил $(6175+7275+4700)/2 = 9075$ лет до общего предка R1a1 в Англии.

Это – намного более древнее время, чем для скандинавских, и в частности, норвежских гаплотипов. Так что если гаплотипы викингов и наблюдаются на Британских островах, то обнаруженная ветвь намного древнее, чем общий предок гаплотипов R1a1 в Норвегии.

ПИСЬМО ДВАДЦАТЬ ВТОРОЕ (перевод)

Можете ли вы помочь с объяснением моего гаплотипа – прилагается 37-маркерный гаплотип, первые 12 маркеров

13-25-17-11-11-14-12-14-11-13-11-30

Мой дед – из Италии (Veneto Region), но не знаю, поможет ли это. Гаплотип – гаплогруппы R1a1. Проблема в том, что он не похож ни на какие другие гаплотипы этой гаплогруппы. Самое близкое сходство – это 10 маркеров из 12 в Германии и Чехии, и три наиболее близких совпадения всего по 25-26 маркерам из 37 в Англии, Швеции и Ирландии. Проблема еще в том, что DYS388 у меня равно 14, и это невозможно истолковать в рамках германских или славянских предков.

МОЙ ОТВЕТ

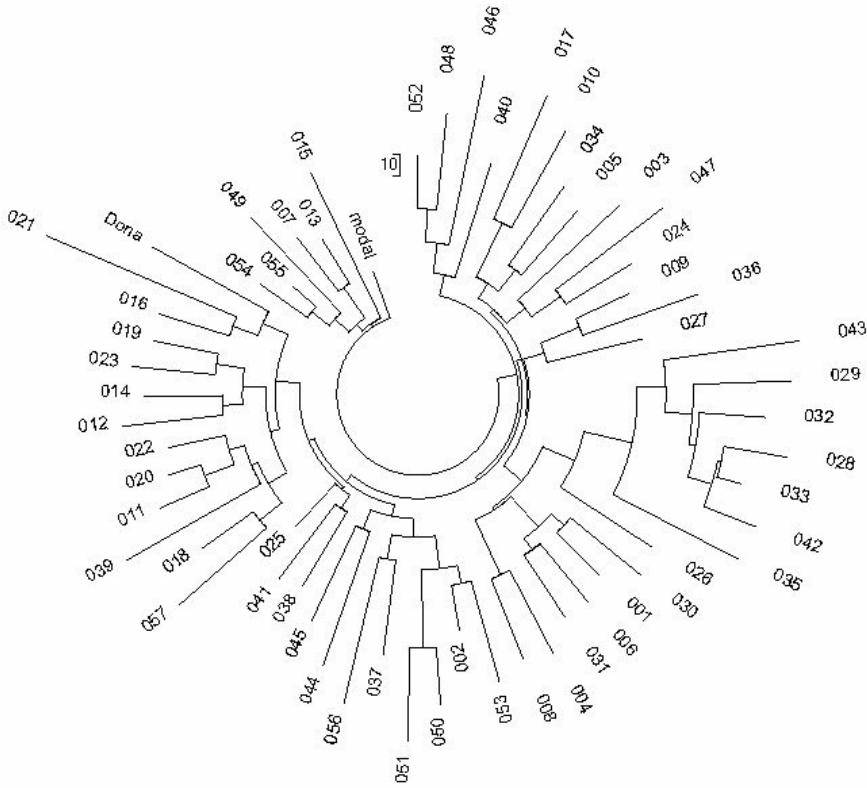
Гаплотипы гаплогруппы R1a1 в целом похожи друг на друга, они не расходятся по снипам и соответствующим подгруппам. Поэтому всё в порядке, ваш гаплотип никуда не может потеряться. Есть, конечно, второстепенные различия, как, например, в так называемом «кластере викингов», что на самом деле группа норвежских и шотландских гаплотипов, которые имеют пару 19,21 в DYS CDYa,b. Однако это скорее всего легенда, басня, каких много в ДНК-генеалогии. Этот 19,21 кластер на самом деле образовался примерно 2300 лет назад, когда никаких викингов не было (они появились примерно 1200 лет спустя). Тем более что ваш гаплотип имеет в этой паре маркеров 19,23, как и у подавляющего большинства других гаплотипов гаплогруппы R1a1.

Общий предок подавляющего большинства носителей гаплотипов в Европе появился примерно 4500 лет назад, от 4900 лет назад у современных славян до 4200 лет назад у Скандинавов. Так что и в этом отношении R1a1 примерно одинаковы.

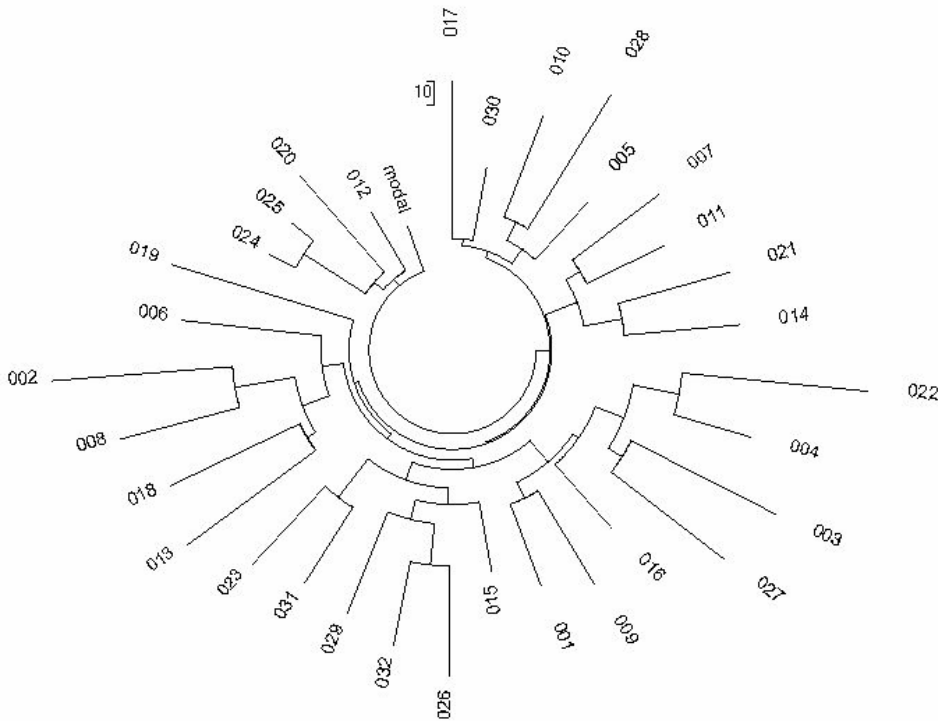
Единственное отличие в вашем гаплотипе от многих других – это DYS388=14, как вы и написали. Такие гаплотипы представлены в малых количествах в Англии (1), Ирландии (2), Шотландии (1), Германии (2), Норвегии (1), Швеции (1), Индии (1) – все из серий гаплотипов числом от 20 до 80. Таких гаплотипов пока не найдено в Польше, Чехословакии, Венгрии, России, среди евреев. Мои исследования показали, что DYS388=14 – это не субклад, а просто случайная мутация DYS388=12.

Можно предварительно заключить, что ваш гаплотип происходит от общего предка, который жил в Европе примерно 4500 лет назад. Он мог прибыть из любого места в Европе. Все остальные аллели вашего гаплотипа совершенно обычны, и ли сохраняют предковый гаплотип, или слегка мутированы.

Вот в качестве примеров дерево гаплотипов Англии (ваш гаплотип слева, помечен буквами Dona)



и Европы (ряд небольших стран), номер вашего гаплотипа 019 (слева).



Как видите, он довольно комфортно вписывается в ветви дерева гаплотипов R1a1.

ПИСЬМО ДВАДЦАТЬ ТРЕТЬЕ (перевод)

Я прочитал вашу статью, представленную в Nature и выставленную на их сайте, и немедленно отправился искать другие ваши статьи. К сожалению, они на русском языке, но одну – про девять славянских племен – я прочитал с компьютерным переводчиком, к сожалению, кроме карты.

Мой интерес вызван, в частности, тем, что у меня очень необычный гаплотип гаплогруппы R1a1 (прилагаю), и я теряюсь в догадках, откуда мои предки. Никто мне пока не смог этого объяснить, включая FTDNA.

Я полагал, что я отношусь к русинам, восточным славянам из северо-восточного региона Словакии, на польско-словацкой границе. Семейные документы ведут до 1724 года, в тот же регион. Но, видимо, русины проявились только по материнской части. Похоже, по Y-ДНК я больше словак, чем русин. Это был шок. Но еще более интересно, мой гаплотип не походит ни на один вариант R1a1, которые вы так ясно выложили в своей

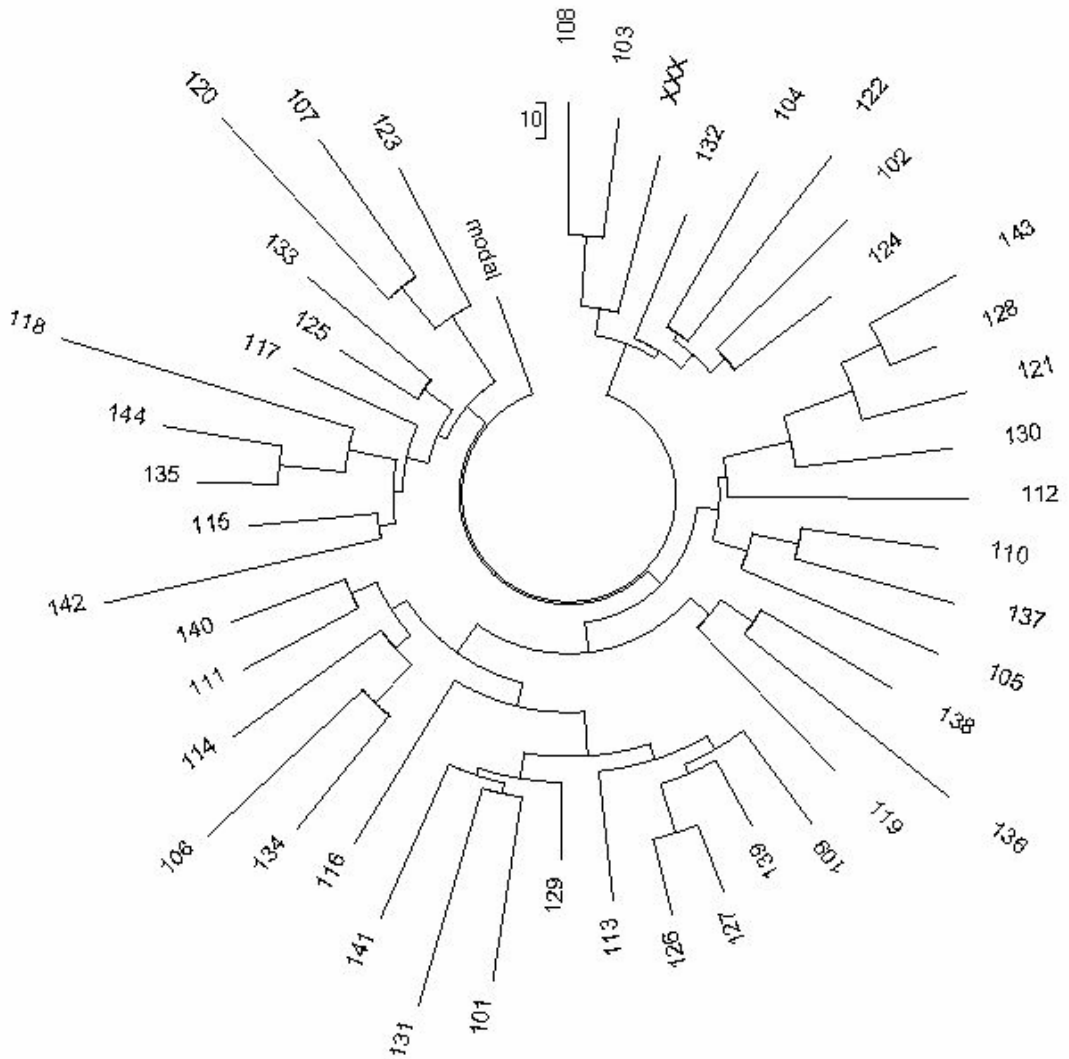
статье. Из какого района Евразии мои предки? Можете мне помочь? Можете подсказать, к какому из девяти славянских племен я ближе?

МОЙ ОТВЕТ

У вас - довольно обычный гаплотип, в котором только одна мутация необычна - в DYS447, а именно от предкового 23 в 22. Но это - просто мутация, она может произойти у каждого. Она произошла у вас, и также у нескольких людей из моей «коллекции» гаплотипов R1a1.

Я это вам продемонстрирую на конкретных примерах. Сначала я разместил ваш 25-маркерный гаплотип среди польских гаплотипов гаплогруппы R1a1, и построил дерево гаплотипов (см. изображение ниже). Ваш гаплотип - в верхнем правом углу, помечен тройным крестом.

Как видите, ваш гаплотип вполне комфортабельно сидит в середине соответствующей ветви. Ни у кого на этой ветви нет вашей мутации 22, но они и не обязаны иметь. Предковый гаплотип вашей ветви имеет эту аллель 23, у двоих на ветви она 24, и только у вас 22, у остальных - 23. Так что у вас просто такая случайная мутация.



Дерево польских гаплотипов гаплогруппы R1a1

Аналогично, в результате простой статистики, вы или ваш предок приобрели аллель 15 в DYS19, такую же имеет ваш сосед по ветви под номером 103, у всех остальных на ветви аллель 16.

Так что, как видите, у всех есть те или иные мутации. Вы, разыскивая именно такой же гаплотип, как и у вас, делали обычную ошибку в ДНК-генеалогии. Так искать не стоит. Все гаплотипы так или иначе мутированы. Только построив дерево гаплотипов вы видите ветви, объединяющие

родственные гаплотипы. Не идентичные, а родственные, и их объединяет ветвь на дереве гаплотипов. Ветвь – это ваша генеалогическая линия. Линии бывают «пушистые», опять же за счет мутаций.

Именно поэтому я не использую термин «модальный гаплотип», он только запутывает, и может иметь отношение в разным генеалогическим линиям.

Предковый гаплотип вашей ветви в Польше следующий:

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 15

Позже вы сможете сравнить его с другими предковыми гаплотипами на других территориях. Ваш гаплотип отличается от польского на четыре мутации. Не так много, но и немало. Ваш общий предок, если он действительно тот, что на польской ветви, жил 2900 лет назад. Если вы посмотрите на высоту вашей ветви, то увидите, что она примерно такая же, как и все остальные. Это означает, что «возраст» вашего предположительного польского предка такой же, как и в целом других предков гаплогруппы R1a1 по Польше. Конечно, это вовсе не означает, что ваш далекий предок непременно родился на территории Польши, он мог бы прийти и из другого места примерно 2900 лет назад в Польшу, и быть в свою очередь потомком еще более древнего предка.

Откуда он мог прийти? Посмотрим на дерево гаплотипов в Германии.

Ваш гаплотип – в верхнем левом углу. Он опять не в одиночестве, а окружен другими родственными гаплотипами. Ветвь, в состав которой он входит, довольно сложна, и может рассматриваться либо как ветвь в целом, с одним общим предком, либо как двойная ветвь, с двумя общими предками, с DYS464b = 12 и DYS464b = 15 (это ваш случай). Первый случай, с наиболее древним общим предком и базовым гаплотипом

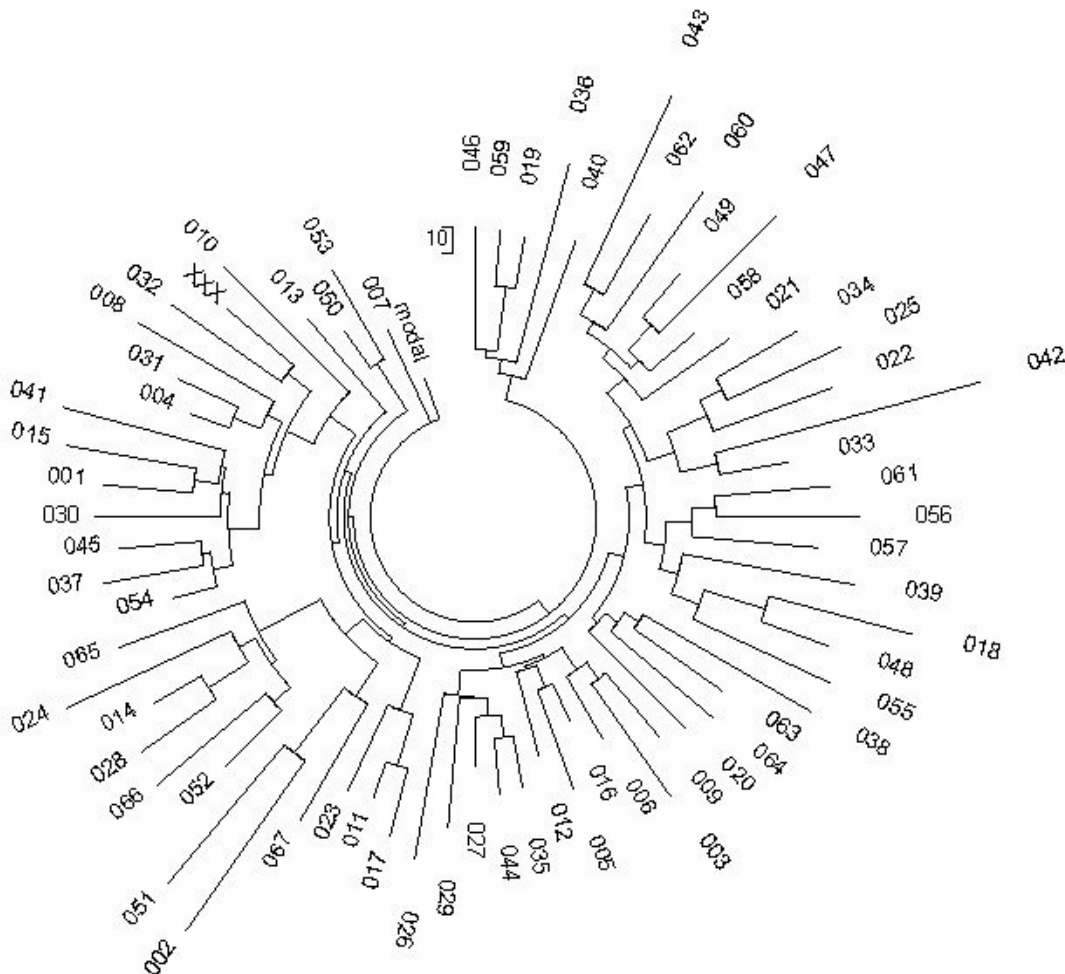
13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 **13** 15 15

указывает на то, что предок жил 3050 лет назад, и его гаплотип лишь немного отличался от польского 2900 лет назад (выделен выше). У вас от него 5 мутаций.

Ваша подветвь из 6 гаплотипов имеет следующий базовый

13 25 16 10 11 14 12 12 **12** 13 11 29 16 9 10 11 11 23 14 20 **33** 12 15 15 **16**

Вы от него отклоняетесь на три мутации. Пока это для вас наиболее близкая дистанция. Если так, то ваш общий предок жил 2100 лет назад, первый век до нашей эры.

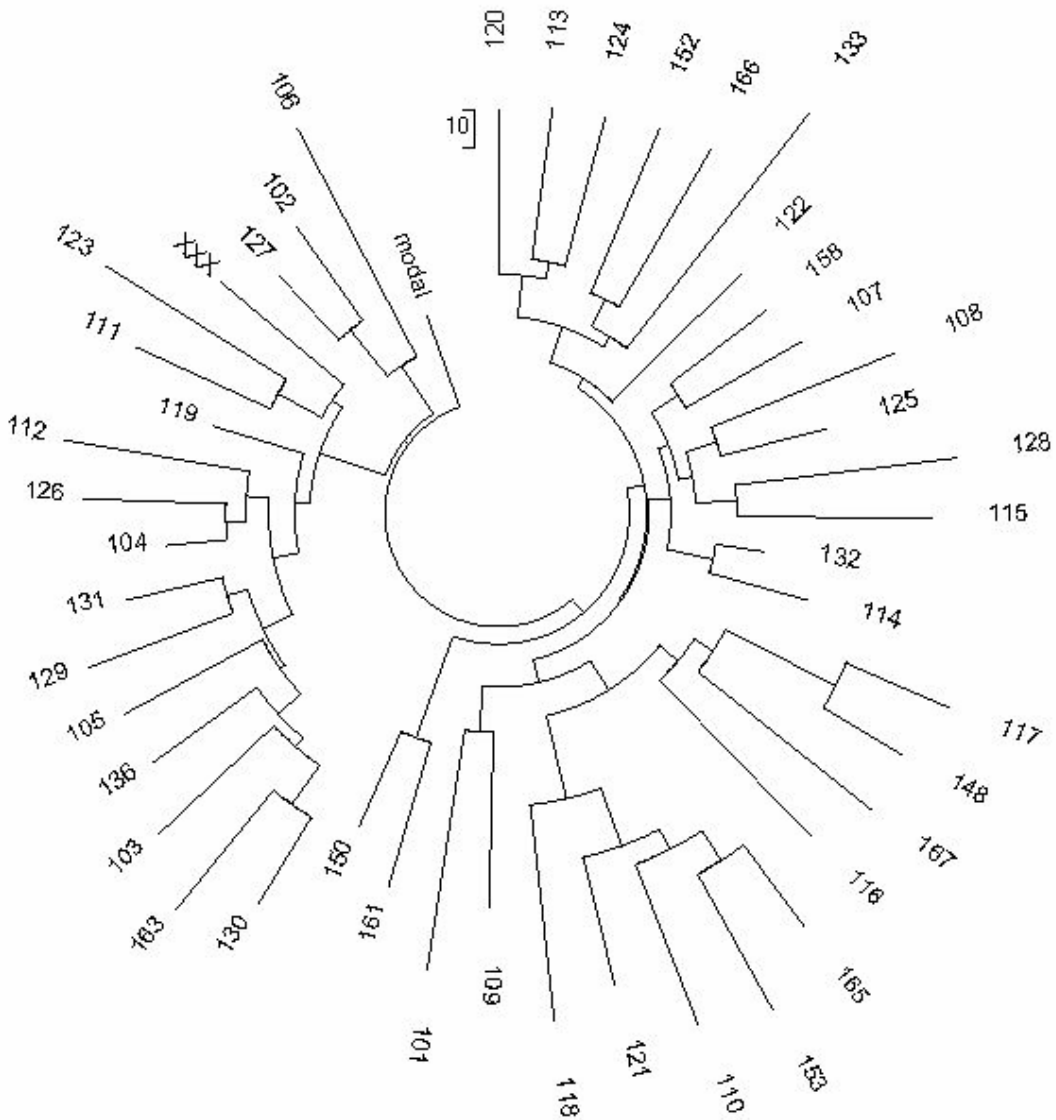


Дерево германских гаплотипов гаплогруппы R1a1

Теперь посмотрим на русско-украинские гаплотипы. Вы – на краю большой ветви, слева вверху (помечено тройным крестом). Общий предок ветви жил 3175 лет назад. Похоже. Это и есть ваш общий предок. Его базовый гаплотип

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 13 15 16

Ваш гаплотип отходит от него на три мутации, и каждая – случайная. Ваш DYS19 = 15 наблюдается на ветви еще у трех человек, еще у одного – аллель 17. В DYS439 у вас аллель 12, у всех остальных – 11. В DYS447 у вас 22, у одного – 24, у всех остальных – 23.



Дерево русско-украинских гаплотипов гаплогруппы R1a1

Теперь ваш последний вопрос – к какому из девяти славянских племен могли принадлежать ваши предки? Ответ – к второму в списке сверху.

16-11-14-13-30-24-11-11-13-14-11-10-20-15-15-23-12
16-11-14-13-29-25-10-11-13-14-11-11-20-16-17-23-12
15-11-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-16-23-12
16-11-15-13-31-25-11-11-13-14-11-10-20-15-15-23-12
16-11-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-15-23-13
17-10-14-13-30-25-10-11-13-14-11-10-20-16-16-23-12
16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-11-20-16-16-23-12
16-11-14-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-16-15-23-13
16-11-15-13-30-25-11-11-13-14-11-10-20-15-15-24-12

Эти гаплотипы приведены в формате Y-файлера, 17-маркерные гаплотипы. Второй гаплотип сверху имеет все особенности вашего гаплотипа, включая Аллели 13-29 в DYS389, 16 в DYS19, 11-14 в DYS385, 25 в DYS390, 10 в DYS391. Всего два различия наблюдаются в вашей аллели 12 в DYS439, но мы уже знаем, что это мутированная 11 в предковом гаплотипе, и ваша 16 в DYS458, где предковая аллель 17. Но мы знаем, что мутации имеют место. Это «второе» племя имело общего предка, который жил 3200 лет назад, что хорошо согласуется с 3175 лет назад для другой серии славянских гаплотипов.

Я пока не знаю имени этого племени, и откуда его предки пришли на Русь. Но, похоже, ваши предки были из этого племени.

ОТВЕТ:

(Опускаю много слов благодарности). Я был просто в экстазе, когда получил ваш ответ и описание моих предков. Впервые я узнал об этом с такой ясностью и четкостью. Я бесконечно признателен вам, как признательна и моя семья в Словакии и в США. Более того, моя фамилия имеет историческую значимость. Это – имя древнего музыкального инструмента, и я посылаю вам его фотографию. Он был очень популярен в словацких деревнях, особенно в 14-16 веках. Еще раз, огромное спасибо за открытие для меня этой области знания.

