

Ultima ratio

**Вестник Российской Академии
ДНК-генеалогии**

Том 2, № 6

2009 ноябрь

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
Anatole A. Klyosov

© Авторские права статей принадлежат их авторам, 2009

© РА-ДНК, 2009

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление	973
Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. <i>И. Рожанский и А. Клёсов</i>	974
О «множественных и уникальных генеалогических линиях коэнов» (альтернативный анализ данных, приведенных в публикации Hammer, Behar, Karafet, Mendez, Hallmark, Erez, Zhivotovsky, Rosset, Skorecki, в Hum. Genet. , август 2009) <i>А. Клёсов</i>	1100
Наследие древнего Ханаана в ДНК современных евреев. <i>Алиев А. А., Ампилогов А. Ю., Лутак С. В., Клёсов А.А.</i>	1117
ПОЛЕМИКА	
Рецензия на статью С.П. Каржавина «Роль калмыков в формировании генетического портрета казахского этноса. Опыт имитационного моделирования исторического развития популяций» (Вестник Российской академии ДНК-генеалогии, 2009, №4, с. 670-746). <i>Жаксылык Сабитов</i>	1125
Ответные комментарии. <i>С.П. Каржавин</i>	1133
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии.	
Часть 10. <i>А. Клёсов</i>	1153

Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география

И. Рожанский и А. Клёсов

ВВЕДЕНИЕ

ДНК-генеалогия полна мифов. Мифы обычно появляются там, где данных нет, но очень хочется заполнить пробел. И вот в литературе появляется предположение, некая фантазия, которая после цитирований и перецитирований приобретает статус якобы ЗНАНИЯ. Оснований у этого мифа нет, типа «могло и так быть», но к нему привыкают, его защищают в дискуссиях, как если бы у исходного предположения не было альтернативных объяснений и вариантов. В итоге часто оказывается, что так быть не могло, но миф продолжает жить по инерции, и его по инерции продолжают отстаивать.

Мифы живучи. Одним из таких мифов является «украинское происхождение R1a». Там миф даже тройной, и у всех трех его частей – никаких оснований. Первый – что гаплогруппа появилась на Украине. К этому было некое соображение, которое оказалось ошибочным. Первым о нем упомянула, видимо, O. Semino (Semino et al, 2000), которая со ссылкой на неопубликованную работу (Santachiara-Benerecetti, unpublished data) сообщила – «этот сценарий находит поддержку тем, что максимальное разнообразие микросателлитов гаплогруппы Eu19 [R1a1 – авторы] найдено на Украине». Мы сейчас знаем, что это не так, что никакого максимального разнообразия аллелей гаплотипов R1a1 на Украине нет, и «неопубликованные данные» так и не были опубликованы. А миф остался.

Второй миф – что гаплогруппа R1a появилась на Украине (или в степях России-Украины) 15 тысяч лет назад, хотя никаких данных об этом при выдвижении предположения не было. Вот откуда это возникло. Wells и др. в своей работе (Wells et al, 2001) написали: «(мутация) M17, последующая за M173, видимо, намного моложе, с предположительным возрастом ~ 15 тысяч лет назад». Никаких данных о 15 тысяч лет предоставлено не было, и почему этот возраст «предположительный» тоже пояснено не было. Последующая фраза в этой статье следующая: «Следует заметить, что эта оценка зависит от многих, возможно, неверных допущений о процессах мутаций и структуре популяций». Эта фраза, как мы сейчас знаем,

оказалась верна в том отношении, что допущения действительно были неверными, и возраст гаплогруппы на Украине был завышен в три раза.

В своей книге «Deep Ancestry», вышедшей в 2006-м году, через пять лет после той статьи, Спенсер Уэллс пишет: «Примерно между 10 и 15 тысяч лет назад, мужчина европейского происхождения родился на территории современной Украины или южной России. Его потомки-кочевники пронесут генетический маркер M17 через степи на дальние расстояния – до Индии и Исландии». Как видно, новых данных у автора не появилось, но Украина продолжает фигурировать, с дополнением южной России. Дата, правда, несколько сместилась. Из последующего в книге становится понятно, почему. Автор постулирует (опять), что курганная археологическая культура – это носители гаплогруппы R1a1 (данных к этому у автора опять же нет), а значит – южная Россия или Украина. Правда, курганной культуры (или комплекса культур в любом варианте) не было 10-15 тысяч лет назад, и непонятно, почему автор продолжает придерживаться этой даты. Об этом – ниже.

Третий миф – что носители R1a1 пережидали в горах Украины – в «украинском убежище» – ледниковый период, опять же между 15 и 12 тысячами лет назад. Никаких данных к этому тоже нет.

Тем не менее, миф живет и процветает. Wiik, в своей статье «Откуда появились европейцы» (Wiik, 2008) называет гаплогруппу R1a1 уже «украинской», и упоминает ее в этом контексте несколько десятков раз (точнее, 37 раз, так что это не преувеличение).

Все эти положения на самом деле неверны. Разнообразие гаплотипов на Украине такое же, как в России или в Польше, и они все укладываются на дерево гаплотипов с общим предком, который жил 4850 ± 500 лет назад (Клёсов, 2008a; Klyosov, 2009b). Ничего необычного в «украинских» гаплотипах R1a1 нет.

Еще один миф – что гаплогруппа R1a1 это «курганная археологическая культура». Никаких данных к этому пока нет и не было, кроме общих фантазий тех, кто это высказывает. Может быть, это базируется на датировках R1a1 на Русской равнине? Нет. Курганная культура датируется по разным данным 6-7-м тысячелетиями от настоящего времени, когда произошла первая волна движения носителей этой культуры на запад. Носители же R1a1, по данным ДНК-генеалогии, появились на этой территории только около 5 тысяч лет назад и, напротив, двигались на восток. Поскольку носители гаплогруппы R1b на русской равнине имеют общего предка 6775 ± 830 лет назад (Клёсов, 2009a), и именно R1b

продвигались в те времена на запад, то это скорее их можно соотнести с курганной культурой. Хотя, конечно, это надо еще доказывать.

В разделе «Обсуждение результатов» будут приведены сведения о времени и месте появления гаплогруппы R1a1, в той степени, в какой это можно предполагать на основании известных данных. Коротко, гаплогруппа R1a1 появилась предположительно в Южной Сибири 20 тысяч лет назад. Примерно 10-12 тысяч лет назад потомки азиатской ветви R1a1 достигли Европы, и отсюда начинается история европейских ветвей гаплогруппы R1a1.

Рассмотрим их историю, и, где возможно, географию.

ДРЕВНЕЙШИЕ ВЕТВИ ГАПЛОГРУППЫ R1A1 В ЕВРОПЕ

Есть несколько свидетельств тому, что современные носители гаплогруппы R1a1 в Европе имеют общего предка, который жил примерно 10-12 тысяч лет назад.

Эти свидетельства имеют прямое отношение к нескольким сериям гаплотипов - трем субкладам гаплогруппы R1a1, а именно субкладам R1a1a, R1a1b и R1a1c, и предположительно древней серии гаплотипов, имеющих DYS392 = 13 или 14, и значительно отличающихся по всей структуре от обычных гаплотипов гаплогруппы R1a1 в Европе и Евразии.

Эти серии гаплотипов сведены в одно дерево на рис. 1-3 для 25-, 37- и 67-маркерных гаплотипов, соответственно. Видно, что уже на 25-маркерных гаплотипах (рис. 1) ветвь субклада R1a1a четко выделяется в отдельную ветвь (справа), ветвь гаплотипов группы R1a1, потомков древнего предка (как будет показано ниже) образует свою отдельную ветвь (внизу; без буквенных индексов), и гаплотипы субкладов R1a1b и R1a1c, не разделяясь, образуют отдельную ветвь (слева).

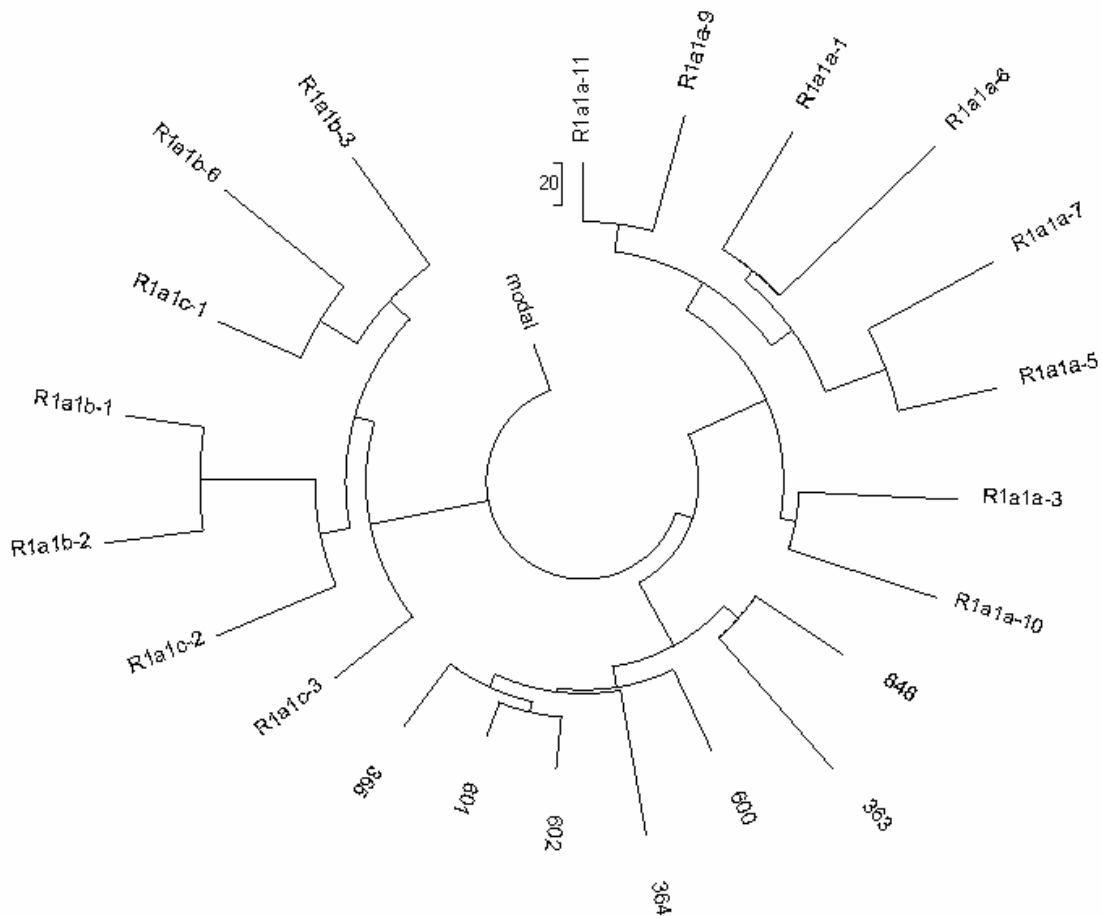


Рис. 1. 25-маркерное дерево R1a1 гаплотипов, имеющих DYS392=13 или 14 (номера без буквенных индексов), а также субклады R1a1a, R1a1b и R1a1c. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch. Вся серия содержит 22 гаплотипа.

Это построение подтверждается на дереве 37-маркерных гаплотипов (рис. 2). Ветви поменялись местами (что неудивительно, так как программа не фиксирует ветви, но фиксирует гаплотипы в ветвях), с сохранением отдельных ветвей R1a1a (справа) и древней ветви R1a1 (слева), и ветвь R1a1b/R1a1c (внизу) опять не разделяется.



Рис. 2. 37-маркерное дерево R1a1 гаплотипов, имеющих DYS392=13 или 14 (номера без буквенных индексов), а также субклады R1a1a, R1a1b и R1a1c. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch. Вся серия содержит 20 гаплотипов.

Та же картина наблюдается и на дереве 67-маркерных гаплотипов (рис. 3). Даже при таком разрешении гаплотипы R1a1b и R1a1c опять не разделяются.

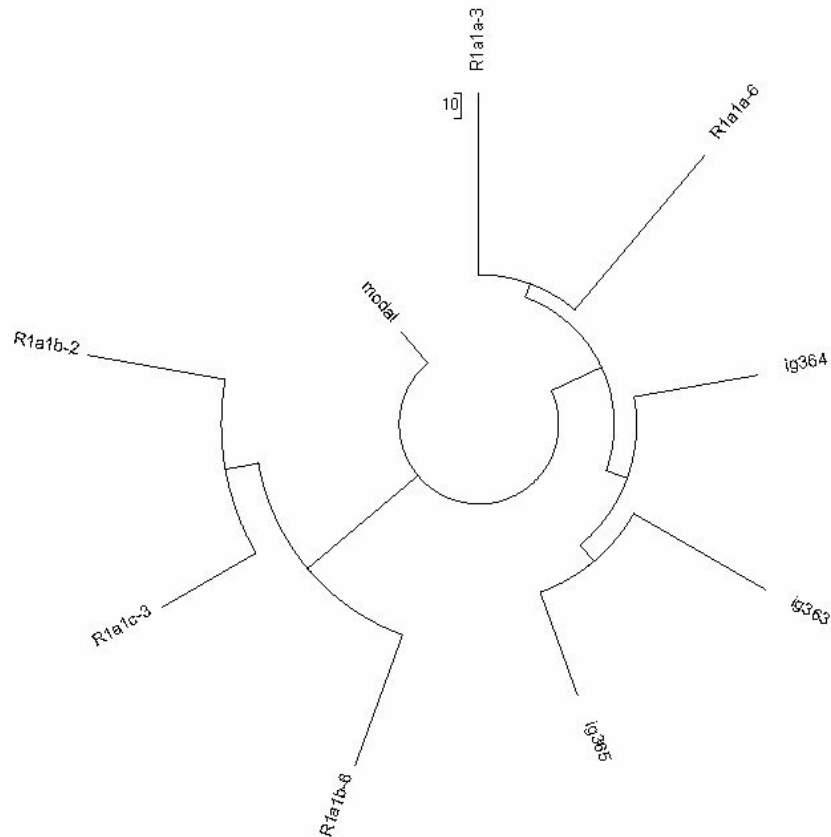


Рис. 3. 67-маркерное дерево R1a1 гаплотипов, имеющих DYS392=13 или 14 (номера без буквенных индексов), а также субклады R1a1a, R1a1b и R1a1c. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch.

По-видимому, либо типирование гаплогрупп R1a1b и R1a1c является избыточным, то есть эти гаплотипы на самом деле принадлежат одному субкладу, или, скорее, после прохождения бутылочного горлышка популяции оба выживших предка, R1a1b и R1a1c, имели по чистой случайности один базовый гаплотип, с него популяция и стартовала. А поскольку это бутылочное горлышко было пройдено относительно недавно (см. ниже), то гаплотипы этих двух субкладов так параллельно и развивались в отношении мутаций.

Перейдем к расчету времен жизни общих предков указанных серий гаплотипов.

Субклад R1a1a

В базе данных YSearch приведены восемь 37-маркерных гаплотипов (и в дополнение два 12-маркерных) гаплогруппы (субклада) R1a1a.

R1a1a-1	13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 18 9 9 11 11 23 14 20 33 13 15 15 17 -- 11 11 19 23 16 15 19 19 35 39 12 11
R1a1a-3	13 25 15 11 11 15 12 12 10 14 11 31-- 17 9 9 11 11 24 14 20 33 12 14 15 16 - 11 12 19 21 16 16 20 19 34 38 14 11
R1a1a-5	13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 23 14 21 32 12 13 15 15 -10 11 19 23 17 16 18 17 33 40 14 11
R1a1a-6	13 25 17 10 11 14 12 12 11 13 11 31 -- 16 9 9 12 11 23 14 20 31 15 15 15 15 - 11 11 19 23 15 15 18 18 34 40 13 11
R1a1a-7	13 24 16 10 11 13 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 13 15 15 16 - 10 12 19 23 16 16 19 18 33 40 14 11
R1a1a-9	13 26 15 11 11 15 12 12 11 13 11 29 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 15 - 12 12 19 23 19 16 16 19 35 38 14 11
R1a1a-10	13 26 15 9 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 - 11 12 19 21 16 16 16 18 33 37 12 11
R1a1a-11	13 25 15 11 11 14 12 12 11 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 20 23 16 16 16 19 35 37 13 11
R1a1a-2	13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30
R1a1a-4	13 25 15 11 12 14 12 12 10 14 11 31

Субклад R1a1a имеет базовый гаплотип

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

от которого вся серия имеет 55 и 108 мутаций на восьми 25-маркерных и 37-маркерных гаплотипах, соответственно, что дает 4400 ± 740 и 4400 ± 610 лет до общего предка этих восьми человек. Как видно, данные практически совпали для 25- и 37-маркерных гаплотипов субклада R1a1a.

Как будет приведено ниже, предковый (базовый) 37-маркерный гаплотип центральной Евразии (3225 ± 340 лет до общего предка) следующий:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 - 11 11 19
23 16 16 18 19 34 39 12 11

и он отличается от базового гаплотипа субклада R1a1a всего на 4.5 мутаций на 37-маркерных гаплотипах, что помещает их общего предка на 4500 лет назад.

Субклады R1a1b и R1a1c

В базе данных YSearch имеется всего семь гаплотипов этих двух субкладов, которые не разделяются даже при 67-маркерных гаплотипах.

R1a1b-1	13 23 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 16 16 16 19
R1a1b-2	13 23 14 11 11 14 12 14 12 13 13 29 -18 9 10 11 11 24 15 19 29 15 16 16 19
R1a1b-3	13 24 14 10 11 14 12 12 11 13 13 30 -- 18 9 9 11 11 25 15 19 31 15 15 17 18
R1a1b-6	13 24 14 10 11 15 12 12 12 14 13 31 -- 16 9 9 11 11 25 15 18 30 15 15 17 17
R1a1c-1	13 24 14 10 11 11 12 12 11 14 13 31 -- 19 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 16 17
R1a1c-2	13 24 14 11 11 15 12 12 13 13 13 29 -- 20 9 9 11 11 25 15 19 31 15 15 16 16
R1a1c-3	13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 30 -- 18 9 10 11 11 25 14 19 28 15 15 16 17

Вся ветвь имеет следующий 25-маркерный базовый гаплотип:

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 30 -- 18 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 16 17

Все семь гаплотипов имеют 46 мутаций от указанного базового гаплотипа, что помещает их общего предка на 4200 ± 750 лет назад.

С базовым гаплотипом центральной Евразии (см. выше) это гаплотип имеет 20 мутаций на 25 маркерах. Есть и характерные различия - DYS19 = 14, DYS439 = 10, DYS392 = 13, DYS464a = 15, и другие. Ясно, что общие предки, имеющие указанные базовые гаплотипы, хоть и жили относительно недавно - 4200 ± 750 и 3225 ± 340 лет назад, но в свою очередь разошлись от ИХ общего предка давно, а именно 13000 лет назад.

Группа гаплотипов R1a1 с DYS392=13 или 14

1. База данных YSearch, 25- и 37-маркерные гаплотипы

В базе данных YSearch имеются семь 25-маркерных гаплотипов и шесть 37-маркерных, у которых DYS392=13 или 14, и которые либо не относятся к субкладам R1a1, или не были на них типированы. Эти гаплотипы в 25-маркерном варианте следующие:

13 25 15 9 14 14 12 12 10 14 14 32 -- 17 9 9 10 11 25 14 19 31 12 15 15 15
13 25 16 10 13 14 12 12 11 14 13 31 -- 16 9 10 10 11 25 14 19 31 12 14 15 15
13 25 15 11 13 14 12 12 10 14 13 31 -- 16 9 10 10 11 25 14 19 32 12 12 15 16
13 24 15 11 13 14 12 12 10 14 14 31 -- 16 9 10 10 11 25 14 19 31 12 15 15 16
13 25 15 11 13 14 12 12 10 14 13 31 -- 16 9 10 10 11 25 14 19 30 12 15 15 16
13 25 15 11 13 14 12 12 10 14 13 31 -- 16 9 10 10 11 25 14 19 30 12 15 15 15
13 25 15 11 13 14 12 12 10 15 13 31 -- 17 9 10 10 11 25 14 19 32 12 15 15 15

От базового гаплотипа

13 25 15 11 13 14 12 12 10 14 13 17 -- 16 9 10 10 11 25 14 19 31 12 15 15 15 -- 10 11
19 23 16 16 17 17/18 37 38 11 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13
8 13 23 22 12 12 11 13 11 11 12 12

25-маркерные гаплотипы в сумме отличает 25 мутаций, что дает время до общего предка 2125 ± 475 лет. Для шести 37-маркерных гаплотипов (43 мутации) эта величина составляет 2175 ± 400 лет, то есть практически та же.

От 25-маркерного базового гаплотипа центрального Евразийского региона (фактически, базового гаплотипа Русской равнины) его отличает 12 мутаций, что дает 7100 лет до их общего предка.

Следует обратить внимание на характерную аллель DYS392=13 для данной серии гаплотипов. Она имеется у пяти гаплотипов из семи. Она же имеется у всех семи гаплотипов субклада R1a1b/R1a1c. Она же имеется у трех из 13 гаплотипов древней балканской ветви (Клёсов, 2008b, Klyosov, 2009b). Возможно, что ее древность в последней серии ($11,650 \pm 1,550$ лет до общего предка) и обусловлена смешиванием гаплотипов субкладов, что в данном случае является вполне приемлемым, поскольку тогда общий предок в пределах гаплогруппы R1a1 действительно древний.

Если сложить все три серии, субклады R1a1a, R1a1b/R1a1c, и древние гаплотипы с DYS392 = 13 или 14, получить базовый гаплотип IX общего предка

13 25 15 11 11 14 12 12 11 13 13 17 -- 16 9 10 11 11 25 14 19 31 12 15 15 16

то все три ветви отличаются от этого базового на 24 мутации, что помещает ИХ троих общего предка на 5300 лет ниже их среднего возраста (как минимум 3575 лет), что дает как минимум 8900 лет до общего предка. Скорее, 10 тысяч лет, потому что взяли минимальный возраст для комбинированного субклада R1a1b/R1a1c, сняв самые мутированные, 12-маркерные гаплотипы.



Карта 1. География субкладов R1a1a (темные маркеры) и R1a1b (маркеры с точкой), а также древней ветви с DYS392=13 (светлые маркеры).

На карте 1 показаны места жительства потомков (100-200 лет назад) этих «старых» серий гаплотипов и субкладов. Ясно, что за многие тысячелетия потомки могли перебраться на новые места. И тем не менее эта карта имеет большую значимость. Она показывает, что все потомки действительно

древних гаплотипов, которые есть в нашем распоряжении, живут в Европе, а не в других местах. Карта показывает шлейф этих потомков от Турции (субклад R1a1a) через Балканы до Британских островов. Видимо, сторонники Анатолийской концепции индоевропейских языков могут предположить, что этот шлейф показывает следы взаимодействия и миграций между Анатолией через Балканы и до Островов. Правда, это не дает ответ на вопрос, с Балкан в Анатолию или наоборот шла миграция. Собственно, это и остается камнем преткновения в лингвистических дискуссиях сторонников анатолийской и балканской (или вообще европейской) теории. По данным археологии известны стоянки на Островах 5800-6000 лет назад - в северо-западной Англии (5840±70 лет назад), Ирландии (5845±100 лет назад) и Шотландии (5500 лет назад) (Innes et al, 2003; Gkiasta et al, 2003; Atkinson and Gray, 2006). Как показано выше, общий предок этого шлейфа жил примерно 10 тысяч лет назад.

2. Норвежская серия 10-маркерных гаплотипов с DYS392=13

В работе Dupuy et al (2006) приведены 464 10-маркерных гаплотипа жителей Норвегии, восемь из которых имеют DYS392=13. Эти гаплотипы расходятся по трем сегментам на дереве гаплотипов, один из которых представляют два базовых гаплотипа дерева

13-25-15-11-11-14-X-12-X-10-13-16

другой сегмент – четыре гаплотипа с базовым для ветви

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

в которой всего 4 мутации, что помещает общего предка ветви на 1475±750 лет назад,

и третий сегмент – два гаплотипа с условным базовым

12/13-24/25-14-10/11-11-15-X-12-X-10-13-16

в котором пять мутаций, что дает время до общего предка 3875±1800 лет назад.

Полученные две ветви дерева различаются на две мутации на 10 маркерах, что разводит их общих предков на 3100 лет, и помещает их общего предка всего дерева примерно на 3600 лет назад. Это в данном случае соответствует величине, рассчитанной по всем гаплотипам дерева, без учета деления на ветви (3350±880 лет).

Иначе говоря, сама серия норвежских гаплотипов с $DYS392=13$ имеет вполне умеренный возраст, и примерно соответствует возрасту обычных норвежских R1a1 гаплотипов, равному 3375 ± 490 лет (Клёсов, 2008e). Они вместе и заселяли современную территорию Норвегии. Но общий предок носителей $DYS392=11$ и $DYS392=13$ жил значительно раньше. Для того, чтобы узнать, насколько раньше, следует рассмотреть структуру базовых гаплотипов гаплогруппы R1a1 Норвегии. В выборке из 464 гаплотипов (см. выше) 40 гаплотипов относятся к отдельной серии с $DYS388=10$, и в остальных 424 гаплотипах имеется 1117 мутаций от базового гаплотипа

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

что дало 4275 ± 450 лет до общего предка. Но сами базовые гаплотипы с $DYS392=11$ и $DYS392=13$ различаются на пять мутаций на 10 маркерах, что помещает их общего предка примерно на 8600 лет назад.

Как видно, это примерно те же датировки общего предка гаплогруппы R1a1 в Европе, что и были получены выше для более протяженных гаплотипов с $DYS392=13$.

Промежуточный вывод

Рассмотрение ряда ДНК-генеалогических линий в Европе с ожидаемыми древними предками действительно показывает, что общие предки ряда популяций R1a1, а именно субкладов R1a1a, R1a1b и R1a1c, а также линий с редкими в наше время $DYS392=13$ или 14 жили в период времени 10-12 тысяч лет назад. Как будет указано в разделе «Обсуждение», это согласуется с временем основания гаплогруппы R1a1, предположительно в Южной Сибири, 20 тысяч лет назад, с учетом миграции из Сибири в Европу, и со временами жизни общих предков ветвей гаплогруппы R1a1 в Индии и Пакистане 11500 – 12400 лет назад (Клёсов, 2009d). Однако во всех этих случаях прямые общие предки этих генеалогических линий в Европе жили только 2000-4000 лет назад, пройдя резкие сокращения популяции (бутылочные горлышки популяции) или переходы на новые территории (латеральный дрейф популяции).

Судя по показанным ниже многочисленным данным, это – совершенно типичная ситуация для носителей гаплогруппы R1a1 (как, впрочем, и других гаплогрупп). Задача настоящей работы – выявить «эпицентры» этих фрагментов популяций гаплогруппы R1a1, оставшиеся к настоящему времени, сопоставить их базовые (предковые) гаплотипы, проследить

направления миграций по временам и регионам, и, где возможно, «картировать» эти популяции, кластеризующиеся вокруг своих базовых гаплотипов.

ЕВРОПЕЙСКИЕ ВЕТВИ ГАПЛОГРУППЫ R1A1

Методология исследования

В настоящей работе были рассмотрены около тысячи 25-маркерных гаплотипов (из них 890 приведены на рис. 4), остальные рассматривались в разных дополнительных сериях гаплотипов, как описано в данной статье, а также 613 37-маркерных (рис. 5) и 384 67-маркерных гаплотипов (рис. 6), приведенных в базе данных YSearch (<http://www.ysearch.org>) и в географических проектах базы данных Family Tree DNA (<http://www.familytreedna.com/projects.aspx>).

Преобразование гаплотипов в 67-, 37 и 25- и 12-маркерные деревья описано в (Клёсов, 2008b; Klyosov, 2009a). 12-маркерное дерево как имеющее весьма низкое разрешение для целей настоящей работы, в данном исследовании почти не использовалось.

Видно, что каждое дерево состоит из ряда ветвей гаплотипов, которые программа построения дерева группирует в соответствии с наиболее вероятной последовательностью образования мутаций. Действительно, каждая ветвь состоит из группы гаплотипов, наиболее близких друг к другу по структуре мутаций, и зачастую имеет центральный, или «базовый» гаплотип в повторяющихся копиях или фрагментах, которые наиболее близки к гаплотипу общего предка для данной ветви. Обычно базовый гаплотип – тот, который отстоит от всех остальных гаплотипов ветви на суммарное минимальное количество мутаций в маркерах гаплотипа. Поэтому процедура выявления базового гаплотипа основана на «минимизации» мутационного расстояния до определенного гаплотипа, который и оказывается базовым.

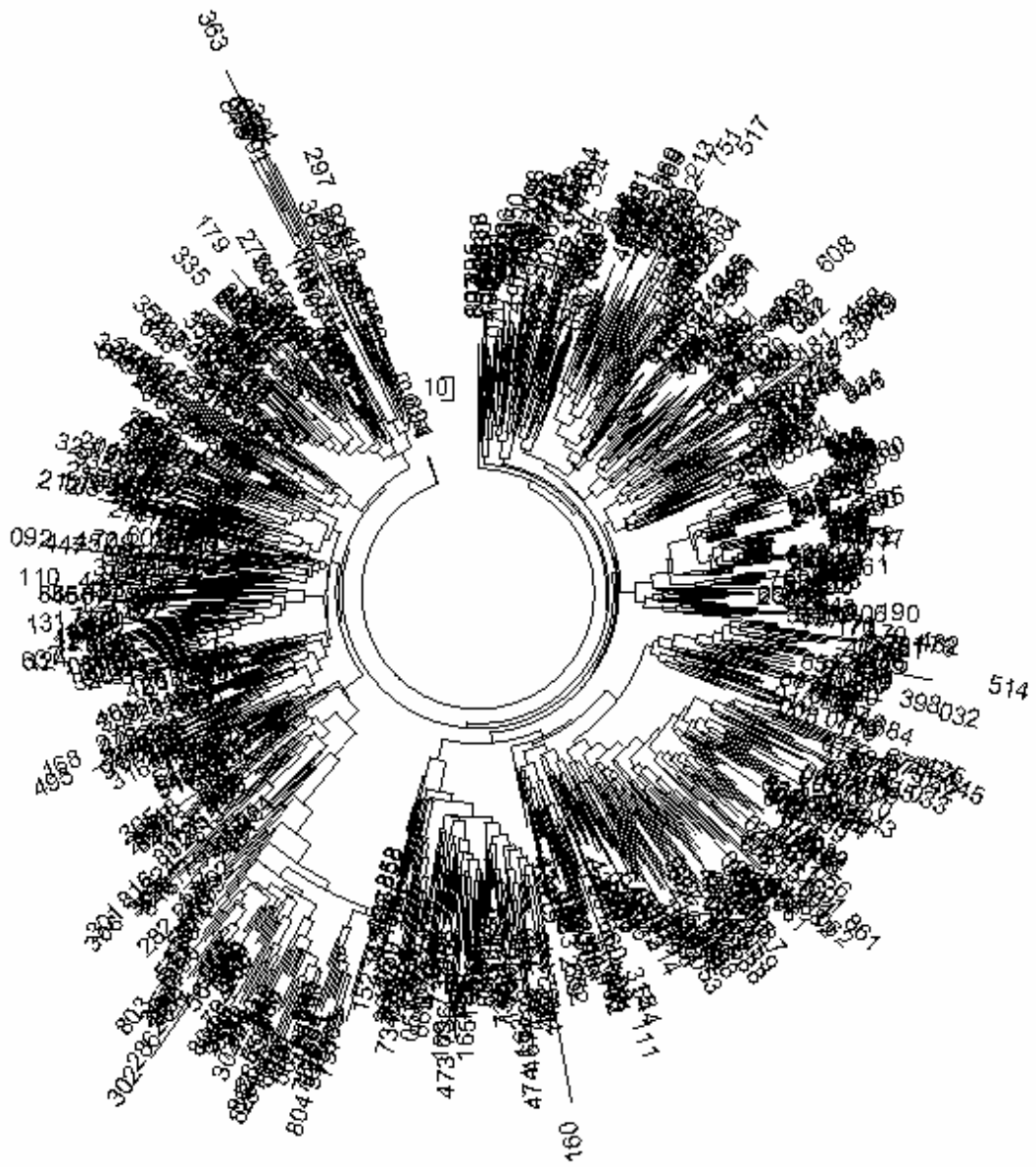


Рис. 4. Дерево из 890 25-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1, построенное по данным YSearch.

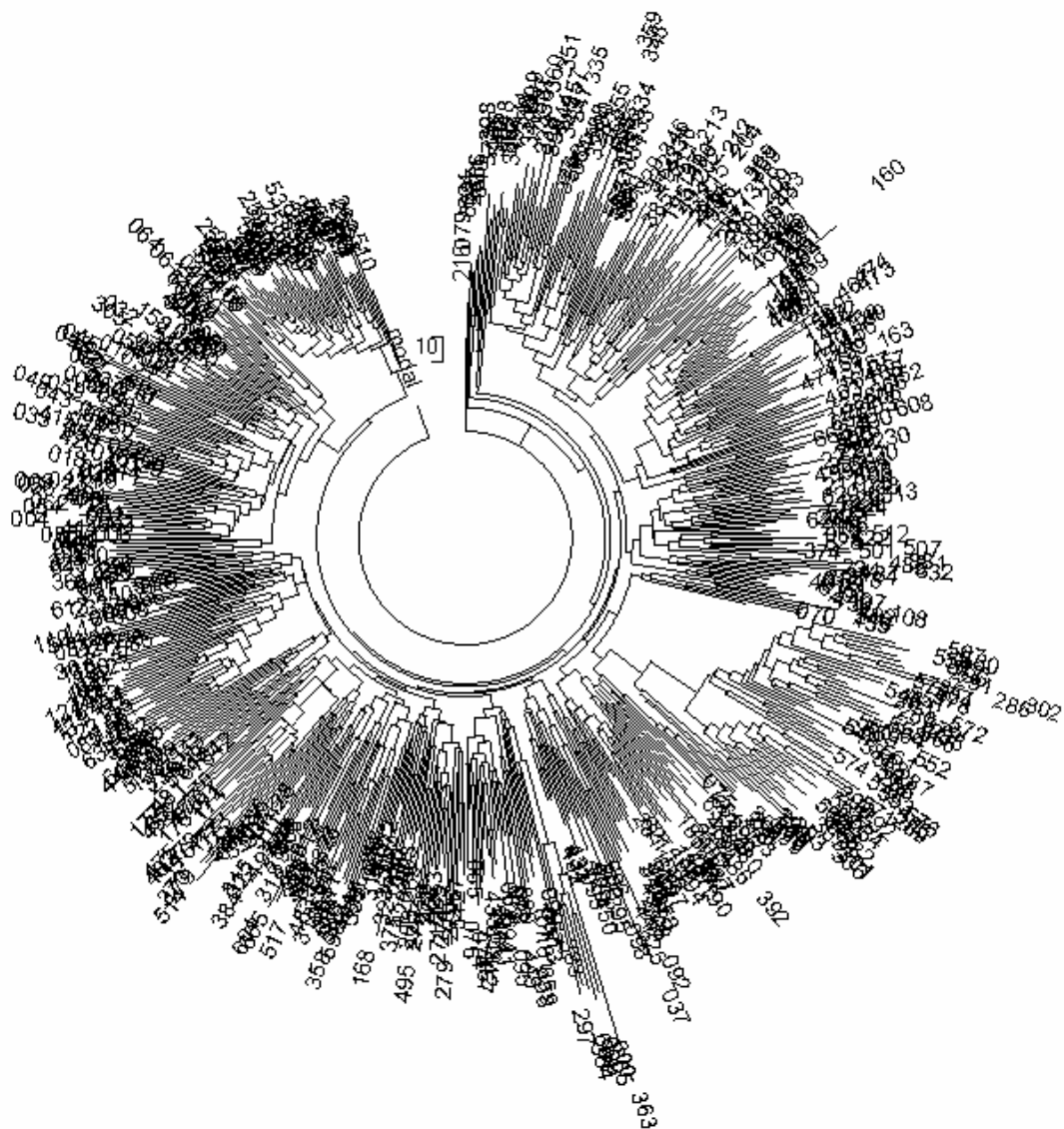


Рис. 5. Дерево из 613 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1, построенное по данным YSearch.

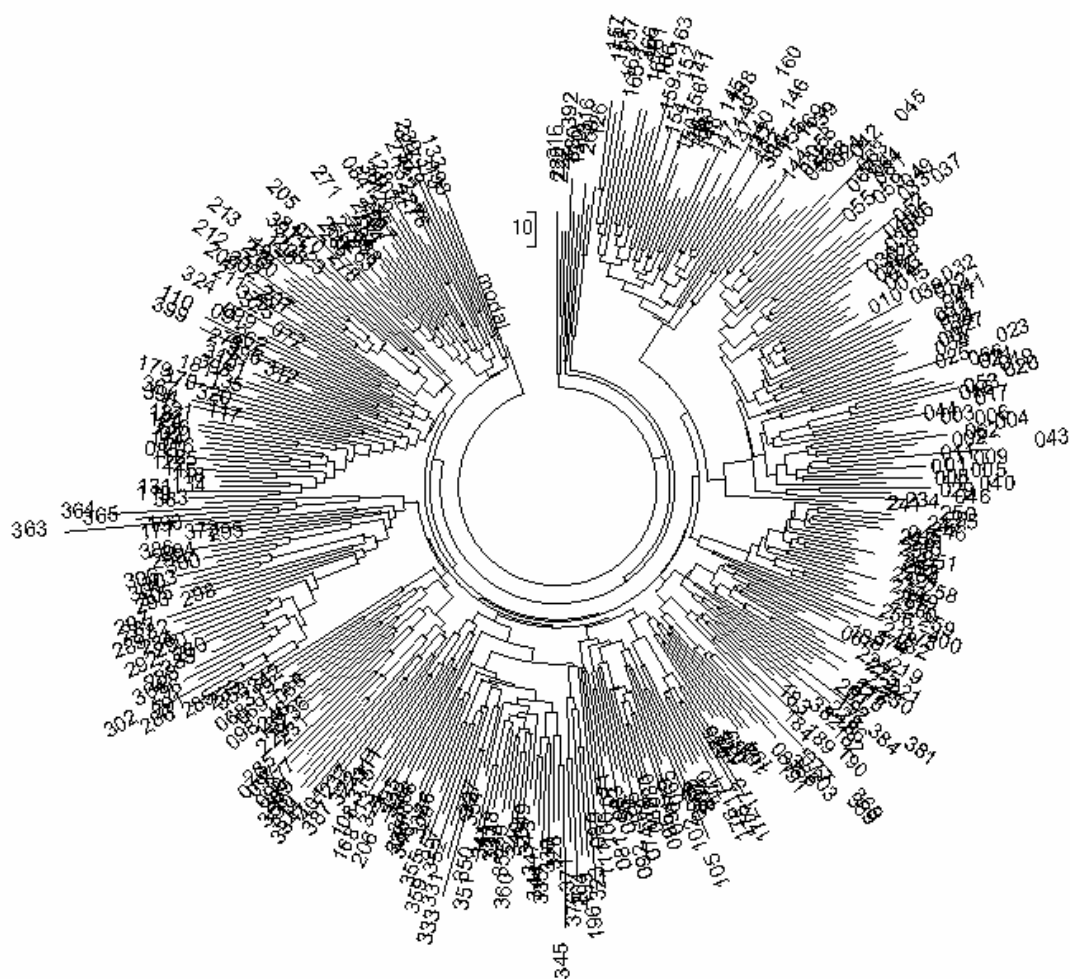


Рис. 6. Дерево из 384 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1, построенное по данным YSearch.

Но нередко ветвь происходит не от одного предка, а от нескольких, и базовых гаплотипов должно быть несколько. В таких случаях либо программа ошибочно группирует разные ДНК-генеалогические линии вместе, либо это исследователь ошибочно (визуально) объединяет разные ветви в якобы одну. В работах (Клёсов, 2008b, 2008g; Klyosov, 2009a) разработаны критерии для выявления того, является ли ветвь или дерево «однородными», то есть соответствующими одному общему предку, или дерево является композиционным, «гетерогенным», идущим от нескольких общих предков, зачастую значительно разделенных во времени. Основной критерий, помимо визуального (одна ветвь на дереве) - это необходимость совпадения временного интервала до общего предка при расчете (а) из числа мутаций («линейный метод») и (б) из числа базовых, идентичных

друг другу гаплотипов ветви («логарифмический метод»). Если время до общего предка, рассчитанное обоими методами, в разумных пределах совпадает (например, в пределах 10%), то в рамках ДНК-генеалогии общий предок для всей ветви один. Технически это могли быть несколько близкородственных предков, например, братья, или отец с сыном или сыновьями, но с точки зрения ДНК-генеалогии это не имеет значения. Предковый гаплотип один, и время, когда жил его исходный носитель (или носители), одно и то же в пределах погрешности расчетов.

Критерий логарифмического метода может быть модифицирован, и для расчетов использован не только «целый» гаплотип, например, 12- или 25-маркерный, но и любой его укороченный фрагмент. Поскольку последовательность маркеров, например, в системе FTDNA (или любой другой) для целей классификации выбрана произвольно, то не имеет значения, какой выбран фрагмент или последовательность его маркеров. Суть критерия та же – необходимость совпадения среднего числа мутаций на гаплотип (или его фрагмент), и логарифма отношения числа гаплотипов (или выбранных фрагментов) в выборке к числу базовых гаплотипов (или фрагментов):

$$M/n = \ln(N/p)$$

где:

M – число мутаций в гаплотипах (или выбранных фрагментах) в рассматриваемой выборке,

n – число гаплотипов (или выбранных фрагментов) в рассматриваемой выборке,

N – число гаплотипов (или рассматриваемых фрагментов) в выборке,

p – число базовых гаплотипов (или идентичных рассматриваемых фрагментов) в выборке.

Если обе части уравнения (которое в общем случае не является равенством) выше разделить на среднюю скорость мутаций в рассматриваемом гаплотипе или его фрагменте, то слева будем иметь число поколений до общего предка (истинного или кажущегося, фантомного)

$M/n/k$ = число поколений до «общего предка», определенное по линейному методу, где k – средняя скорость мутаций на гаплотип на поколение,

справа - число поколений до «общего предка» (истинного или фантомного)

$\ln(N/p)/k$ = число поколений до «общего предка», определенное по логарифмическому методу.

Если обе эти величины совпадут, то это число поколений одно и то же. Если имеется больше одного общего предка для гаплотипов выборки, то число поколений будет разным, и, следовательно, расчеты некорректны. Не может один общий предок иметь разное число поколений до него, тем более различающееся в сотни и тысячи лет. Как правило, в этих случаях логарифмический метод дает результаты, смещающиеся к недавним ветвям (в которых сохранилось больше идентичных гаплотипов и их фрагментов), линейный метод смещается больше к более древнему общему предку, для которого характерно большее число мутаций в гаплотипах.

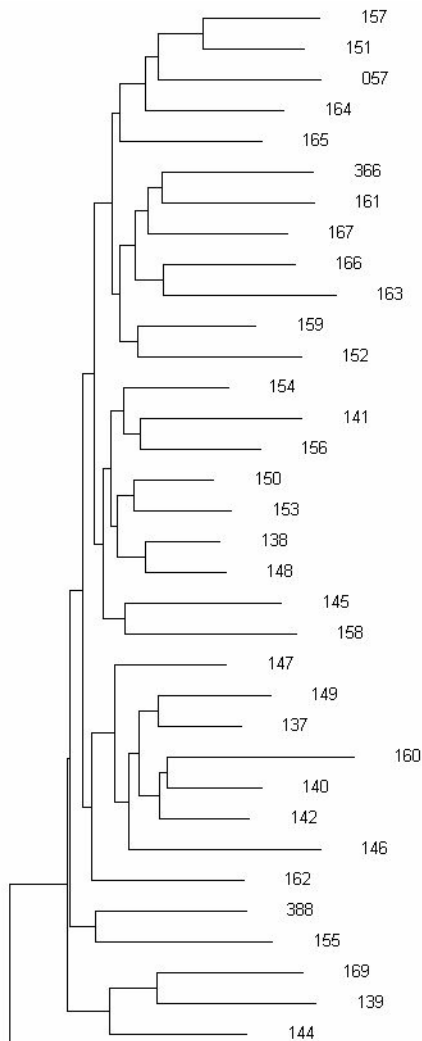


Рис. 7. Фрагмент дерева из 384 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1, построенного по данным YSearch (вторая ветвь наверху справа на рис. 5).

Ясно, что для разделения дерева на ветви круговые деревья с большим числом гаплотипов, типа приведенных на рис. 4-6, не являются практичными. Для таких случаев используют линейные деревья, построенные с помощью той же программы. Фрагмент такого дерева дан на рис. 7.

Из рис. 6 и 7 видно, что дерево состоит из большого количества ветвей. Однако большинство их – дочерние подветви, которые сходятся к ограниченному количеству базовых гаплотипов. Выявление их, и расчет времен, когда жили общие предки основных ДНК-генеалогических ветвей – и есть задача исследования.

Поскольку компьютерная программа строит дерево и его ветви исходя из имеющихся в наличии (в серии) гаплотипов, то некоторые ветви являются нестабильными. При добавлении гаплотипов (или при снятии) ветви зачастую перестраиваются, меняют свое положение, расходятся или объединяются. Если при этом их базовые гаплотипы не меняются, как и среднее число мутаций на гаплотип или маркер, то перестройка ветвей не имеет значения. Ветви часто просто меняются местами, что для расчетов тоже не имеет значения. Но это надо проверять, и в расчетах и интерпретации исходить преимущественно из стабильных ветвей. Дополнительный способ проверки стабильности ветвей – это их рассмотрение в 67-, 37- и 25-маркерных вариантах. Стабильные ветви, как правило, сохраняются во всех этих случаях. Для иллюстрации, 67-маркерное дерево (рис. 6) дано выше в 37- и 25-маркерном вариантах (рис. 5 и 4), а также в 12-маркерном (рис. 8).

Поскольку при переходе от 67- маркерных к 37- и далее к 25-маркерным гаплотипам их число, как правило, значительно возрастает, более чем в три раза в последнем случае, то дерево 25-маркерных гаплотипов дает лучшую статистику, хотя и теряет информацию в последующих панелях маркеров. Поэтому в реальном анализе приходится сопоставлять все эти сведения по панелям маркеров, и выбирать наиболее надежную и воспроизводимую информацию. Расчет времен до общего предка обычно проводится нами в данной работе по 25-маркерным гаплотипам, поскольку дает наиболее воспроизводимые данные при лучшей статистике по числу гаплотипов и маркеров. 67-маркерные гаплотипы обычно использовались для идентификации ветвей при их наибольшем разрешении.

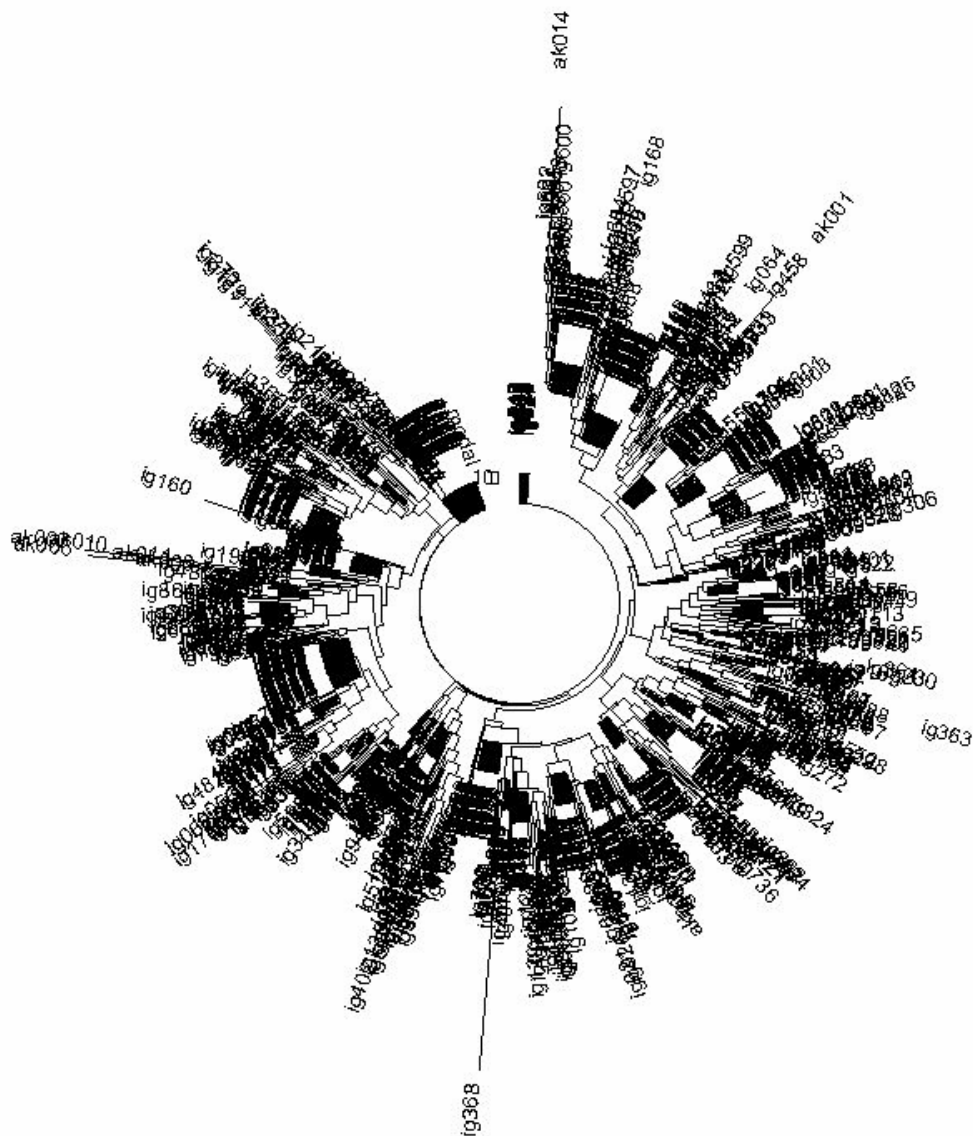


Рис. 8. Дерево из 945 12-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1, построенное по данным YSearch.

Приступим к анализу популяций и их ветвей. При этом анализе мы не ограничивались странами в их сегодняшних политических границах. Мы исходили из структуры ветвей на дереве гаплогруппы R1a1 как первичного критерия рассмотрения, и только затем вводили региональные параметры, если они имели смысл в каждом рассматриваемом варианте. При построении карт использовались данные из анкет YSearch о предках участников, а не нынешние их адреса, что позволило получить координаты, восходящие во многих случаях к доиндустриальной эпохе.

На общем дереве гаплотипов гаплогруппы R1a1 было идентифицировано четырнадцать ветвей, включая ранее рассмотренные реликтовые (рис. 9). Каждая из них анализировалась отдельно с выявлением базового (предкового) гаплотипа и времени жизни его носителя, общего предка ветви или подветви. Где было возможно, эти характеристики сопоставлялись с известными (или малоизвестными) историческими данными.

В таблице 1 сведены воедино данные по географическому распределению ветвей на примере нескольких европейских регионов, для которых карты дают достаточно репрезентативную статистику. Для сравнения приведены также данные по Индии и Пакистану, для которых статистика менее репрезентативна.

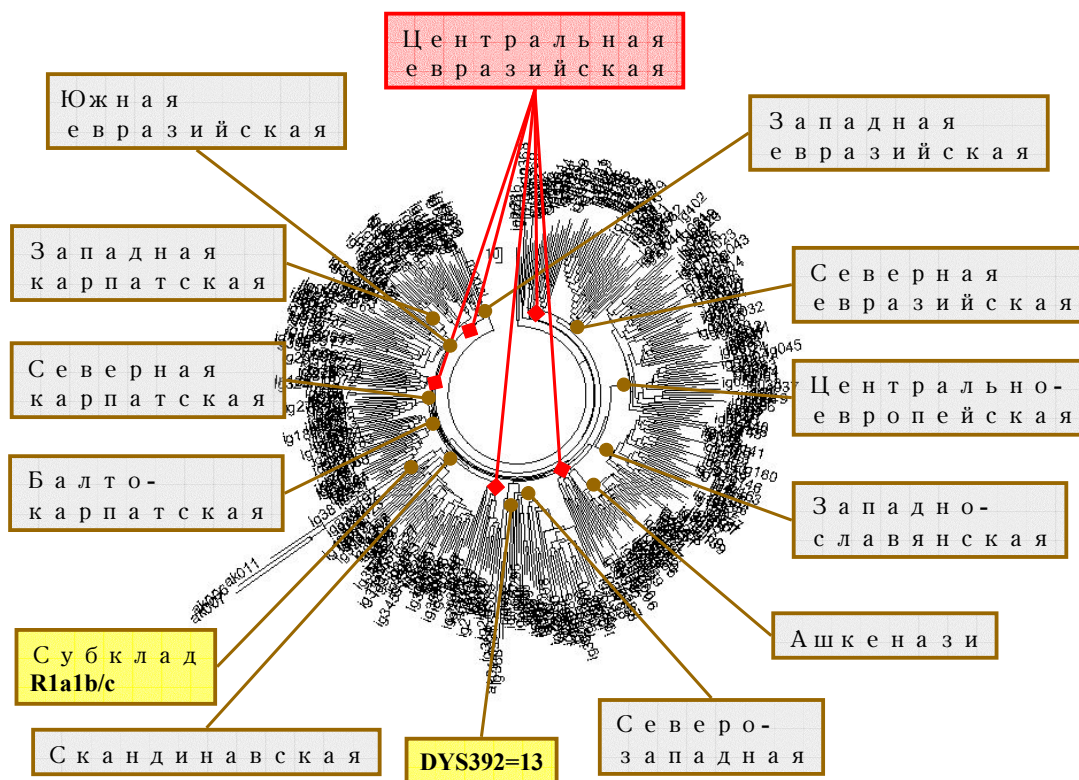


Рис. 9 Дерево 67-маркерных гаплотипов R1a1 (на которое помещены реликтовые гаплотипы, рассмотренные выше) с отнесением основных ветвей.

Таблица 1. Распределение гаплотипов R1a1 в европейских регионах, а также на Индийском субконтинте. Выделены ветви, представляющие более 10% гаплогруппы R1a1 в указанном регионе. Не приведена ветвь ашкенази, носители гаплотипов которой относительно недавно заселили большую часть ареала, отмеченного на карте.

Ветвь \ Регион															
	Субклад R1a1a	Субклад R1a1b/c	DYS391=13	Северо-западная	Скандинавская	Центральноевропейская	Западнославянская	Западная карпатская	Балто-карпатская	Южная евразийская	Западная евразийская	Центральная евразийская	Северная евразийская	Северная карпатская	Всего гаплотипов на карте
Ирландия	0	1	0	20 63 %	5 16 %	0	0	0	1	1	0	1	0	3	32
Англия Уэльс	0	1	3	39 39 %	14 14 %	3	0	2	9	10 10 %	2	14 14 %	0	2	99
Шотландия	1	1	1	4 14 %	10 36 %	1	0	0	0	2	0	8 29 %	0	0	28
Норвегия Дания Швеция	2	0	0	6 10 %	21 36 %	4	0	3	3	0	4	11 19 %	0	4	58
Германия	2	0	2	5	7	38 35 %	7	6	11 10 %	4	4	21 19 %	0	4	108
Чехия	0	0	0	1	1	13 32 %	14 34 %	4	3	0	0	5 12 %	0	0	41
Польша Галиция	1	0	0	0	4	21 15 %	37 27 %	5	25 19 %	5	4	17 13 %	2	15 11 %	136
Россия Украина Белоруссия	0	0	0	0	1	17 24 %	3	0	4	1	6	19 27 %	17 24 %	2	70
Индия Пакистан	0	0	0	0	1	0	0	0	1	3 21 %	0	8 57 %	0	1	14

«Десятники» - северо-западная группа гаплотипов с DYS388=10



Карта 2. Северо-западные ветви с DYS388=10. Маркеры с точкой отмечают гаплотипы из старой ветви, без точки – молодую ветвь (см. в тексте)

География. Свое название ветвь получила из-за характерного распределения ее гаплотипов на карте. Наиболее отдаленные известные предки их носителей жили в Норвегии, Англии, Ирландии, Бельгии, Голландии и на севере Германии. Такой ареал довольно необычен для гаплотипов R1a1, тяготеющих больше к Восточной, а не Западной Европе, что может свидетельствовать о каких-то определенных путях ее распространения. Ниже мы рассмотрим эти особенности подробнее

Филогения. Любой исследователь, работающий с гаплотипами гаплогруппы R1a1, знает, что у подавляющего большинства их маркер DYS388 равен 12. Этот маркер - один из самых медленных, скорость его мутации в 10 раз медленнее средней скорости мутации остальных маркеров

в 12-маркерных и 25-маркерных гаплотипах, и его мутация происходит в среднем один раз в 5 тысяч поколений, то есть раз в 125 тысяч лет. Если взять любого мужчину, то в его прямой генеалогической линии 388-й маркер мутировал в среднем только один раз (или меньше) со времени выхода человечества из Африки.

Но можно взглянуть на эти закономерности и по-другому: из 5 тысяч рождений мальчиков в среднем у одного из них этот маркер мутирует, переходя от отца к сыну. То есть на миллион рождений мальчиков имеем в среднем 200 мутаций этого маркера. Иначе говоря, мутации происходят, но редко. Поэтому мутация 388-го маркера «застревает» в потомках, и может служить определенной меткой в гаплотипах, формируя что-то типа субклада в гаплогруппе R1a1. Только этот субклад отличается не снипом, не точечной мутацией, а определенной аллелью, в гаплогруппе R1a1 теоретически ожидаемой либо 11, либо 13.

Эволюция родов привела к тому, что в гаплогруппе J1 для 388-го маркера характерной является аллель 16, для гаплогруппы J2 – 15, для I1 – 14, для I2 – 13, и для гаплогрупп E, G, K, N, Q, R1a1, R1b и R2 – аллель 12. В более старых и/или более многочисленных гаплогруппах мутаций 388-го маркера больше (как в группах J1 и J2), в R1a1 мутаций этого маркера мало. Например, во всех известных на сегодняшний день 142 гаплотипах русскоязычных жителей от Украины до Дальнего Востока есть только две мутации этого маркера – в аллель 13 и 11.

Исходя из тезиса о статистическом характере и равновероятности мутаций, который пока никто не опроверг, и который, более того, можно считать доказанным (Sun et al, 2009), можно полагать, что равновероятны мутации 388-го маркера от аллели 12 либо в 11, либо в 13. Вероятность мутаций «вверх» и «вниз» по аллелям изучалась также в работе (Goedbloed et al, 2009) на парах отец-сын, и показано, что из 84 мутаций (одна была двойной) 43 были «вверх» и 41 – «вниз» (хотя мутации DYS388 в той работе не изучали). Однако при изучении мутаций DYS388 оказалось, что в выборках эти мутации редки, но относительно часто встречается аллель 10. Напрашивается вывод, что это не только асимметрическая, но и двойная мутация, что ломает тезис, приведенный выше.

Но этот вывод был бы слишком скоропалительным и прямолинейным. Действительность оказалась изобретательнее, как это часто бывает.

В таблице 2 приведены случайные выборки гаплотипов группы R1a1 по ряду регионов.

Таблица 2

Аллели гаплотипов гаплогруппы R1a1 в выборках 25маркерных гаплотипов по ряду регионов и генеалогических «кланов» (Клёсов, 2008e)

Страна, регион	Число гаплотипов в выборке	Число мутированных аллелей в выборке		
		Аллель 10	Аллель 13	Аллель 14
Англия	57	10	-	1
Ирландия	52	12	-	2
Шотландия	31	2	-	1
Германия	67	2	1	2
Норвегия	21	5	-	1
Норвегия, 10-маркерные гаплотипы	464	40	5	4
Швеция	28	1	-	1
Польша	44	-	1	-
Чехия, Словакия	27	-	-	-
Венгрия	18	-	-	-
Буковина	24			
Россия, Украина, Средняя Азия	142	-	1	-
Евреи	100	-	-	-
«Клан» МакДоналдов	68	-	-	-
Индия	84	-	2	1

Ясно, что дело не в случайных мутациях. Видно, что аллель 10 характерна для северо-западной Европы, и при продвижении на восток быстро сходит на нет. В Норвегии аллель 10 составляет 24% от всех в маркере 388, в Ирландии – 23%, в Англии – 18%, в Шотландии и Швеции – между 3.5% и 7%, в Германии – 3%, и на этом распространение аллели 10 практически заканчивается. Аллель 14 на северо-западе Европы тоже показывает некоторую асимметричность, но слабо выраженную, у Польши и Индии – в целом нормальное распределение, у других таких мутаций вообще нет, несмотря на БОльшие по размерам выборки.

Ясно, что должны быть другие причины появления аллели 10 в популяции, чем просто неупорядоченные мутации, или помимо них.

Представляются по меньшей мере три варианта.

-- Первое - нормальные мутации в локусе DYS388, которые могут произойти в любом поколении и в любом гаплотипе. Таких мутаций должно быть очень мало, события редки.

-- Второе - мутация в аллель 10 произошла в древние времена, и носители аллелей 12 и 10 прибыли через тысячелетия в северо-западную Европу, либо в одно время, с группой мигрантов, или в разные времена, и их потомки продолжали нести эту мутацию в своих гаплотипах.

-- Третье - мигранты прибыли в северо-западную Европу тысячелетия назад, и мутация в 388-м маркере 12→10 произошла позже - вскоре позже или намного позже. Правда, тогда возникает вопрос, а где носители промежуточной мутации 12→11, которая пока не обнаружена или крайне редка. Но линия с аллелью 11 могла терминироваться еще в древности (или позже), не пройдя бутылочное горлышко популяции.

Как мы покажем ниже, все три варианта на самом деле имели место. Более того, первый вариант помогает установить время жизни общего предка, от которого пошли аллели 12 и 10, точнее, верхний предел этого времени жизни. Иначе говоря, ДНК-генеалогия при расследовании истории этих мутаций помогает заглянуть в далекую историю наших предков, ранних носителей гаплогруппы R1a1.

Первый вариант был рассмотрен в работе (Клёсов, 2008e). Было проанализировано дерево 25-маркерных гаплотипов, в котором из 70 гаплотипов два имели DYS388=13, шесть - DYS388=14, и остальные 62 - гаплотипам с DYS399=10. Оказалось, что «13» и «14» группируются в одну ветвь, следовательно, статистически образовались друг из друга. Они не образуют характерный «субклад». Общий предок этих восьми гаплотипов («13» и «14») жил 3575 ± 840 лет назад по расчету по 12-маркерным гаплотипам, или 3750 ± 660 лет назад по расчету по 25-маркерным гаплотипам.

Далее, расчет «пермутационным» методом по восьми данным гаплотипам (Клёсов, 2008e) дал времена жизни общего предка 3800 ± 400 лет назад (12-маркерные гаплотипы) или 3350 ± 350 лет назад (25-маркерные гаплотипы). Как видно, это величины практически равны друг другу, и, как будет показано ниже, являются обычными для времени жизни общих предков групп R1a1 в Европе. Это опять показывает, что DYS388=13 или 14 не может играть роль идентификатора «субклада», они - простые статистические мутанты.

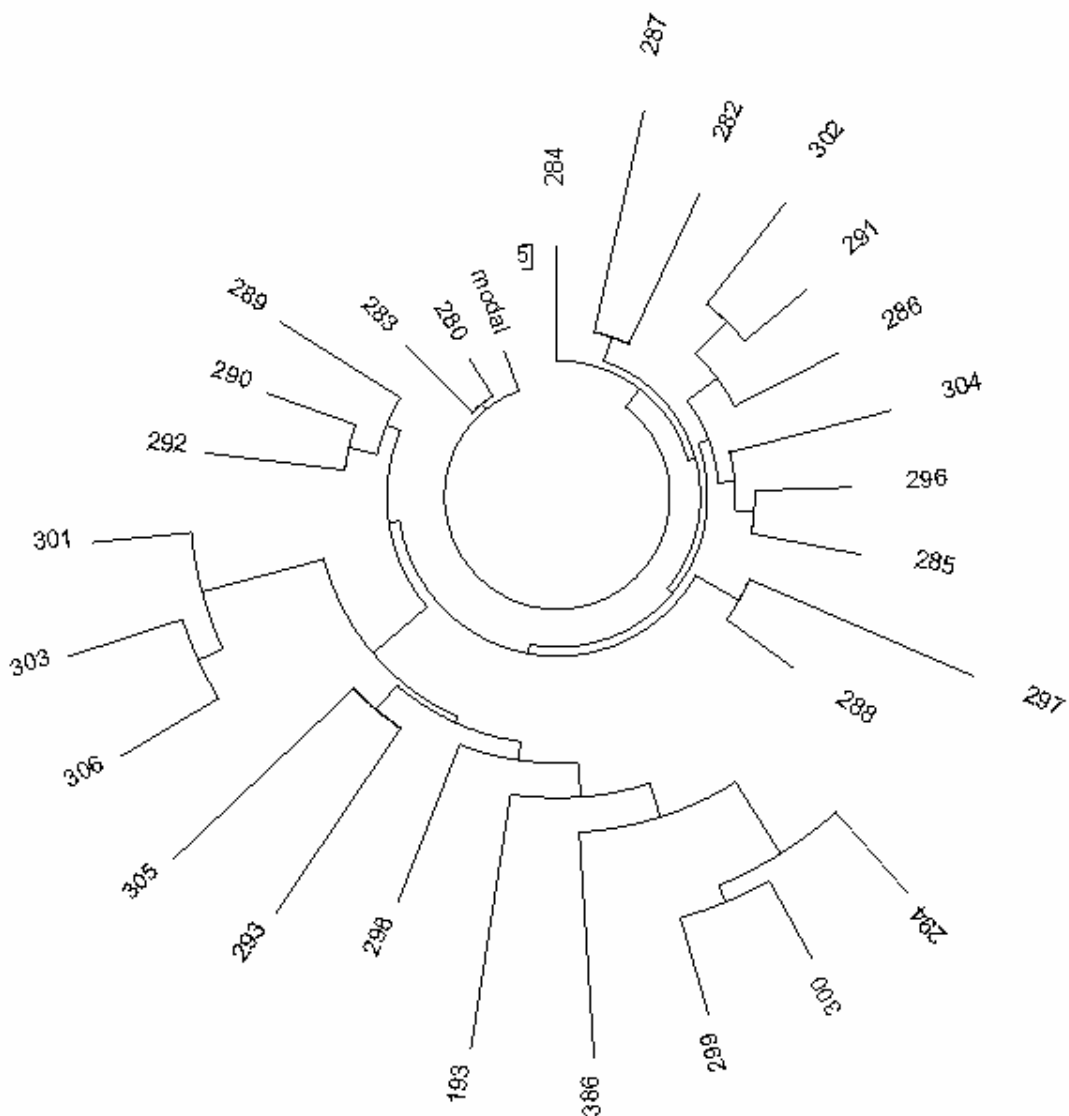


Рис. 10. Дерево из 27 67-маркерных гаплотипов «десятников», то есть с DYS388=10 (в отличие от обычных DYS388=12).

Перейдем к гаплотипам «десятников», с DYS388=10. Их деревья приведены на рис. 10-12 в 67-, 37- и 25-маркерном варианте. Как видно, во всех трех случаях дерево делится на две четкие половины, особенно выраженные на 25-маркерном деревьях – «молодую», более прижатую к стволу, и «древнюю». Базовый гаплотип молодой ветви следующий:

13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 31 15 9 10 11 11 25 14 19 32 12 14 14 17

мутационного изменения, ИХ общий предок жил примерно $(3125+1425+2925)/2 = 3700$ лет назад. Он и сохранил мутацию $DYS388=10$, и передал ее двум генеалогическим линиям. А вот когда эта мутация образовалась?

Сравнение более старого базового гаплотипа, приведенного выше, с типичным европейским базовым гаплотипом R1a1 в том же регионе, например, норвежским

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

или английским

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

показывает, что они различаются на четыре мутации на 25 маркерах. Это разводит общих предков «десятников» и обычных гаплотипов на 2400 лет, и помещает ИХ общих предков, а именно, того, у кого и произошла мутация $DYS388=10$, примерно на 4900 лет назад. Это – в целом обычное время для R1a1 в Европе, или несколько древнее обычного, что будет показано ниже.

Строго говоря, правую ветвь на рис. 12 нельзя обрабатывать целиком, так как она состоит из трех подветвей. Следует считать все три ветви отдельно, и сопоставлять базовые гаплотипы подветвей для расчета времени до общего предка. Но два соображения позволяют пренебречь этим правилом. Первое – все три подветви примерно одинакового размера, так что их «веса» не вносят серьезной проблемы. Второе – на дереве 67-маркерных гаплотипов, обычно чувствительному к разделению на ветви, особенного разделения не заметно, даже при столь малой статистике.

Тем не менее, покажем, как следовало бы считать.

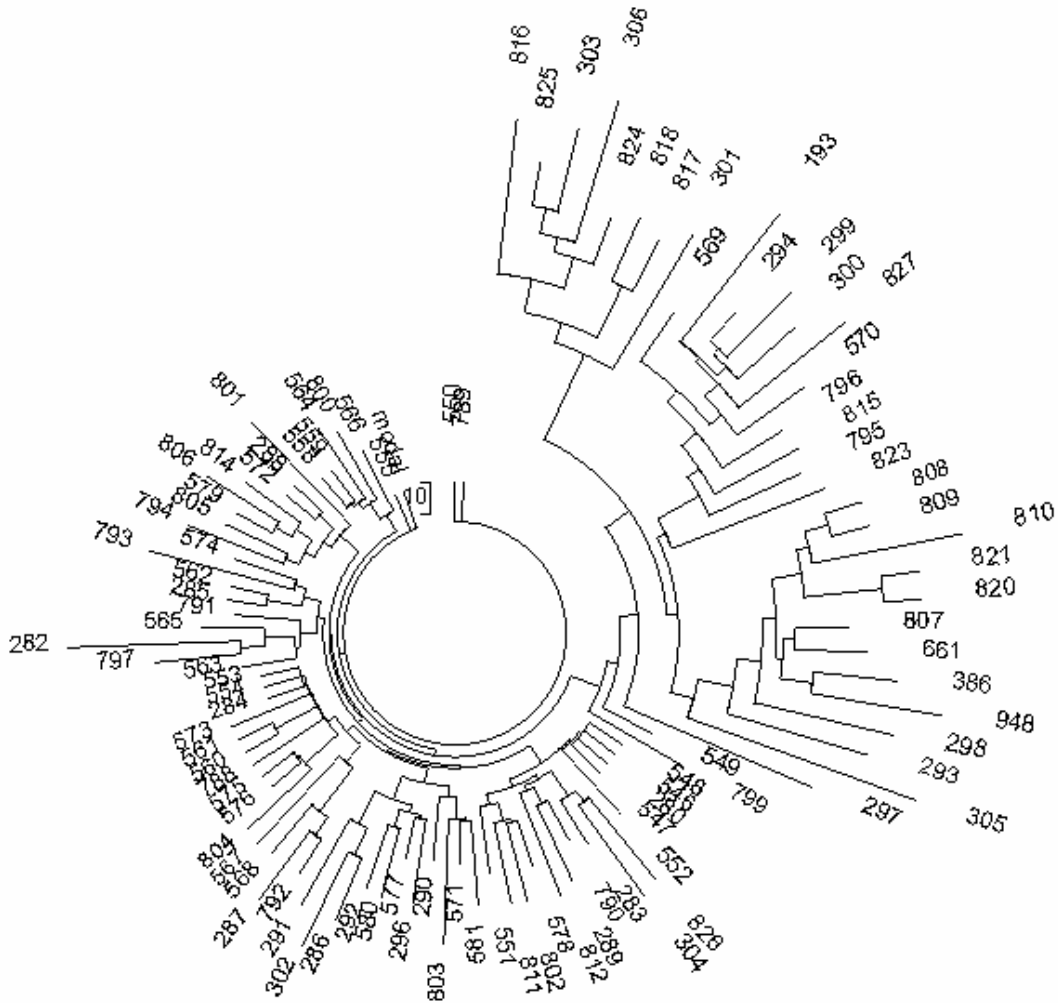


Рис. 12. Дерево из 99 25-маркерных гаплотипов «десятников», с DYS388=10

Базовые гаплотипы всех трех подветвей справа, сверху вниз, следующие:

13 24 17 10 11 14 12 10 10 13 11 30 15 7 10 11 11 23 14 19 34 12 15 15 17
 13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 15 9 10 11 11 24 14 19 31 12 15 15 16
 13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30/31 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16

Возраст общего предка для этих ветвей следующий: 1300 ± 330 , 1325 ± 300 , и 1925 ± 360 лет назад, соответственно. Средний их возраст – примерно 1520 лет. Все три базовых гаплотипа имеют 7.5 мутаций на 75 маркеров, что помещает общего предка всей правой ветви на 1450 лет древнее их среднего возраста, то есть примерно на 2970 лет назад. Прямой подсчет,

приведенный выше, дал 2925 ± 370 лет до общего предка правой ветви. Это – практически та же величина.

Данный пример приведен здесь в методологических целях, и иллюстрирует приемлемую надежность расчетов в настоящей работе.

67-маркерные базовые гаплотипы «старой» (2925 ± 370 лет) и «молодой» (1425 ± 180 лет) ветви «десятников» следующие:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16 – 11 11 19
23 15 16 18 18 33 36 14 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
22 12 12 11 13 11 11 12 13

13 25 **15** 10 11 14 12 10 10 13 11 **31** -- 15 9 10 11 11 **25** 14 19 32 12 **14 14 17** – 11 11 19
23 15 16 18 **20 33 39 13** 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
22 12 12 11 13 11 11 **14 13**

Различающиеся аллели выделены.

Итак, полученные результаты можно обобщить следующим образом. Мутация $DYS388=10$ образовалась у носителей гаплогруппы R1a1 не столь давно, примерно 4900 лет назад, и мигрировала с их носителями в северо-западную Европу в составе двух волн миграции. Одна волна – в начале первого тысячелетия до н.э., вторая волна – примерно в 6-м веке нашей эры, в ходе Великого переселения народов, во времена распада Римской империи. Среди мигрантов с преимущественной аллелью 12 в этом маркере находилось немного носителей аллели 10, все они были прямые потомки одного предка, но разошедшиеся по двум ДНК-генеалогическим линиям. С тех пор эти две аллели, 10 и 12, сопровождают две параллельные линии потомков.

Ареал этой генеалогической линии – северо-западная Европа. На территории Германии количество носителей этой линии заметно снижается, к востоку от Германии ее практически нет. В то же времена, около 5000 лет назад, носители R1a1 продвинулись и на территории современных Украины-России, но носителей $DYS388 = 10$ среди них не было. Или они не выжили.

Как правило, наличие $DYS388 = 10$ объясняется принадлежностью именно к этой генеалогической линии, и именно поэтому может служить «тандемным субкладом». Случайные мутации этого маркера от аллели 12 в 10 крайне маловероятны.

История. Поскольку зарождение и развитие рассматриваемых ветвей приходится на исторические времена, это дает возможность соотнести историю и географию данной генеалогической линии с реальными событиями европейского Средневековья. Вначале рассмотрим географию ветвей (карта 2). Распределение гаплотипов дает два четких максимума в Норвегии и Центральной/Южной Англии, соединенные тонкой перемычкой в континентальной Европе вдоль побережья Северного моря.

Наиболее разумными, то есть доступными исторической проверке, представляются следующие три сценария, ведущие к подобному распределению в течение последних 1200 – 1900 лет: (1) самые недавние общие предки ветвей жили на Британских островах, затем их потомки мигрировали в Норвегию; (2) ветви появились в континентальной Европе, и их носители заселили Острова и Скандинавию независимо друг от друга; и (3) родина ветвей – Норвегия, а «десятники»-британцы – потомки мигрантов эпохи раннего Средневековья.

Первый вариант не подтверждается историческими данными – каких-либо значительных миграций из Британии в Скандинавию в первом тысячелетии нашей эры не отмечено. Второй вариант хорошо укладывается в схему Великого переселения народов (середина 1-го тыс. н.э.), но не дает логичного объяснения географии этих ветвей на территории Британии. Неясно, почему соответствующие гаплотипы почти не представлены в Шотландии и северной Англии, но распространены в Ирландии, за исключением юго-западной ее части. Если считать, что «десятники» высадились на Островах в потоке англосаксов (других заметных волн миграции с континента в то время не отмечено), то такая избирательность выглядит странно: англосаксы активно селились на севере Англии и в равнинной Шотландии, а в кельтскоязычных Ирландии и Корнуолле стали появляться намного позднее. Для сравнения, норвежские гаплотипы из этих ветвей достаточно равномерно покрывают всю территорию страны, согласно данным Dupuy et al. (2006).

Таким образом, остается единственный вариант со скандинавскими мигрантами на Островах. Исторические данные говорят о трех возможных потоках. Это (1) преимущественно норвежские поселенцы в северной части Шотландии и Ирландии; (2) преимущественно датские поселенцы в исторических областях Northumberland и East Anglia, достаточно долго находившихся под контролем датских королей; и (3) участники норманнского вторжения во главе с Вильгельмом Завоевателем, среди которых было много потомков викингов, осевших к началу 11-го века в Нормандии и Фландрии. За 200 лет, прошедших со времени походов, они

полностью ассимилировались, перейдя на французский язык и интегрировавшись в рыцарское сословие герцогства Нормандия.

В принципе, все три волны могли оставить свой след на Островах, но главной представляется третья, норманская, и вот по каким причинам. Во-первых, область распространения гаплотипов этих ветвей в Великобритании почти точно совпадает с территорией английского королевства времен норманнов и Плантагенетов. Во-вторых, фамилии носителей этих гаплотипов имеют преимущественно франко-нормандскую (Grant, Curtis, Morrison) или англо-саксонскую (Smith, Thompson, Townsend) этимологии. Фамилий гэльского происхождения (Neal, Cochran) мало, тогда как среди потомков мигрантов первой и, отчасти, второй волны из ветвей с DYS388=12 такие фамилии преобладают, очевидно из-за ранней интеграции их носителей в ирландское или шотландское общество (см. ниже про скандинавскую ветвь и клан Доналдов). В случае с «десятьниками» такой интеграции не произошло, что хорошо согласуется с тем фактом, что потомки норманнов-завоевателей долгое время составляли отдельную франкоязычную этнически-сословную группу в средневековой Англии.

И, наконец, история донесла до нас имя одного из средневековых «десятьников». Это Морис де Прендергаст (Maurice de Prendergast) – владелец небольшого поместья The Rhos на юго-западной оконечности Уэльса, норманнский рыцарь с фламандскими корнями. В 1169 г. он во главе отряда из 10 рыцарей и 100 лучников нанялся на службу к королю Лейнстера в Ирландии, участвуя в течение многих лет во внутриирландских междоусобицах, положивших в итоге начало английской колонизации Ирландии. Получив за службу земли в графстве Wexford, дал начало многочисленному ирландскому роду Прендергастов (MacLysaght, цитируется по <http://maurie.customer.net.au/de%20prend.html>).

Очевидно, что основу его отряда, как и многих подобных, составляли такие же франкоязычные мелкие рыцари – искатели славы и приключений. То, что среди них были «десятьники», можно заключить из распределения их гаплотипов в Ирландии. Практически все они группируются в районах, подвергшихся особенно сильной английской колонизации, и практически никто из их обладателей не носит гэльских фамилий.

Таким образом, эту генеалогическую линию в Британии можно с большой долей вероятности связать с норманским вторжением в 1066 году. В составе армии Вильгельма Завоевателя и/или последовавших за ней колонистов с континента были потомки выходцев со Скандинавского полуострова – носители соответствующих гаплотипов.

Скандинавия



Карта 3. Гаплотипы скандинавских ветвей. Маркеры с точкой отмечают гаплотипы из старой ветви, без точек – молодые подветви (см. в тексте).

География. Как следует из названия, гаплотипы этой ветви типичны для жителей Скандинавского региона (21 из 56 гаплотипов в Норвегии, Швеции и Дании, т.е. 38 %), но ее география не ограничивается только им. Одна из подветвей (маркеры с точкой на карте) захватывает Центральную Европу. Кроме того, родословная многих англичан и шотландцев также восходит к этой ветви. Скандинавские гаплотипы найдены также в Финляндии, в основном среди этнических шведов.

Филогения. Скандинавская группа гаплотипов отличается тем, что большинство их имеют в предковом гаплотипе $DYS19 = 15$, $DYS389^1 = 14$, $DYS447 = 23$, и пару $YCAII = 19-21$, в то время как в большинстве европейских и евразийских предковых гаплотипах там соответственно 16, 13, 24, и 19-23. Разница в три мутации между 25-маркерными европейскими предковыми гаплотипами помещает их общих предков примерно на 4200-

Все 37 67-маркерных гаплотипов имеют 142 мутации в первых 25 маркерах, что помещает их общего предка на 2300 ± 300 лет назад. Это – конец прошлой эры, то есть относительно недавние времена по сравнению с большинством предковых европейских и евразийских гаплотипов R1a1. Если же рассмотреть 75 25-маркерных гаплотипов (рис. 15), то они содержат 280 мутаций, и это соответствует общему предку 2250 ± 260 лет назад. Как видно, эти времена практически идентичны.

Тем не менее, эти времена относятся ко всем гаплотипам, и отражают некоего «фантомного», усредненного предка. Всё, о чем говорит совпадение полученных цифр – это то, что выборки 67- и 25-маркерных гаплотипов «правильные, несмотря на то, что в них имеется довольно большой набор гаплотипов – 37 и 75 гаплотипов, соответственно. И тем не менее, это – смесь двух основных ветвей гаплотипов, в одной из которых имеется характерная пара YCAII = 19,21, во второй эта пара имеет 19,23.

Перейдем к ветвям. На дереве 67-маркерных гаплотипов несколько выделяется ветвь из 11 гаплотипов справа внизу, состоящая из двух подветвей, из семи и четырех гаплотипов. Почти все они имеют YCAII = 19,23. Их базовые 25-маркерные гаплотипы соответственно

13 25 15 11 11 14 12 12 11 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 **15** 15 16

13 25 15 11 11 14 12 12 **10 13** 11 30 -- 15 9 **9/10** 11 11 **23** 14 20 31 12 **13** 15 **15/16**

Ветвь из четырех гаплотипов содержит 18 мутаций, что дает 2725 ± 700 лет до общего предка. Ветвь из семи гаплотипов – 30 мутаций, что дает 2600 ± 540 лет до общего предка. Но между ними – 4.7 мутаций, что помещает их общего предка примерно на 4100 лет назад. Это предок имел типичную для Европы пару YCA = 19, 23 и DYS565 = 13 (выделены), и его гаплотип был

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16
 – 11 12 **19 23** 16 16 18 19 35 38 13 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
 13 8 13 23 21 12 12 11 13 11 11 12 **13**

Мы будем далее называть эту двойную ветвь «старой скандинавской ветвью».



Рис. 14. Дерево из 50 37-маркерных гаплотипов скандинавского клана

Как видно, усредненное рассмотрение гаплотипов, без учета ветвей, опять занижает возраст общего предка. Оказывается, предок, пришедший в Скандинавию, имел «возраст» не 2300 ± 300 и не 2250 ± 260 лет, как могло бы показаться из анализа ВСЕХ 67-маркерных гаплотипов, а примерно 4100 лет, то есть довольно обычный возраст для большинства современных европейских гаплотипов R1a1.

Остальные три ветви на 67-маркерном дереве имеют следующие базовые гаплотипы и «возрасты» общих предков:

(a) Ветвь из 7 гаплотипов:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16
 - 11 12 **19 21** 16 15 18 17 35 39 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 **12**

15 мутаций на семь 25-маркерных гаплотипов указывает на 1250 ± 350 лет до общего предка (примерно 8-й век нашей эры, плюс-минус три-четыре столетия).

(б) Ветвь из 8 гаплотипов:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16
- 11 12 **19 21** 16 16 17 18 34 38 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 **12**

24 мутации на восемь 25-маркерных гаплотипов указывает на 1750 ± 400 лет до общего предка (3-й век нашей эры, плюс-минус четыре столетия).

(в) Ветвь из 11 гаплотипов:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16
- 11 12 **19 21** 16 16 17 18 34 37 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 **12**

32 мутации на 11 25-маркерных гаплотипов указывает на 1700 ± 350 лет до общего предка (4-й век нашей эры, плюс-минус три-четыре столетия).

Как видно, все три «молодые» ветви очень похожи – все имеют общих предков в середине 1-го тысячелетия нашей эры, все имеют характерную пару YCAII = 19,21 и характерную аллель DYS565 = 12 в базовых гаплотипах. По историческим сведениям, именно в середине 1-го тысячелетия нашей эры в Скандинавию прибыли племена из Азии - из Прикаспия, Причерноморья или Приуралья, детали этого историкам неизвестны.

Все три 67-маркерных базовых гаплотипа различаются всего на 6.7 мутаций на 201 маркера. Это помещает их общего предка меньше чем на 400 лет ниже усредненных величин жизни этих трех общих предков племен, то есть примерно на 1900 лет назад, во 2-й век нашей эры плюс-минус несколько веков. Либо люди из всех трех племен прибыли в Скандинавию с востока почти одновременно, либо разделение на ветви произошло уже в Скандинавии. В любом случае, эти племена очень близки по гаплотипам. Можно вспомнить норвежские саги, что Один пришел с востока (из Асгарда) в Скандинавию с тремя сыновьями, но это будет уже на грани фантазий. Хотя и не исключено.

Предковый гаплотип комбинированной «молодой скандинавской ветви» следующий:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16
 - 11 12 **19 21** 16 16 17 18 34 38 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 **12**

Картина в целом подтверждается при рассмотрении дерева 25-маркерных гаплотипов (рис. 15). Видно, что это дерево расходится на две основные части - слева «молодая» ветвь, справа - «старая». При этом старая ветвь опять состоит из подветвей. Если их не учитывать, то все 26 гаплотипов этой старой ветви содержат 96 мутаций, что дает возраст общего предка 2200 ± 310 лет. Это - уже знакомая нам усредненная цифра, полученная выше без учета ветвей. Но «молодая» ветвь слева содержит 144 мутации на 49 гаплотипов, что дает 1700 ± 220 лет до общего предка. Это 4 ± 2 век нашей эры. Время Великого переселения народов. Базовый 25-маркерный гаплотип этой ветви

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

Как уже отмечалось выше, подавляющее количество гаплотипов этой молодой ветви, пришедшей в Скандинавию в середине 1-го тысячелетия н.э., содержит пару YCAII = 19-21, которой почти нет в старой ветви.

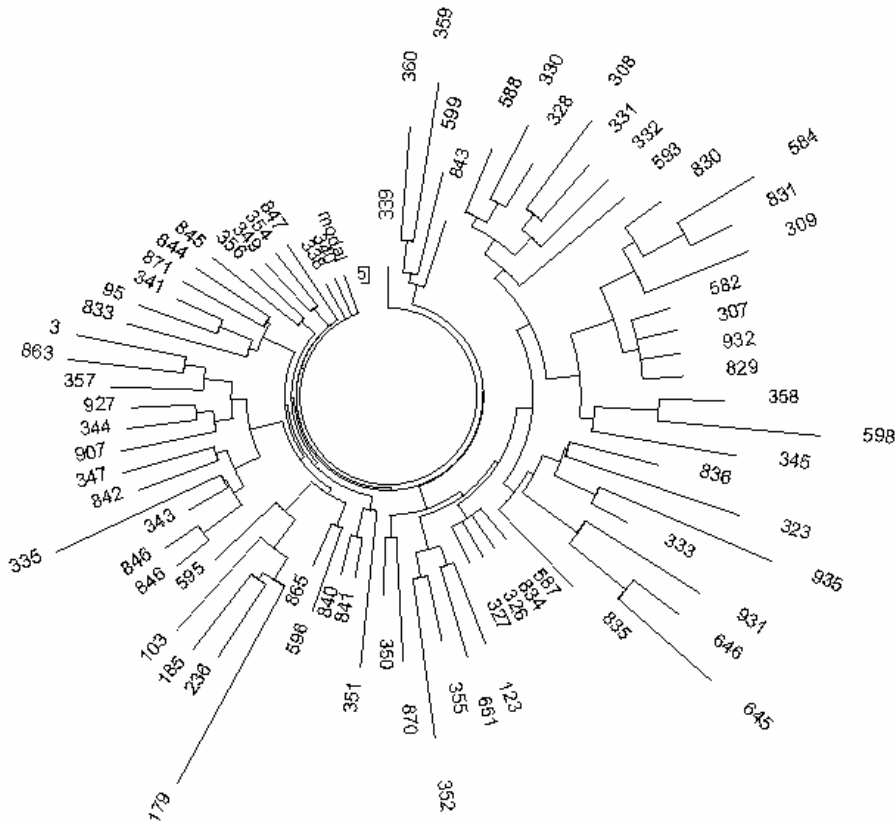


Рис. 15. Дерево из 75 25-маркерных гаплотипов скандинавского клана

Эта левая «молодая» ветвь содержит свои подветви, и в качестве примера можно рассмотреть подветвь из 11 гаплотипов, между номерами 3 и 846. Она содержит 28 мутаций, что дает 1475 ± 320 лет до общего предка. Это опять середина 1-го тысячелетия, примерно 6-й век н.э. Базовый 25-маркерный гаплотип этой подветви

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 8 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

почти полностью совпадает с приведенным выше, отличаясь лишь на 0.75 мутации.

История. Итак, в качестве рабочей гипотезы можно предположить, что общий предок ветви R1a1, пришедший в Скандинавию в середине 1-го тысячелетия, прибыл из «Азии», как тогда называли причерноморские и прикаспийские степи, как и всё, что находилось за Доном. За три тысячи лет до того его предки прибыли из Европы на Русскую равнину и ее южную, степную часть. В середине 1-го тысячелетия, во времена Великого переселения, потомки R1a1 вернулись обратно в Европу, неся дополнительные мутации в своих гаплотипах, и, в частности, мутацию 19-21 в YCAII, мутацию $DYS389^1=14$, мутацию $DYS447 = 23$, $DYS565=12$ и ряд других мутаций.

Об этом прибытии «азиатских» племен в Скандинавию говорят многочисленные исторические сведения. Но перед рассмотрением этих представлений целесообразно рассмотреть, когда в Скандинавии появились люди. Обычно под Скандинавией – в этно-территориальном отношении – понимают собственно Скандинавский полуостров, северное побережье Балтийского моря, и современные Данию и Исландию. Заселение Исландии происходило только в 9-м веке н.э., поэтому в настоящей работе мы ее рассматривать не будем. Хотя тот факт, что общий предок носителей гаплогруппы R1a1 Исландии жил примерно 4500 лет назад, является хорошим примером, что датировки общих предков серий гаплотипов нельзя автоматически переносить на датировку заселения территорий. Необходимо привлекать другие независимые сведения, если таковые доступны.

Монография «История Швеции» (М., 1974, стр. 51; цитируется по Ю.Н. Дроздову, 2008) сообщает, что «В конце среднего неолита, около 2-го тысячелетия до н.э., на юге Скандинавии появились кочевые скотоводческие племена, оставившие прекрасно отполированные орудия – боевые или ладьевидные топоры. Пришельцы оттеснили прежних обитателей страны и быстро освоили внутренние области Южной и

Средней Швеции». В качестве «прежних обитателей страны» вполне могли быть носители гаплогруппы I2, которые имеют общих предков в Европе – по данным ДНК-генеалогии – не менее 15 тысяч лет назад (Клёсов, 2009b,c). Другие кандидаты (в отношении столь древней гаплогруппы в Скандинавии) просматриваются плохо. Носители гаплогруппы I2 могли относиться к культуре воронковидных кубков, в период примерно 5500-4500 лет назад. Тогда появившиеся «кочевые скотоводческие племена» могли представлять культуру шнуровой керамики, иметь в основном гаплогруппу R1a1, и активно действовать в период 5000-4000 лет назад. Их в значительной степени потеснила культура боевых топоров, с предполагаемыми носителями гаплогруппы R1b1, в период 4000-3000 лет назад. Это были опять же кочевые, скотоводческие племена, прибывшие, вероятно, из регионов курганной культуры. Естественно, эти культуры пересекались, сосуществовали в той или иной степени на разных территориях, и никогда не вытесняли полностью одна другую.

Такой порядок культур определяется тем, что по данным ДНК-генеалогии носители R1b только начинают появляться в Европе около 4000 лет назад, и, возможно, появились там в ряде регионов только 3600 лет назад (Клёсов, 2008d, Klyosov, 2009a,b; Клёсов, 2009c). В примечании к академическому изданию Тацита («О происхождении германцев и местоположении Германии») отмечается, что «по современным научным воззрениям, Галлия была заселена кельтами, двигавшимися с востока; около 2000 г. до н.э. кельтские поселения существовали на юге и юго-западе нынешней Германии»).

До прихода с востока новой волны R1a1 в середине 1-го тысячелетия на юге Скандинавии и на севере Европы жили разнообразные племена. Видимо, это были носители гаплогрупп и R1a1, и R1b1, и I1, и I2. Другие гаплогруппы если и были, то определенно в меньшинстве. У Корнелия Тацита в его произведении «О происхождении германцев и местоположении Германии» (1-й век н.э.) упоминаются марсы, гамбривии, свебы, вандилии, тунгры, и указывается, что это имена подлинные и древние. Тацит указывает, что вместе с умершим у германцев огню передается иногда конь. Это принципиально отличается от восточного способа захоронения коня с хозяином в одной могиле, что начинает повторяться в Скандинавии с середины 1-го тысячелетия.

Племя свебов, которое по созвучию можно посчитать скандинавским, на самом деле германское, и по описанию Плиния Старшего («Естественная история», IV, 99-101) из пяти групп германских племен четвертая группа – гермионы, «живущие внутри страны», и в нее входили свебы, гермундуры,

хатты и херуски. Видимо, свебы – это швабы, поскольку центральную часть Германии Тацит называет Свебией.

Далее, описывая племена к северо-западу от Германии, включая полуостров Ютландию, Тацит упоминает хавков, хаттов, фсов, фризов, херусков, кимвров. Описывая свебов, Тацит отмечает, что они расчлняются на много отдельных народностей, носящих свои наименования (например, семионы), хотя общее название их – свебы. Там же Тацит упоминает такие племена, как лангобарды, ревдигны, авионы, англии, варины, эвдосы, свардоны, нуитоны. Свебов Тацит упоминает и в связи с островом с предполагаемым современным названием Зеландия, на котором ныне находится Копенгаген. Стоит отметить, что языки древних германцев, как и британцев, описываются как индоевропейские в академическом примечании к произведению Тацита. Это опять дает основания предполагать, что речь идет в основном о племенах гаплогруппы R1a1.

Одно из племен под названием наганарвалы поклонялись богам Кастору и Поллуксу. Интересно, что Кастор и Поллукс – божества ариев, многократно описанные в индийских Ведах, и древняя история почитания этих божеств уходит у ариев на 7000 лет назад, как установлено из астрономических данных по динамике появления этих звезд на небосклоне (Клёсов, 2008f).

Наконец, Тацит упоминает племя свионов, живущих «посреди самого Океана», то есть в Скандинавии, поскольку Океаном Тацит называл Балтийское и Северное моря, а Скандинавию считал островом. За свионами, по описаниям Тацита, находился Северный Ледовитый океан. Свионов Тацит описывает как умелых мореплавателей.

Все эти описания Тацита относятся к началу нашей эры, до эпохи Великого переселения народов и прибытия новой волны носителей R1a1 в Скандинавию. По мнению Дэвида Фокса (David Faux, 2007, препринт), эта миграционная волна практически не нашла отражения в научной литературе, поскольку крах Римской империи на века, фактически, вплоть до 13-го века (по другим данным, до 11-12 вв) остановил исторические исследования в Европе, и в особенности в Скандинавии. Фокс связывает прибытие R1a1 с Кавказа и/или Средней Азии, хотя не дает четких обоснований такому отнесению. Фокс также полагает, что эта волна из Азии и породила викингов, этнически и генеалогически.

Историю викингов часто отсчитывают с 793 года, с нападения на Линдесфарнский монастырь в Нортумбрии, Англия. С другой стороны, Фокс идет до крайностей, называя гаплогруппу R1a1 «редкой», и относя практически все R1a1 в Европе этой волне из Азии в середине 1-го

тысячелетия. Про археологические находки R1a1 в Европе, относящиеся к временам 4600 лет назад, Фокс тогда не знал. Фокс датирует миграцию R1a1 в Скандинавию с востока 375-550 гг. н.э. В то время в раскопках в Скандинавии стали во множестве появляться фигурки с азиатскими мотивами, которые часто приписывают скифам. Фокс считает скифов племенем южной части Средней Азии, отсюда и его отнесение исходного региона миграции R1a1 в Скандинавию в середине 1-го тысячелетия н.э. Стиль и характер религиозных обрядов также резко изменился в Скандинавии в середине 1-го тысячелетия н.э.

Мы не будем здесь анализировать народные легенды, предания, саги, предположительно описывающие те времена. Это достаточно подробно описано в упомянутом препринте Фокса и в книге Ю.Н. Дроздова (2008). Коротко перечислим лишь несколько произведений. В «Саге о Скьёльдунгах» неизвестного автора говорится как Один, отец Скьёлда, придя из Азии и подчинив местных жителей, стал властвовать над северной частью Европы (Саксонией, Данией, Швецией). При этом Один вышел из земель к северу от Меотийского болота, то есть территорий от Азовско-Прикаспийских степей до побережья Ледовитого океана, по представлениям античных и раннесредневековых авторов. Эти земли древние скандинавы называли «Свитьод Великий и Холодный». Интересно, что те времена описываются в «Саге об Инглингах» как «в те времена римские хёдвинги ходили походами по всей земле и подчиняли себе все народы», и тоже представляется переселенческая версия происхождения значительной части скандинавских народов. Об этом же повествует «Описание Земли III» в историко-географическом сочинении 13-го века – «Север заселили тюрки и люди из Азии. Поэтому с уверенностью можно сказать, что вместе с ними пришел сюда на север и язык, который мы называем северным, и распространился этот язык по Саксланду, Данмору и Свитьод, Норвегии и по некоторой части Энгланда. Главой этого народа был Один, сын Тора». Напоминаем, что территории восточнее Танаиса (Дона) античные источники называли Азией.

Подводя итог настоящему разделу, укажем, что скандинавские гаплотипы гаплогруппы R1a1 принадлежат двум группам, в отношении их общих предков. Древняя группа имеет общего предка, жившего примерно 4100 лет назад, что находится в хорошем соответствии с археологическими данными, предположительно культура шнуровой керамики. Относительно молодая группа, или ветвь, имеет общего предка 1700±220 лет назад (примерно 4-й век н.э.) или 1475±320 лет назад (примерно 6-й век н.э.). Это тоже хорошо согласуется с археологическими и историческими данными, хотя они стали очерчиваться лишь недавно.

«Клан Доналдов» с маркерной парой YCAII = 19,21

В выборку, использовавшуюся при построении скандинавского дерева, мы не включили ветвь еще одного клана (поскольку ее обрабатывали отдельно), которая давно привлекала внимание специалистов, но древнее происхождение ее оставалось неизвестным. Это так называемый «клан Доналдов» (<http://www.clandonald.info>), ведущих свое относительно недавнее происхождение от Джона, Лорда Островов (John, Lord of the Isles), умершего в 1386 году, или от Сомерледа, который предположительно жил в 12-м веке нашей эры. Этот клан сейчас (октябрь 2009 г.) насчитывает 103 человека с гаплогруппой R1a1, у которых известны протяженные гаплотипы, и почти у всех (за исключением двух человек) пара аллелей в маркерах YCAII a,b = 19,21 (у остальных двух там 21,21). Напротив, у подавляющего числа носителей гаплогруппы R1a1 там аллели 19,23 с нормальными статистическими мутациями от этих значений, за исключением «молодых» скандинавских ветвей, рассмотренных выше. Представляет интерес определить, восходит ли клан Доналдов к какой-либо из этих ветвей или он отделился от предковых R1a1 независимо.

Для этого была взята выборка из 40 67-маркерных гаплотипов скандинавской ветви, к этой серии были добавлены 65 гаплотипов «клана Доналдов», определенных в 67-маркерном формате (<http://dna-project.clandonald-usa.org/tables.htm>), и построено дерево гаплотипов (рис. 16).

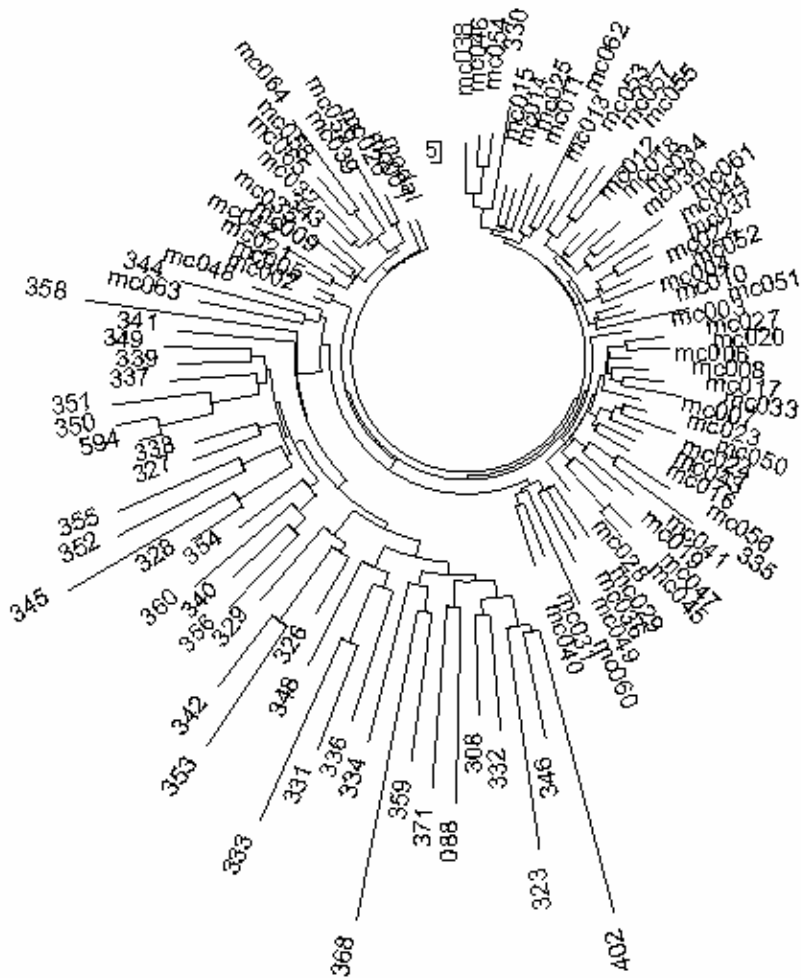


Рис. 16. Дерево из 40 67-маркерных гаплотипов ветви YCAII=19,21 и ближайших мутаций, и 65 67-маркерных гаплотипов «клана Доналдов» с YCAII=19,21 (<http://dna-project.clan-donald-usa.org/tables.htm>). Последние помечены индексом mc.

Видно, что дерево состоит из двух частей – слева более старые гаплотипы, числом 36, справа и в верхней части – более молодые, числом 69, почти исключительно гаплотипы «клана Доналда». Среди них – только четыре гаплотипа, которые не занесены в таблицу «клана». Гаплотипы «клана Доналда» в левой ветви отсутствуют.

Все 36 гаплотипов левой ветви содержат 152 мутации от следующего базового гаплотипа

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

что дает 2550 ± 330 лет до общего предка ветви. С учетом погрешности эта величина перекрывается, как и можно было ожидать, с возрастом общего предка «молодых» скандинавских ветвей, рассчитанным по 25-маркерным гаплотипам (1900 ± 400).

Вторая, более «молодая» половина дерева гаплотипов на рис. 16, включающая почти исключительно «клан Доналда», имеет 100 мутаций на 69 гаплотипов, что дает 825 ± 120 лет до общего предка с гаплотипом

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 16 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16

Поскольку два гаплотипа в этой серии имеют редкую четырехшаговую мутацию, что определенно произошло в один шаг, завысив число мутаций в серии, то с учетом этого общий предок ветви мог жить 775 ± 110 лет назад, что, в общем, в пределах ошибки расчетов. В любом случае, это относительно недавний предок, и мог быть либо Джоном, Лордом островов (жил 650 лет назад), либо Сомерледом (жил 850 лет назад). Современный клан Доналдов допускает и ту, и другую возможность.

Предковый гаплотип «клана Доналда» отличается на 2.8 мутаций (пять мутационных единиц при визуальном сравнении гаплотипов) от базового гаплотипа «старой» ветви слева на рис. 16, что помещает ИХ общего предка на 2500 лет назад. Это и есть общий предок, который жил 2550 ± 330 лет назад, и который представлен левой половиной дерева гаплотипов на рис. 16.

Наконец, предковый гаплотип «клана Доналда» отличается на 2.2 мутации (три мутации при визуальном сравнении) от базового «молодого» скандинавского гаплотипа возрастом 1900 ± 400 —лет (см. предыдущий раздел), предположительно пришедший в Скандинавию в ходе Великого переселения народов:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

Первые 12 маркеров у них вообще идентичны. Эта разница помещает ИХ общего предка примерно на 2000 лет назад, что находится в пределах погрешности расчетов с «возрастом» 1900 ± 400 лет. Так что эта «молодая» ветвь и есть «отцовская» по отношению к «клану Доналда».

67-маркерные базовые гаплотипы «старой» и «молодой» («клан Доналда») ветвей следующие:

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16
- 11 12 19 21 16 16 17 17 34 38 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12

13 25 15 11 11 14 12 12 10 **14** 11 31 -- **16 8** 10 11 11 23 14 20 **31** 12 15 15 16
- 11 12 19 21 **17** 16 17 **18** 34 **39** 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12

Между ними всего 7 мутаций на 67 маркерах, что соответствует примерно полутора тысячам лет разницы между временами жизни их предков. Таким образом, можно считать доказанным, что ветвь клана Доналдов является дочерней по отношению к «молодым» скандинавским ветвям с общим предком 1900±400 лет назад. Потомками этой линии были Сомерлед и Джон, Лорд Островов, которые дали начало знаменитому «клану Доналда» с его боевой историей, описанной во многих книгах и исторических документах.

Центральная Европа



Карта 4. Гаплотипы центрально-европейской ветви. Светлым отмечены гаплотипы из подветви с аллелями в маркерах DYS464e, DYS464f и DYS464g (см. в тексте).

География. Ветвь доминирует в странах Центральной Европы, отсюда и название. В хорошо представленных коммерческих базах данных Чехии и Германии к ней относится 32 и 35% всех отмеченных на картах гаплотипов

R1a1, соответственно. В Восточной Европе эта ветвь также одна из ведущих (24% среди восточных славян), но мало представлена в Скандинавии и на Британских островах. Нет гаплотипов центрально-европейской ветви и к востоку от Волги, за исключением недавних русских и немецких переселенцев.

Филогения. Рассмотренная нами ветвь центрально-европейских гаплотипов (рис. 9, справа) содержит 59 67-маркерных гаплотипов. Она развернута на рис. 17-19 в 67-, 37- и 25-маркерных вариантах как отдельное в каждом случае дерево гаплотипов.

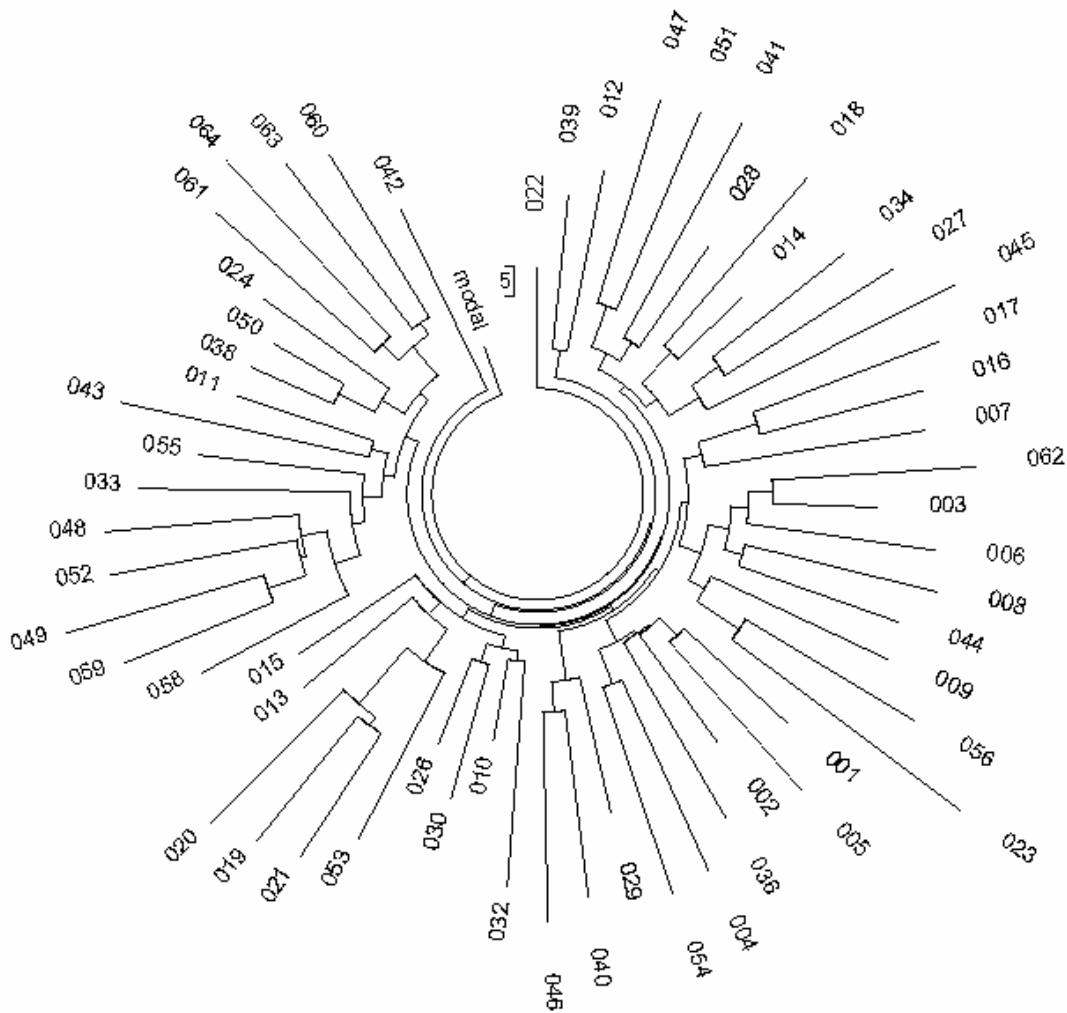


Рис. 17. Дерево из 59 67-маркерных гаплотипов центрально-европейской ветви гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

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

что дает 2725 ± 300 лет до общего предка. Это - первая половина 1-го тысячелетия до н.э. Относительно недавние времена для гаплогруппы R1a1 в Европе. Согласно Плутарху, войска Юлия Цезаря в ходе Галльских войн (середина первого века до н.э.) за девять лет взяли штурмом более 800 городов, сражались с тремя миллионами людей, из которых один миллион уничтожили и столько же захватили в плен. Если эти цифры верны, то миллион погибших, из которых носители гаплогруппы R1a1 составляли определенно немалую долю, должен был заметно повлиять на центрально-европейскую популяцию как того времени, так и на последующие времена.

Интересно, что центрально-европейский базовый гаплотип, приведенный выше, значительно отличается от скандинавских базовых гаплотипов, приведенных в предыдущем разделе, и имеющих возраст 4100 ± 700 и 1900 ± 400 лет

13 25 **15 11** 11 14 12 12 **10** 13 11 **30** -- **15** 9 10 11 11 **24** 14 20 32 12 15 15 **16**
13 25 **15 11** 11 14 12 12 **10 14** 11 **31** -- **15** 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 **16**

а именно на 7 мутаций, соответственно, в обоих случаях (выделены), или 8 мутаций разницы на все три базовых гаплотипа. Это помещает общих предков центрально-европейских и скандинавских носителей гаплогруппы R1a1 примерно на 4500 лет назад, для всех трех базовых гаплотипов, приведенных выше. Трудно сказать, была ли это Западная или Центральная Европа, или Русская равнина, но факт, что 4600 лет назад носители R1a1 были в Германии, согласуется с этими датировками.

67-маркерный базовый гаплотип центрально-европейской группы R1a1 имеет вид:

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 - 11 11 19
23 17 16 18 19 35 40 14 11 - 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13 8 14 25
21 13 12 11 13 11 11 12 13

При более детальном анализе всего списка гаплогруппы R1a1 (более чем 1000 гаплотипов) обнаружилась одна примечательная особенность. В центрально-европейскую ветвь попали практически все гаплотипы, у которых, в дополнение к стандартному 25-маркерному FTDNA набору, были типированы редко встречающиеся маркеры DYS464e, DYS464f и DYS464g. Проверка всех гаплотипов с «добавочными» маркерами на сходимость по логарифмическому критерию (см. Методическую часть) дала коэффициент сходства 0,98, т.е. одного предка с большой

вероятностью. Базовый 67-маркерный гаплотип этой подветви на 6 мутаций отличается от базового гаплотипа всей центрально-европейской ветви, причем три из этих шести мутаций приходятся на замену аллели 15 на 12 (выделено в первой строке гаплотипа ниже):

13 25 16 10 11 14 12 12 11 13 11 29 -- 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 **12** 15 15 [15 16] –
11 11 19 23 17 16 18 19 **34 39 13** 11 – 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12
13 8 14 25 21 13 12 11 13 11 11 12 13

Жирным шрифтом выделены отличающиеся аллели, в квадратных скобках – аллели в маркерах DYS464e и DYS464f. Очевидно, эти «добавочные» аллели появились у предка подветви и закрепились у потомков, мутируя от поколения к поколению по тем же законам, что и остальные. Эту характерную особенность можно рассматривать как аналог снипа, подобно DYS388=10, DYS392=13 или YCAIIa,b=19,21 у «десятников», древних европейцев и «младших» скандинавов, соответственно (см. выше). В списке центрально-европейской ветви таких гаплотипов оказалось 57 из 113 – ровно половина.

Оставшиеся 56 образуют вторую подветвь с базовым гаплотипом, практически идентичным базовому гаплотипу всей ветви. Расчет времени до ближайшего общего предка дает на 67 маркерах 2350 ± 270 и 2175 ± 260 лет для первой и второй подветви, соответственно, и всего 200-300 лет до их общего предка. Практически точное совпадение с датой, вычисленной для ветви в целом, как и следовало бы ожидать в случае набора гаплотипов с реальным (не фантомным) общим предком.

История. По самым скромным оценкам, сейчас по всему миру живет не менее 20 миллионов мужчин из центрально-европейской ветви гаплогруппы R1a1. Однако, ее историю удастся реконструировать с куда меньшим количеством деталей, чем для сравнительно малочисленных ветвей «десятников», скандинавов и евреев-ашкенази (см. ниже). Строго говоря, мы можем лишь предложить ту или модель, которая с минимальным количеством противоречий связала бы воедино филогению и географию ветви с данными истории, этнографии, лингвистики и т.д.

Вначале постараемся оценить из имеющихся данных, где 2400 – 3000 лет назад жил первый «центральноевропейец». Поскольку эта ветвь довольно надежно делится на две родственные подветви с одним общим предком, то, следуя принципу Оккама, родину предка надо искать там, где эти подветви больше всего перемешаны географически. Карта 4 указывает на довольно обширный район от Баварии на западе до Закарпатья на востоке, захватывающий всю Чехию, Силезию, Словакию, частично Венгрию и

Румынию. Более точно локализовать район невозможно, но вполне очевидно, что такая география ставит под сомнение широко растиражированную легенду о «скифских» корнях всех без исключения европейцев из гаплогруппы R1a1. Даже если отдаленные предки центральноевропейской ветви и жили когда-то в причерноморских степях (что ни доказать, ни опровергнуть пока нельзя), то ко времени раннего железного века они уже населяли центр Европы, где прошли через бутылочное горлышко вместе со своими «кузенами» из других ветвей, как будет показано ниже.

Второй интересующий нас вопрос – пути расселения носителей этих гаплотипов со своей (предположительно) «баварско-закарпатской» прародине. Если сравнить географию двух подветвей (карта 4), то видно, что на Русской равнине безусловно доминируют носители гаплотипов из подветви с «добавочными» маркерами (светлые метки). Эта же подветвь преобладает с другой стороны ареала – на западе Германии и в Англии. Несмотря на значительную географическую удаленность, в подветви в произвольном порядке перемешаны восточные славяне, немцы и поляки, что явно говорит о недавних миграциях носителей этих гаплотипов. Логично предположить, что такие миграции были одним из эпизодов Великого переселения народов 4 – 8 вв. н.э. Поскольку носители центральноевропейских гаплотипов, судя по всему, двигались с запада на восток, против общего потока, есть возможность отыскать в письменной истории и археологии свидетельства таких миграций в соответствующее время.

Из всей истории европейского раннего Средневековья на роль события, вызвавшего такие миграции, больше всего подходит распад Аварского Каганата после разгрома его армией Карла Великого, а вслед за ним – болгарами. Это было довольно аморфное разноплеменное государство, занимавшее территорию современных Венгрии и Румынии, в котором правящую элиту составляли авары – тюрко- или монголоязычные выходцы из Центральной Азии, но основную часть населения составляли славянские племена. Физическое истребление правящей элиты и грабежи спровоцировали смуты с их вечными спутниками – голодом и эпидемиями. Славяне, среди которых были и обладатели местных центральноевропейских гаплотипов, покинули эти некогда благословенные места и переселились туда, где жили родственные им по языку и культуре народы. Часть осела на Днепре, часть ушла в Польшу и Силезию, а кого-то франки увели в плен и расселили на землях, обезлюдевших после долгих войн с саксами. Видимо, таким образом эта ветвь распространилась среди немцев Нижней Саксонии и их потомков, заселявших Померанию и Восточную Пруссию.

Хотя прямых свидетельств массовой миграции славян из Паннонии и Трансильвании пока не найдено, о ней можно косвенно судить по тому, что сейчас территория Аварского Каганата заселена в основном венграми и румынами. Очевидно, отток славянского населения после разгрома аваров был настолько велик, что относительно небольшие группы угро- и романоязычных переселенцев легко смогли ассимилировать тех, кто остался.

Другое косвенное свидетельство - этимология слова «король» (цслав. *kralъ*, болг. *кралят*, сербохорв. *краљ*, словен. *králj*, чеш. *král*, польск. *król*), восходящая, по общему мнению историков и лингвистов, к имени Карла Великого, императора франков (742 – 812 гг.). Согласно лингвистическим реконструкциям, его имя очень рано стало нарицательным для обозначения монарха, еще до распада праславянского языка. Чем же таким особенным мог запомниться Карл именно славянам, а не, например, немцам или французам, чтящим его как основателя своих государств? Очевидно, одним – прямым и, видимо, драматическим участием в судьбе славянских народов. И опять история указывает на Паннонию, где его армия нанесла непоправимый удар аварам («погибоша аки обры» - ПВЛ), вынудив славян-союзников покинуть плодородные равнины.

И, наконец, на драматические события 1200-летней давности может указывать этимология этнонимов «поляки» и «поляне». Хотя оба этноса жили в лесной зоне в историческое время, их самоназвания указывают на происхождению из зоны «полей», т.е. (лесо)степи. Очевидно, эти племена тем самым отделяли себя от близких по языку, но отличных по материальной культуре исконных жителей леса («древлян», к примеру). Многие историки помещают «поля» в причерноморские степи, а полян-поляков считают прямыми потомками сарматов. Однако, прямых доказательств такой гипотезы нет. Более того, Повесть Временных Лет и другие летописи прямо указывают на то, что поляне (в лице Кия с братьями) пришли с запада, а не с юга. Если сопоставить слова Нестора с картой и датировками центральноевропейской ветви, то более логично искать «поле» на равнинах Паннонии, откуда предки полян и поляков ушли не по своей воле, каждый своим путем.

Предложенная версия истории центральноевропейской ветви гаплогруппы R1a1 не претендует на истину в последней инстанции, но позволяет логично связать многие внешне противоречивые факты.

Гаплотипы евреев-ашкенази гаплогруппы R1a1



Карта 5. Гаплотипы ветви евреев-ашкенази.

География. В отличие от предыдущих, ветвь названа не по географическому, а по условно-этническому признаку, поскольку практически все носители ее гаплотипов - евреи-ашкенази. Ее география повторяет в деталях ареал расселения ашкенази начала-середины 19-го века. Именно к этому времени относятся сведения о предках, указанные в базе данных YSearch и использованные при построении карт.

Филогения. Эти гаплотипы образуют стабильную ветвь на общем древе гаплотипов, которая сохраняется независимо от протяженности гаплотипов. Это означает, что данная ветвь имеет четкие отличительные признаки в структуре гаплотипов. Почти все носители этих гаплотипов имеют имена и фамилии предков (в основном 19-й век), характерные для евреев (Klyosov, 2008). В статье (Behar et al, 2003) эти гаплотипы названы «гаплотипами левитов», но в той статье были рассмотрены только 6-маркерные гаплотипы. Более детальное рассмотрение этих гаплотипов было проведено в статье (Klyosov, 2008), но на меньшем количестве гаплотипов, чем в настоящей работе (рис. 20-22).

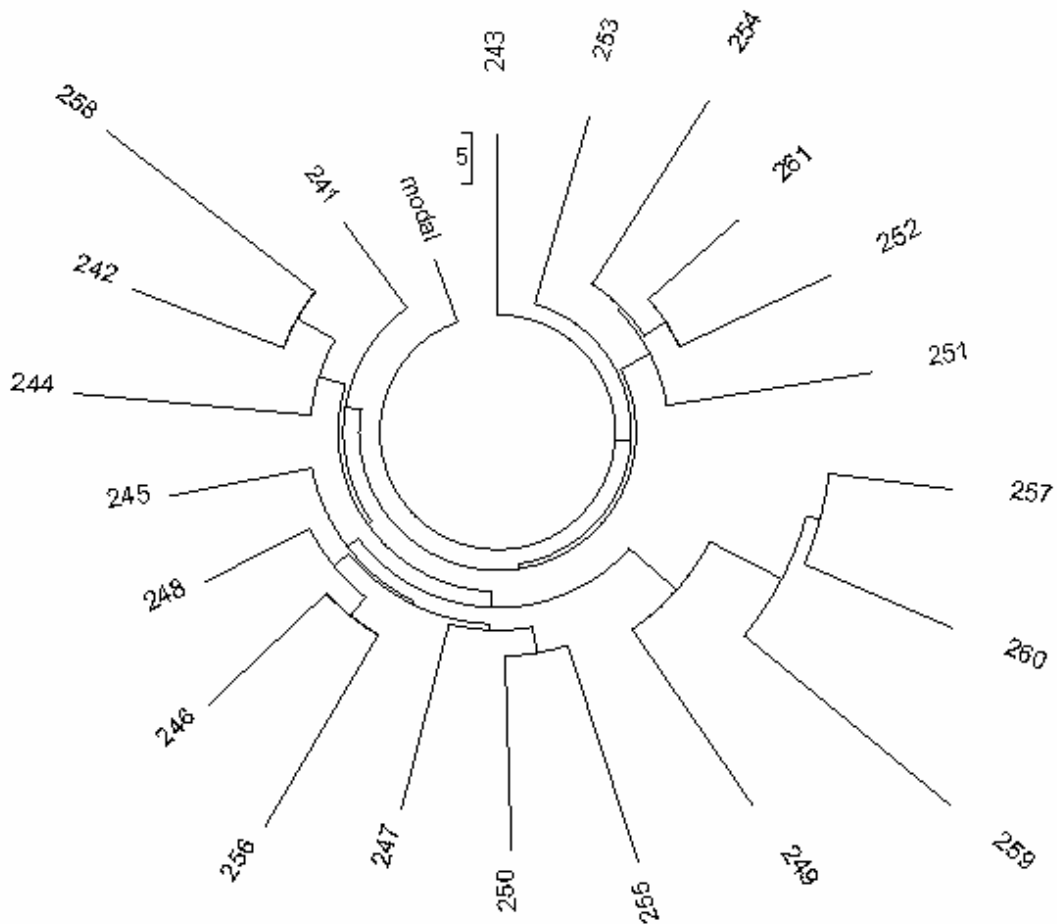


Рис. 20. Дерево из 21 67-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы R1a1.
 Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Данная серия гаплотипов была испытана на соответствие логарифмическим и линейным методами (см. Методический раздел статьи), и отношение соответствующих коэффициентов оказалось равно 0.999. Это означает, что практически все гаплотипы серии происходят от одного общего предка.

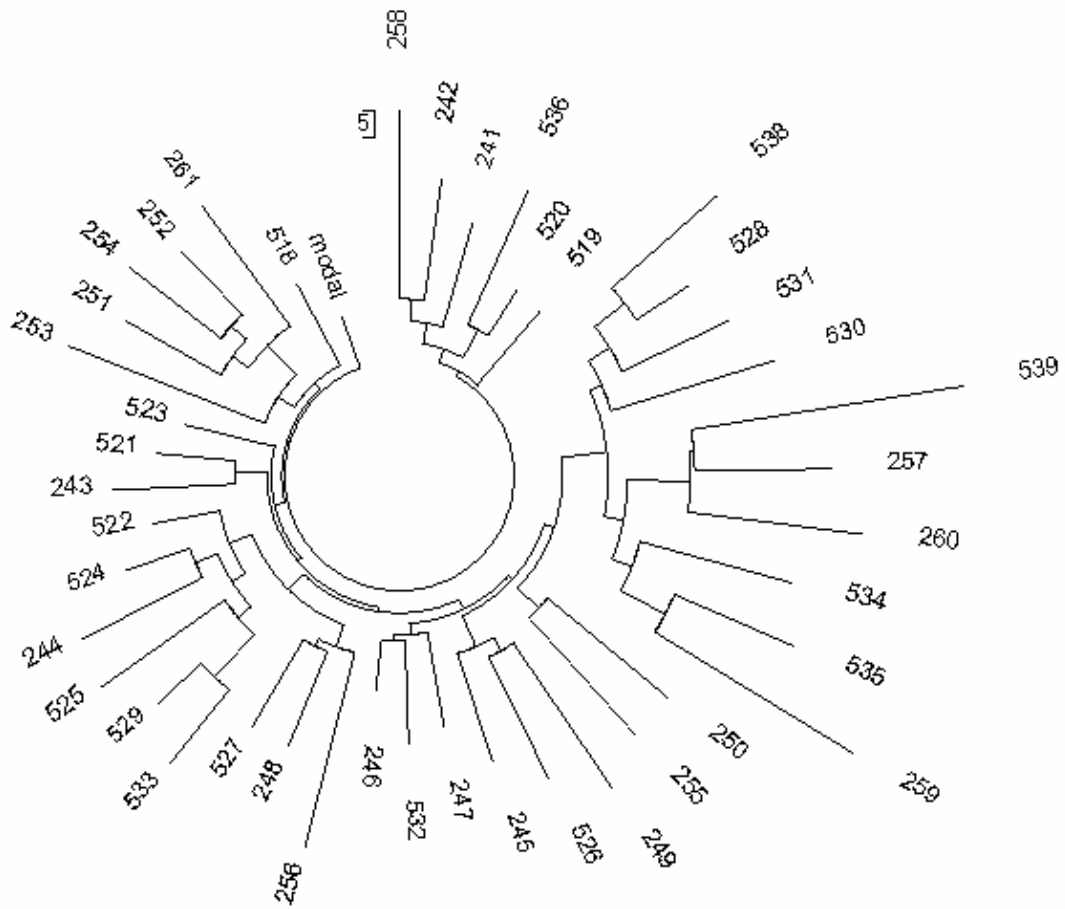


Рис. 21. Дерево из 42 37-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

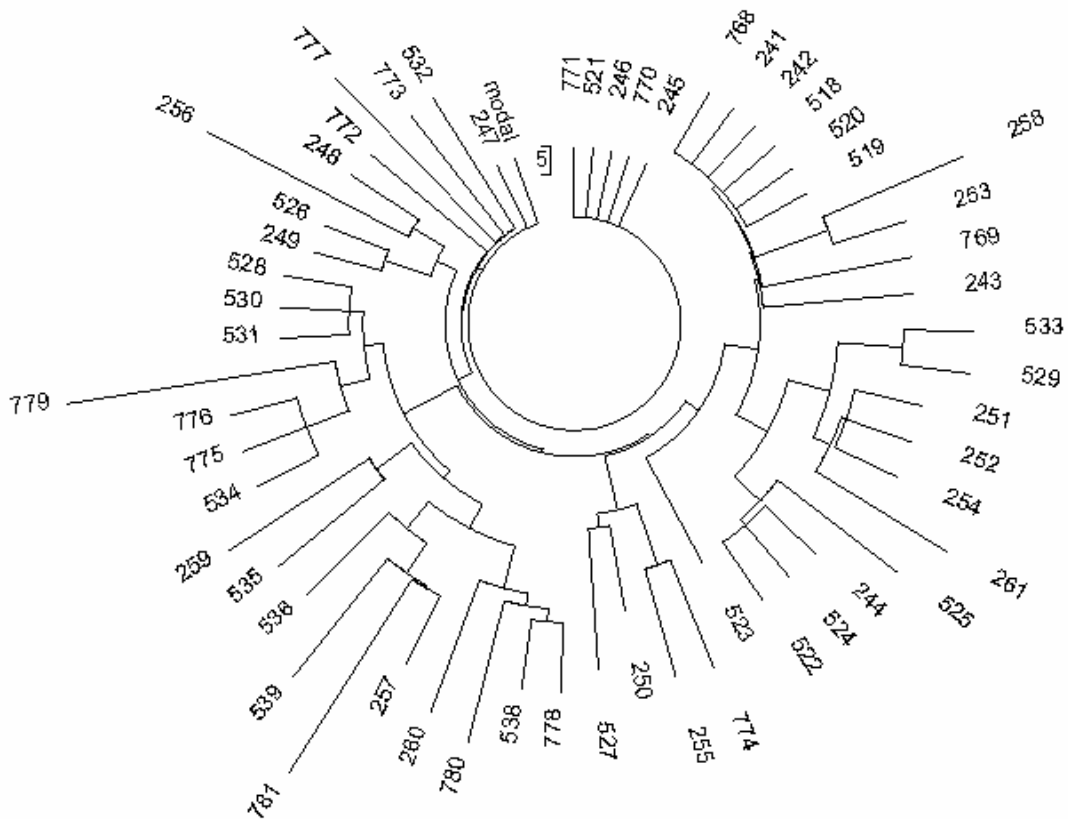


Рис. 22. Дерево из 56 25-маркерных гаплотипов евреев гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Все 56 25-маркерных гаплотипов содержат 107 мутаций от базового гаплотипа

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

что дает время жизни общего предка данной группы людей 1100 ± 150 лет назад, то есть примерно 10-й век нашей эры. Случайно или нет, но гаплотипы евреев-коэнов (наследственный статус храмовых священников) гаплогруппы J1 тоже происходят от общего предка, жившего в те же времена, в пределах погрешности (Klyosov, 2009c).

Из рис. 22 видно, что вся 25-маркерная серия содержит шесть базовых гаплотипов. Это позволяет оценить время жизни общего предка не по мутациям, а по виду гаплотипов, из того, сколько базовых гаплотипов сохранилось немутированными. По формуле $\ln(56/6)/0.046 = 49$ получаем,

что без поправки на возвратные мутации общий предок всех 56 человек жил 48 поколений назад, с поправкой – 51 поколение (по 25 лет каждое, согласно калибровке средних скоростей мутаций), то есть примерно 1275 лет назад. Это практически совпадает в пределах указанной погрешности с величиной, рассчитанной линейным способом, то есть по мутациям.

Сравнивая с базовым гаплотипом, например, центрально-европейской группы (отличия в мутациях выделены)

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

мы видим, что это различие составляет 9 мутаций на 25 маркерах. Это – большая разница, которая объясняет причину высокой устойчивости ветви гаплотипов евреев на дереве гаплотипов, разносит времена общих предков евреев и центральноевропейской группы R1a1 на 6100 лет, и помещает ИХ общих предков примерно на 5000 лет назад.

Аналогичное сопоставление с базовым скандинавским гаплотипом (1900±400 лет назад), предположительно прибывшим в Скандинавию в ходе Великого переселения народов в середине 1-го тысячелетия н.э.

13 25 **15** 11 11 14 12 12 10 **14** 11 31 -- 15 9 10 11 11 **23** 14 20 **32** 12 **15** 15 16

выявляет уже 12 мутаций между ними (!). Это помещает общих предков группы скандинавов и евреев гаплогруппы R1a1 на 5800 лет назад. Это уже действительно древний предок в рамках гаплогруппы R1a1, возможно, древнего европейского происхождения. Возможно, и азиатского. Понятно, что в те времена евреев как таковых не было, но предок, носитель гаплотипа группы R1a1 был, и его потомок вошел в еврейское сообщество примерно в 10-м веке нашей эры.

Наконец, сопоставим базовый гаплотип евреев с предковым гаплотипом восточных славян на Русской равнине (он будет детально рассмотрен ниже)

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

Между ними – 8 мутаций, что приводит к общему предку евреев и восточных славян, жившему 5600 лет назад. По-видимому, это и есть возраст общего предка славян, скандинавов и евреев.

67-маркерный базовый гаплотип евреев гаплогруппы R1a1 имеет вид:

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 14 9 11 11 11 24 14 20 30 12 12 15 15 -
11 11 19 23 14 16 19 20 35 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
14 8 14 23 21 12 12 11 13 10 11 12 13

История. Вопрос о том, каким образом гаплотипы R1a1 оказались среди евреев, занимал исследователей с самого начала, когда эта ветвь была идентифицирована. Самыми популярными были версии о происхождении от хазар, тюркоязычного народа, жившего в Нижнем Поволжье и принявшего иудаизм в 8-м веке, или от восточных славян через межэтнические браки. Однако, невозможно было проверить ни одну из гипотез без надежного сопоставления ветвей.

В настоящей работе есть возможность проверить, является ли относительно молодая ветвь ашкенази дочерней к какой-либо более старой ветви, как это было проделано с гаплотипами клана Доналдов (см. выше). Как следует из проведенного нами анализа, таких родительских ветвей не найдено, что ставит под сомнение как хазарскую, так и восточнославянскую гипотезы. Характерные для тюрков и большей части восточных славян евразийские ветви (см. ниже) начали выделяться уже после того, как от общего массива R1a1 отделился «предок предка» ашкенази.

Поскольку нет данных, что гаплотипы этой ветви найдены у других этнических групп евреев, разумно предположить, что она берет начало в то время и в том месте, где жили первые общины ашкенази. Скорее всего, это был юг Германии и времена Каролингского Возрождения, когда возник спрос на услуги ростовщиков-евреев, а веротерпимая (по меркам раннего Средневековья) политика германских королей способствовала быстрому росту первоначально небольшой общины. Когда появились и откуда пришли предки родоначальника ветви ашкенази, пока неизвестно.

Гаплотипы западных славян гаплогруппы R1a1



Карта 6. Гаплотипы западнославянской ветви. Маркеры без точки отмечают гаплотипы, отнесенные к этой ветви, но не использовавшиеся в расчете возраста из-за пропусков аллелей в исходных данных.

География. Как и в случае с ашкенази, мы выбрали этнический признак для названия этой ветви. Подавляющее большинство ее носителей - чехи (34% от R1a1 гаплотипов Чехии), поляки, включая карпатских русинов (27% польских гаплотипов R1a1), и словаки. Гаплотипы этой ветви незначительно представлены среди других народов Европы (самое большое - 7% в Германии), отмечая, возможно, потомков западных славян. Соответственно, ареал ветви - Чехия, Словакия, Польша, украинское Закарпатье с отдельными вкраплениями в близлежащие регионы.

Филогения. Дерево гаплотипов показано на рис. 23-25. Проверка дерева на общего предка показала, что логарифмический и линейный метод сходятся в отношении 1.02. Иначе говоря, число мутаций в гаплотипах дерева полностью соответствует числу неизменных (базовых) гаплотипов в данной серии, что и должно выполняться при одном общем предке всей серии.

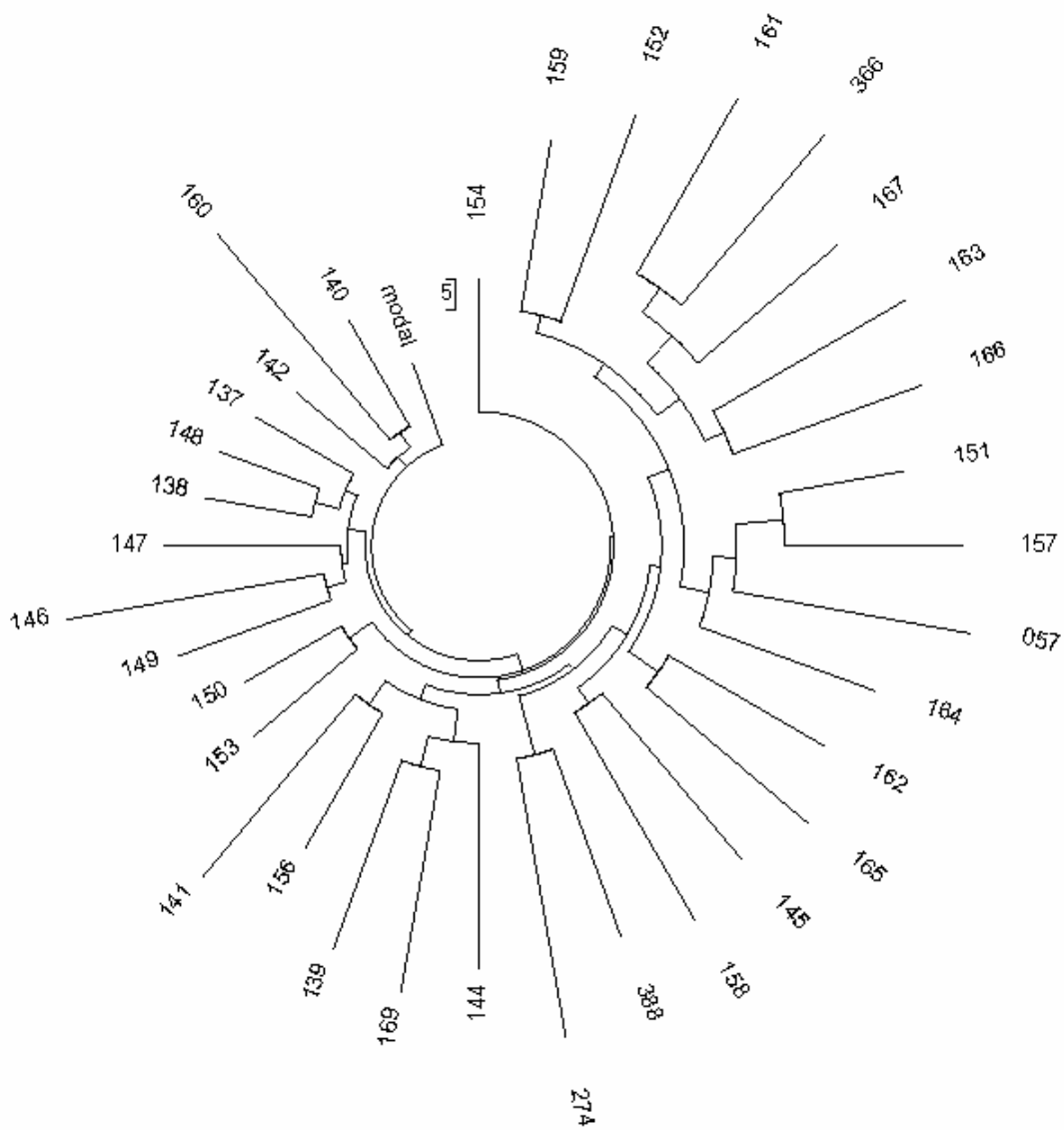


Рис. 23. Дерево из 34 67-маркерных гаплотипов западных славян гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

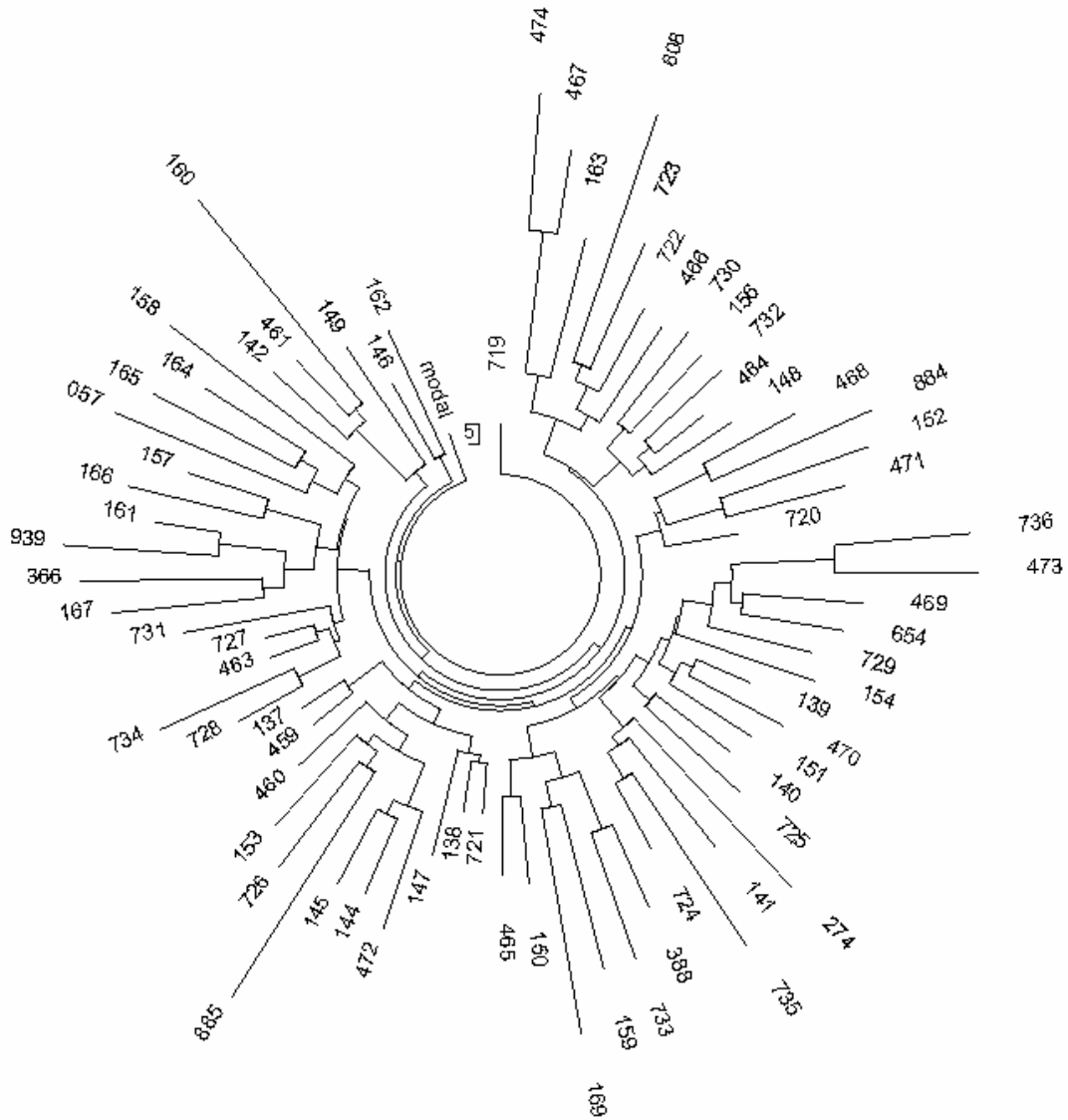


Рис. 25. Дерево из 72 25-маркерных гаплотипов западных славян гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

67-маркерный базовый гаплотип западных славян гаплогруппы R1a1 имеет вид:

13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 -- 16 9 10 11 11 23 14 20 31 12 15 16 16 –
 11 11 19 23 16 16 18 19 35 39 14 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 12 10 12 22 22 15 10 12 12
 13 8 14 25 21 12 12 11 13 12 11 12 13

Первые 25 его маркеров имеют во всех 72 гаплотипах дерева 307 мутаций, что соответствует 2575 ± 300 лет до общего предка западных славян. Эта величина практически совпадает с временем жизни общего предка центрально-европейских носителей R1a1 (2725 ± 300 лет назад, см. выше), или даже немного «моложе». Однако их 67-маркерные их гаплотипы (ниже показан центрально-европейский) различаются на 7 мутаций в первых 25 маркерах, и на 13 мутаций во всех 67 маркерах (выделены):

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** -
 11 11 19 23 **17** 16 18 19 35 **40** 14 11 - 11 8 17 17 8 **11** 10 8 12 10 12 **21** 22 15 10 12 12
 13 8 14 25 21 **13** 12 11 13 **11** 11 12 13

Это означает, что сходство времен, когда жили их общие предки вовсе не означает, что предки были одними и теми же. Это скорее означает, что обе генеалогические линии прошли «бутылочное горлышко популяции» в одно и то же время, в середине 1-го тысячелетия до н.э. Похоже, это были трудные времена для племен R1a1 в Европе.

7 мутаций на первых 25 маркерах определяет общего предка для обеих популяций R1a1 в период примерно 4900 лет назад. Это – время начало активных миграций гаплогруппы R1a1 в Европе, и время жизни общего предка R1a1 на Русской равнине. Похоже, что судьба для потомков восточных праславян была более удачной в отношении выживаемости, чем их братьев в Европе. Те, кто ушли на восток, на Русскую равнину, сохранили прямую генеалогическую линию. Те, кто остались в центре Европы и на западных предгорьях Карпат, сохранили только фрагменты генеалогических линий. Точнее, одну, недавнюю ветвь, выжившую в середине 1-го тысячелетия до н.э.

Сравним базовый гаплотип западных славян с базовым гаплотипом евреев гаплогруппы R1a1:

13 25 **16** 10 **11** 14 12 12 10 13 11 30 -- **14** 9 **11** 11 11 **24** 14 20 **30** 12 **12 15 15** - 11 11 19
 23 **14** 16 **19 20** 35 **38** 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 **11** 10 12 22 22 15 10 12 12 **14** 8 14 **23**
 21 12 12 11 13 **10** 11 12 13

Они различаются на 12 мутаций на первых 25 маркерах, и на 23 мутации на всех 67 маркерах. Определенно евреи при своих 1100 ± 150 лет до общего предка произошли не от западных славян. Более того, их с западными славянами общий предок жил примерно 6250 лет назад.

Сравним западнославянский базовый гаплотип с базовым гаплотипом скандинавов, «старой» (4100 ± 700 лет) и «молодой» (1900 ± 400 лет) ветвей:

13 25 **15 11 11** 14 12 12 10 13 11 30 -- **15** 9 10 11 11 **24** 14 20 **32** 12 15 **15** 16 - 11 **12** 19
23 16 16 18 19 35 **38 13** 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 **11** 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13 23**
21 12 12 11 13 **11** 11 12 13

13 25 **15 11 11** 14 12 12 10 **14** 11 31 -- **15** 9 10 11 11 23 14 20 **32** 12 15 **15** 16 - 11 **12** 19
21 16 16 **17 18 34 38** 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 **11** 10 12 22 22 15 **11** 12 12 13 8 14 **23**
21 12 12 11 13 **11** 11 12 **12**

Разница на первых 25 маркерах составляет 8 и 8 мутаций, и на всех 67 маркерах - 16 и 23 мутации, соответственно. Как и можно было ожидать, более старая скандинавская ветвь находится ближе к ветви западных славян, более молодая уже ушла в сторону. Общий предок западнославянской и обеих скандинавских ветвей жил примерно 4400 лет назад. Это опять типичные времена для племен R1a1 европейской шнуровой керамики. Ископаемые гаплотипы R1a1 с датировкой 4600 лет назад (Германия, Эйлау) на первых 12 маркерах имели в своем большинстве вид

13 25 16 11 11 14 X X 10 13 X 30

то есть заметно отличались от западнославянского и центральноевропейского базовыми гаплотипами (см. ниже),

13 25 **17 10 10** 14 12 12 10 13 11 30

13 25 16 **10** 11 14 12 12 **11** 13 11 **29**

но практически совпадали с базовым гаплотипом у современных русских восточных славян (четвертый слева маркер, DYS391, у половины русских славян R1a1 10, у половины 11),

13 25 16 10(11) 11 14 12 12 10 13 11 30

В то же время базовый гаплотип центральной евразийских ветви

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

(см. ниже) в точности (по доступным маркерам) соответствует ископаемому гаплотипу шнуровой керамики.

Западная Карпатская ветвь



Карта 7. Гаплотипы западной карпатской ветви.

География. Ветвь относительно небольшая в сравнении с ранее рассмотренными и довольно разбросанная, так что названа она несколько условно, по относительному скоплению гаплотипов в Карпатах, Татрах и Чехии. Этнический состав весьма разнообразен, с небольшим перевесом у западных славян. На Русской равнине и в Азии гаплотипов этой ветви пока не найдено.

Филогения. Завершает список ветвей, условно объединенных как «европейские, западная Карпатская ветвь», со следующим 67-маркерным гаплотипом (выделены мутационные различия с базовым гаплотипом центральноевропейской ветви):

13 25 **15 11 11 15** 12 12 11 13 11 29 -- **15** 9 10 11 11 **24** 14 20 **31** 12 15 15 **16** –
11 **12** 19 23 17 16 **17** 19 35 **39** 14 11 – 11 8 17 17 8 11 10 8 **11 11** 12 22 22 15 10 12 12
13 8 14 **23** 21 **12** 12 11 13 **12** 11 12 13

У него – 7 мутаций на первых 25 маркерах, и 17 мутаций – на всех 67 маркерах по сравнению с базовым гаплотипом центральной Европы.

Для того, чтобы прийти к этой датировке общего предка этих двух серий гаплотипов, надо было сначала определить время жизни общего предка западной Карпатской серии. Для этого рассмотрим соответствующие деревья гаплотипов (рис. 26-28).

Отношение коэффициентов логарифмического и линейного метода для данной серии гаплотипов равно 0.98, что с хорошей вероятностью определяет единственного общего предка для всех 29 гаплотипов выборки. Все они содержат 105 мутаций в 25-маркерных гаплотипах, что дает время жизни их общего предка 2150 ± 300 лет назад. В таком случае общий предок центрально-европейского и западно-карпатского предка жил примерно 4700 лет назад. Это опять типичное время для общего предка большинства европейский и евразийских серий гаплотипов (см. ниже).

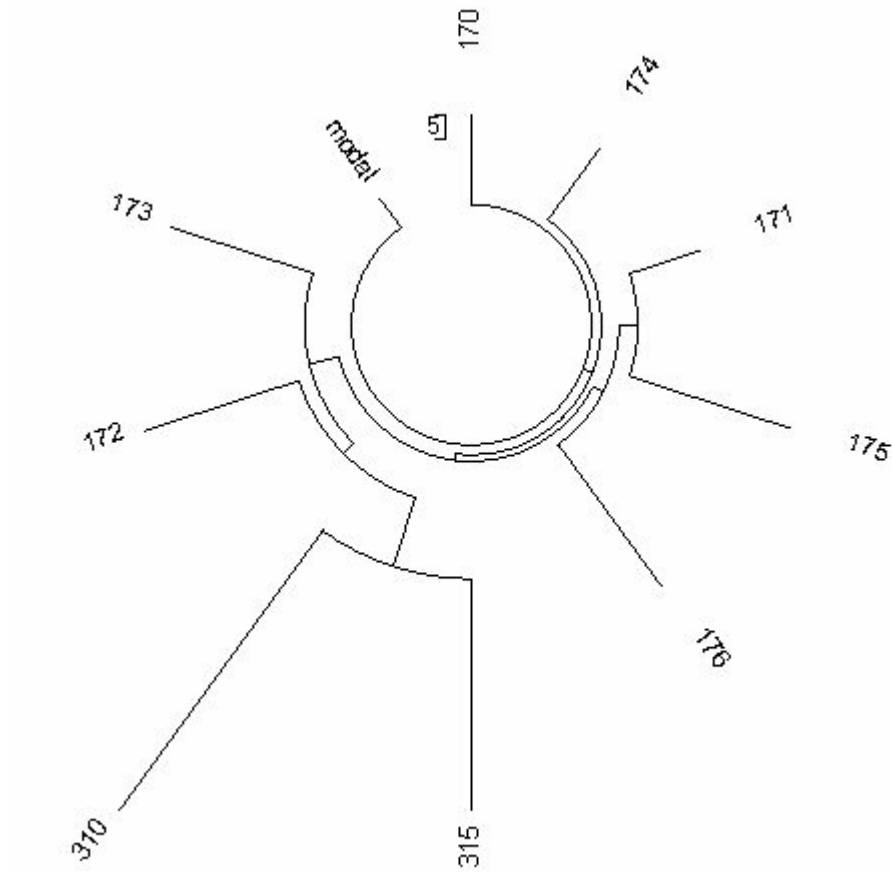


Рис. 26. Дерево из девяти 67-маркерных гаплотипов R1a1 западно-карпатской ветви. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

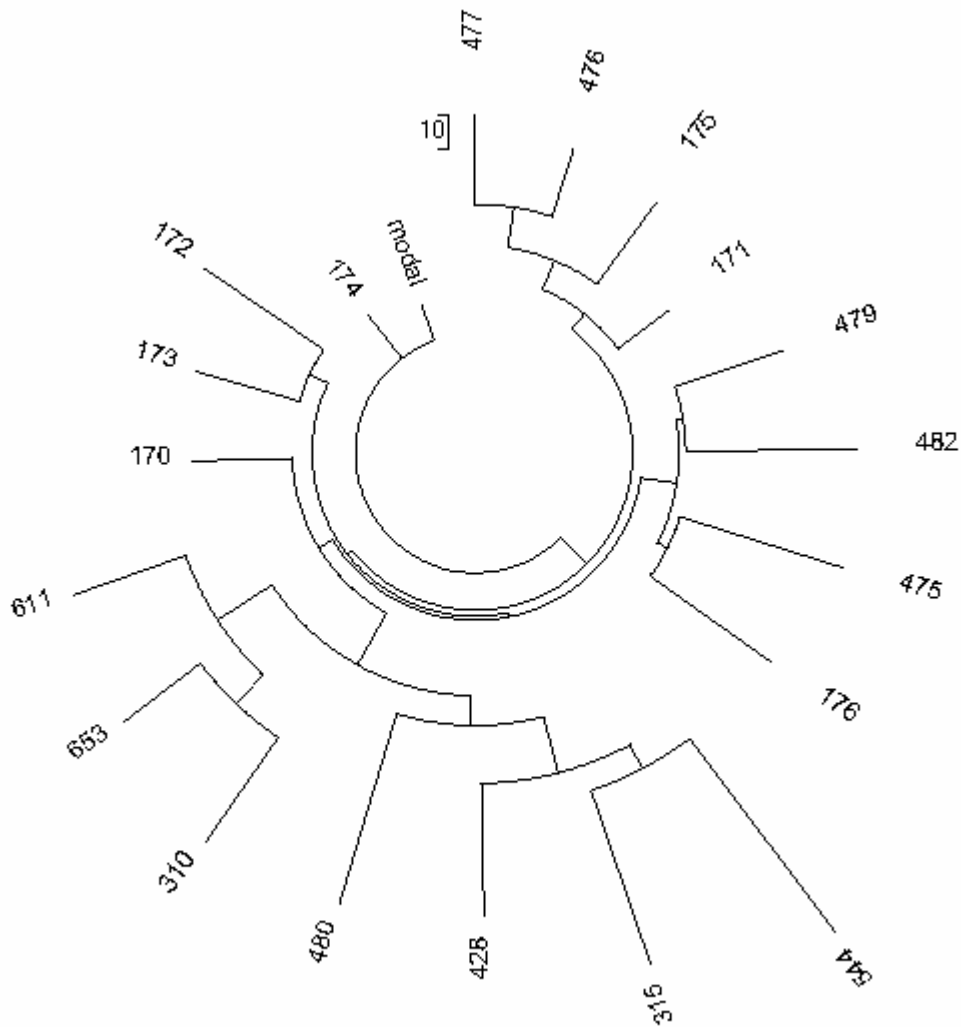


Рис. 27. Дерево из 19 37-маркерных гаплотипов R1a1 западно-карпатской ветви. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

На дереве 37-маркерных гаплотипов обращают на себя внимание правая и нижняя ветви. Хотя мы уже знаем, что общий предок дерева с хорошей вероятностью один, и указанные ветви могут представлять просто дочерние ветви предка (они и исходят из одной ножки на дереве), проверим это для целей отработки методологии расчетов.

Нижняя ветвь из семи гаплотипов имеет 24 мутации от базового гаплотипа

13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 29 -- 16 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 16

что соответствует 2025 ± 460 лет до общего предка. Правая ветвь из восьми гаплотипов содержит 21 мутацию от базового гаплотипа

13 25 15 10 11 15 12 12 11 13 11 29 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 16

(выделены мутации от базового гаплотипа всего дерева), что дает 1525 ± 370 лет до общего предка ветви. Последняя ветвь имеет общего предка со всем деревом 2100 лет назад, это и есть общий предок всего дерева (2150 ± 300 лет назад). Первая ветвь отличается от базового гаплотипа дерева на 2.13 мутаций, что дает ИХ общего предка примерно 2700 ± 500 лет назад. Это в пределах ошибки расчетов перекрывается с «возрастом» общего предка всего дерева, 2150 ± 300 лет.

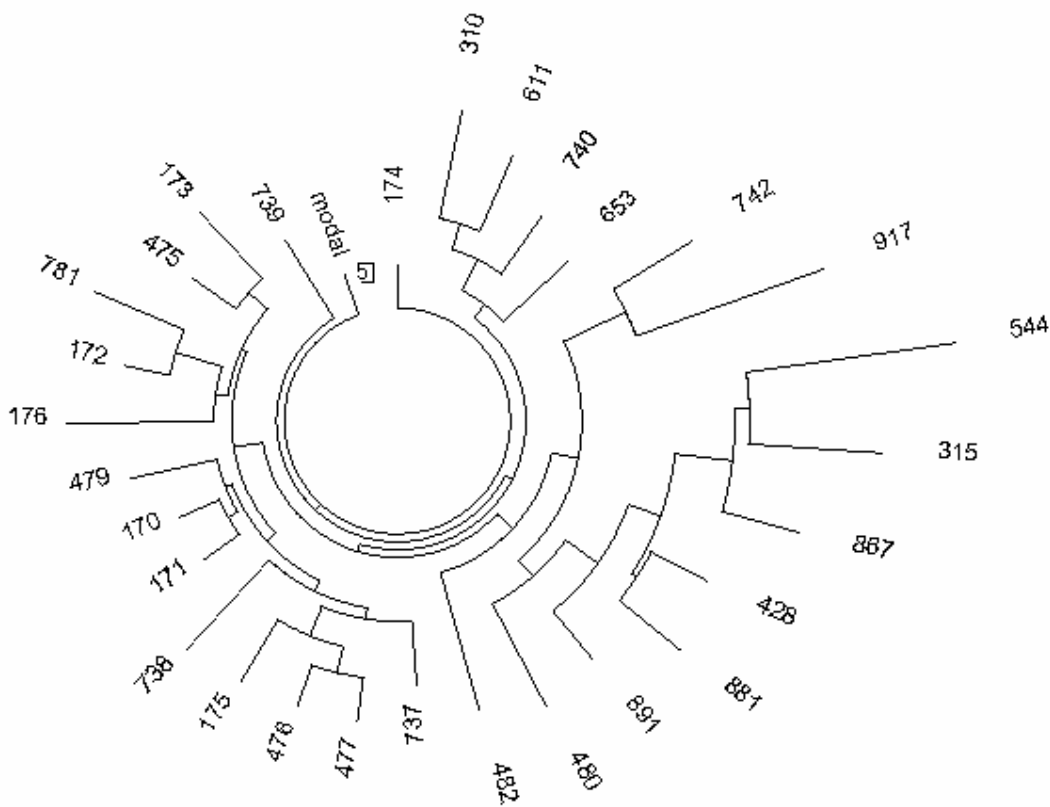


Рис. 28. Дерево из 29 25-маркерных гаплотипов R1a1 западно-карпатской ветви. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Евразийские гаплотипы

Евразийские гаплотипы представлены на общем дереве гаплотипов R1a1 шестью ветвями, расположенными по верхней части окружности дерева (рис. 9). Они различаются территориями преимущественного пребывания

их потомков, то есть наших современников, базовыми гаплотипами и временем жизни их общих предков. В отличие от европейских ветвей с их довольно хорошо выраженной структурой, отнесение конкретного гаплотипа к той или иной евразийской ветви не всегда однозначно в силу принципа неопределенности. Однако, проверка показала, что при добавлении или изъятии таких «колеблющихся» гаплотипов базовые гаплотипы ветвей не меняются, что говорит об их стабильности. Принцип неопределенности выражается в том, что границы ареалов евразийских ветвей оказываются более размыты по сравнению с европейскими.

Евразийские гаплотипы - балто-карпатская ветвь



Карта 8. Гаплотипы балто-карпатской ветви.

География. Гаплотипы ветви распространены на значительной части Европы, но наиболее компактно - в польском Поморье, Литве и Карпатах, что послужило основанием для ее наименования. Ветвь также заметно

представлена на территории Германии (10% гаплотипов R1a1) и в Англии. В этническом составе преобладают поляки (19% польских R1a1 относятся к этой ветви), но есть представители почти всех европейских наций.

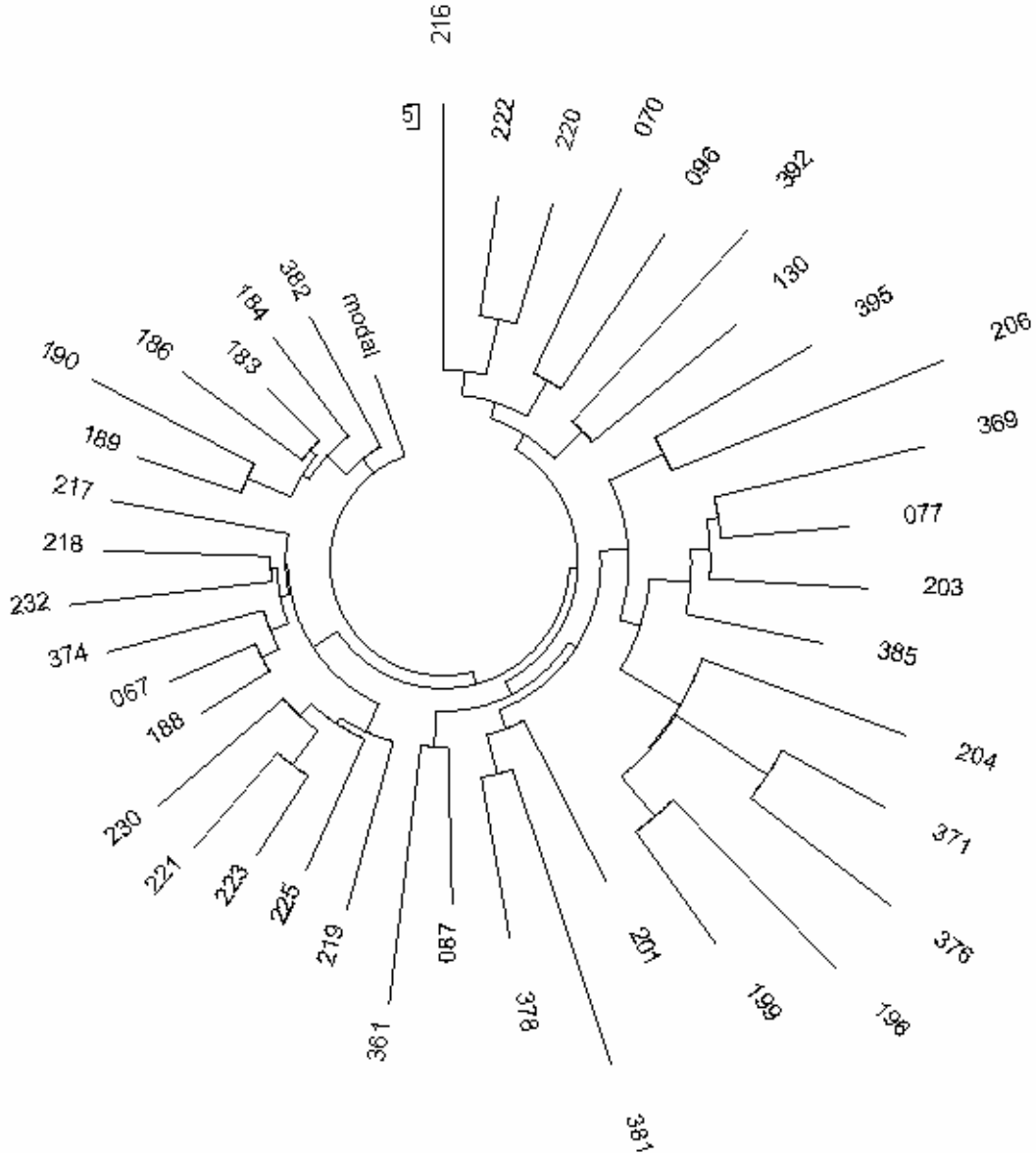


Рис. 29. Дерево из 40 67-маркерных гаплотипов балто-карпатской ветви Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Филогения. Эта ветвь гаплотипов расположена слева внизу на рис. 9. В ней 40 67-маркерных гаплотипов (рис. 29), 72 37-маркерных (рис. 30) и 86 25-маркерных гаплотипов (рис. 31), то есть она вполне представительна для

проведения расчетов. К тому же проверка на одного общего предка показала отношение коэффициентов логарифмического и линейного методов, равное 1.095. Это показывает - с точностью до 10% - что для всех гаплотипов дерево общий предок действительно один.

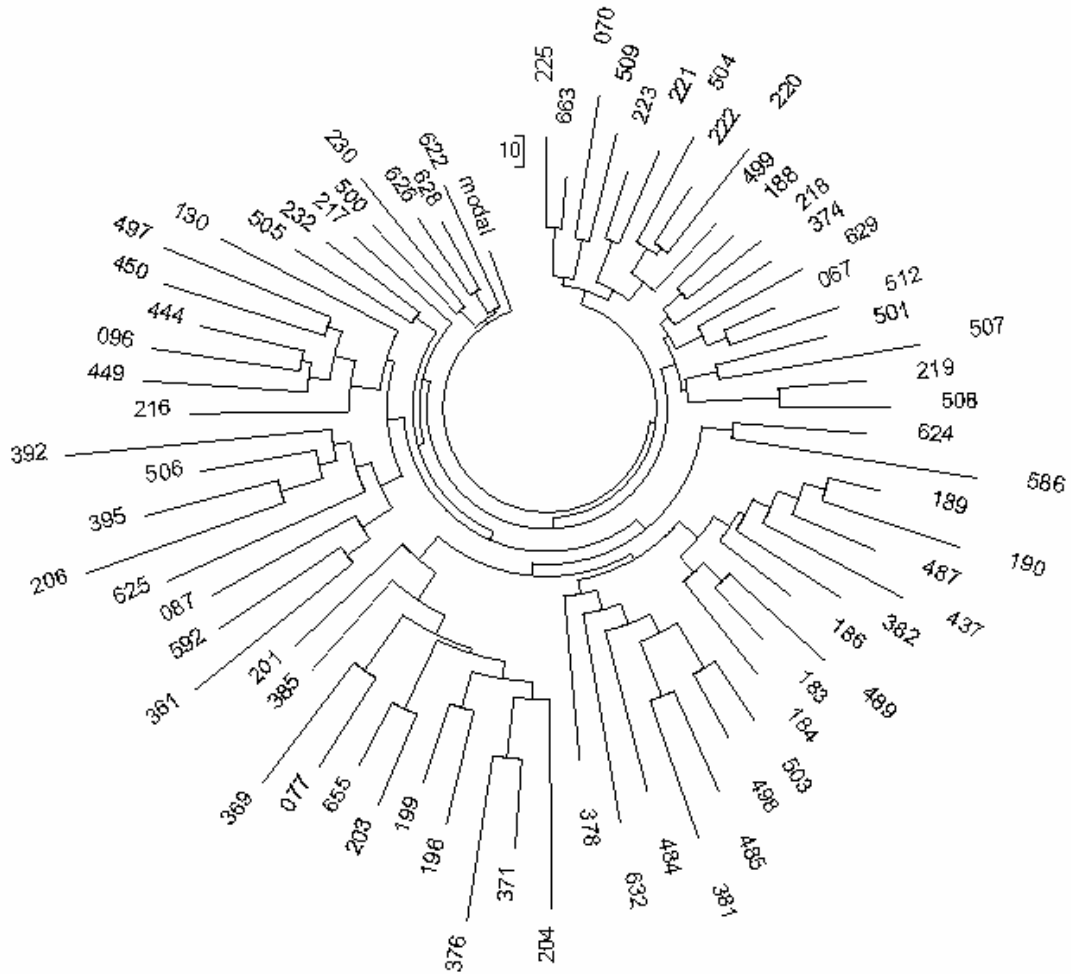


Рис. 30. Дерево из 72 37-маркерных гаплотипов балто-карпатской ветви Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов - база данных YSearch.

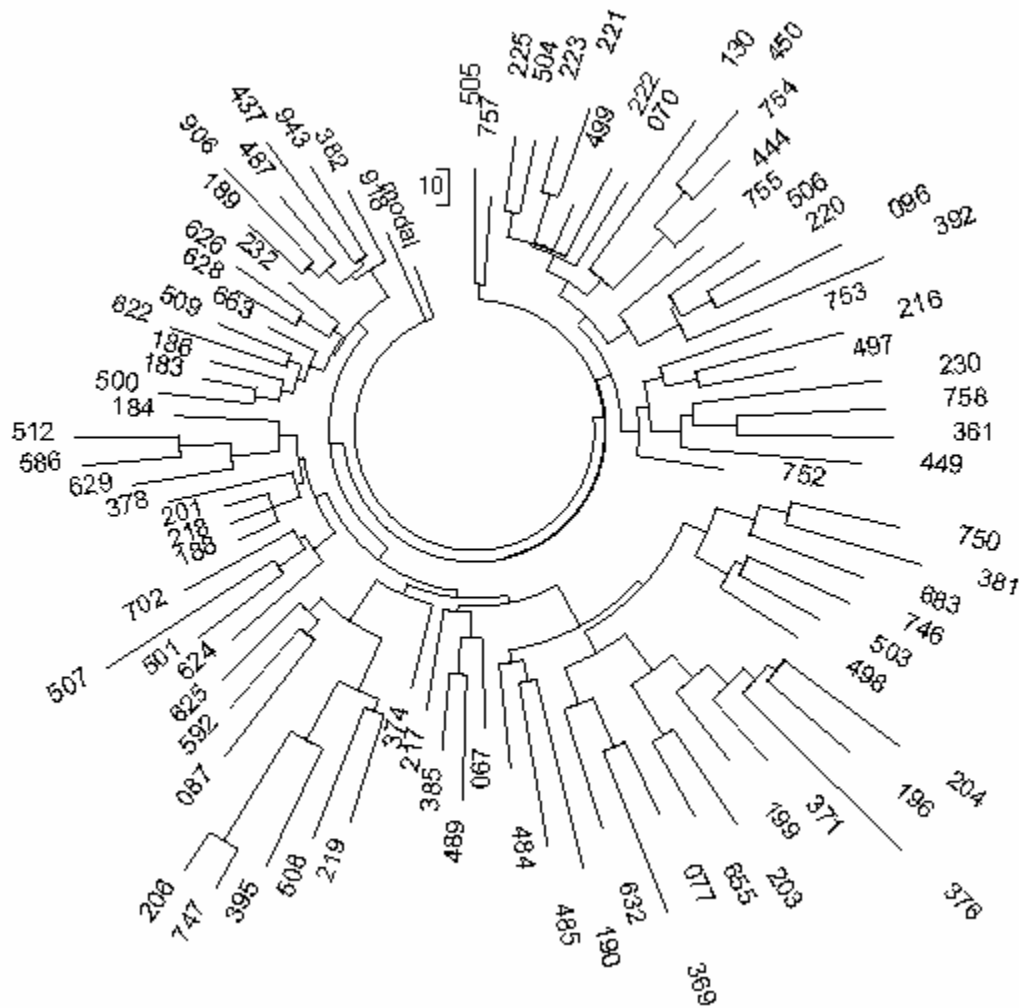


Рис. 31. Дерево из 86 25-маркерных гаплотипов балто-карпатской ветви Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Все 86 25-маркерных гаплотипов содержат 372 мутации при отсчете от базового гаплотипа

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

что указывает на общего предка всей серии, который жил 2625 ± 290 лет назад. Это – опять середина 1-го тысячелетия до н.э. Напомним, что общий предок носителей центрально-европейских гаплотипов жил 2725 ± 300 лет назад, и западнославянских – 2575 ± 300 лет назад. Похоже, что в это время произошел или грандиозный катаклизм, или грандиозное истребление носителей гаплогруппы R1a1, и избежавшие это несчастье люди

продолжили генеалогические линии R1a1 уже на новых местах, что и дало центральноевропейскую (ЦЕ), западнославянскую (ЗС) и евразийскую (балто-карпатскую, БК) ветви. Эти три (условно говоря) человека имели гаплотипы соответственно

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** ЦЕ
13 25 **17** 10 **10** 14 12 12 10 13 11 30 -- 16 9 10 11 11 23 14 20 **31** 12 15 **16** 16 ЗС
13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- **15** 9 10 11 11 **24** 14 20 32 **13** 15 15 16 БК

Они довольно близки, и различаются на 10 мутаций (отмечено) от ИХ предкового гаплотипа

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

Интересно, что базовый гаплотип общего предка восточных славян

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

отличается от него всего на две мутации (отмечены), и единственный сохраняет четверку DYS464 (последние четыре маркера). Это увеличивает число мутаций от гаплотипа первопредка (в данном контексте) до 12, и помещает общего предка всех четырех базовых гаплотипов, приведенных выше, на 1750 лет раньше выживших основателей четырех данных линий, то есть жил он примерно 4900 лет назад. Это и есть время жизни общего предка восточных славян R1a1, время прихода их на Русскую равнину.

Возвращаемся к балто-карпатским евразийским гаплотипам. Характерная их мутация – в маркере DYS464a = 13. Из всех 86 гаплотипов данной серии эта аллель находится в 65 гаплотипах, то есть ровно три четверти гаплотипов данной серии имеют аллель 13 в данном маркере. Остальные характерные мутации, DYS458=15 и DYS447=24 – такие же, как и у восточных славян.

На первый взгляд может показаться, что 67-маркерное дерево имеет характерные и отдельные ветви в верхней левой и правой части. Но эти ветви не имеют каких-либо ярких отличий, и те суммарные отличия, которые они имеют, рассыпаны по всему дереву в других ветвях и гаплотипах. Например, верхняя правая ветвь из семи гаплотипов имеет базовый гаплотип

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

который отличается от базового гаплотипа всего дерева на две аллели в последней четверке, но это очень «быстрые» маркеры, и изменения могут быть совершенно случайными. Так оно и есть, поскольку такие же аллели есть и в других ветвях. Сочетание именно двух указанных мутаций и создало отдельную ветвь, с фантомным (или настоящим) предком 2025 ± 460 лет назад (24 мутации в отмеченных семи гаплотипах). Аналогичная ситуация и в ветви слева вверху – опять мутации в той же «быстрой» четверке DYS464a,b,c,d, и также «быстром» соседнем маркере (выделено):

13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **31** 13 15 15 **15**

«Фантомный» или настоящий предок этой ветви жил 1250 ± 370 лет назад. Видимо, эти небольшие отклонения и смещает отношение коэффициентов логарифмического и линейного методов от 1.000 к 1.095 в данном случае.

67-маркерный базовый гаплотип балто-карпатских евразийцев гаплогруппы R1a1 имеет вид

13 25 **16** 10 **11** 14 12 12 10 13 11 30 -- **15** 9 10 11 11 **24** 14 20 **32 13** 15 **15** 16 –
11 11 19 23 16 16 18 **17 34 38** 14 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 **11** 10 12 22 22 15 10 12 12
13 8 14 **23** 21 12 12 11 13 **11** 11 12 13

Здесь отмечены мутации по сравнению с базовым гаплотипом западных славян, их 15 на всех 67 маркерах. По сравнению с базовым центрально-европейским – 18 мутаций. С базовым гаплотипом евреев – 18 мутаций. Со скандинавским базовым гаплотипом (старая ветвь) – 13 мутаций.

Евразийские гаплотипы - южная ветвь



Карта 9. Гаплотипы южной евразийской ветви.

География. Ветвь распространена на большой территории от Шотландии до Индии. Однако, на территории Русской равнины почти не представлена, как бы обходя ее с юга, что и послужило мотивом дать ветви такое, несколько условное, название. Ни в одном из регионов она не является доминирующей, составляя несколько процентов от всех R1a1. В ее этническом составе относительно большой процент англичан, видимо, потому что в коммерческих базах данных они представлены намного больше представителей других регионов.

Филогения. Южная ветвь евразийских гаплотипов имеет следующий базовый 67-маркерный гаплотип

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 -
 11 11 19 23 16 16 17 18 34 39 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12
 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Он весьма похож на базовый гаплотип балто-карпатской ветви, и отличается от него всего на две мутации в первых 25 маркерах, и на восемь мутаций во всех 67 маркерах (мутации выделены).

13 25 **16** 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 **13** 15 15 16 -
 11 11 19 23 16 16 **18 17** 34 **38 14** 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 **10** 12 12
 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Это разводит их общих предков на 1150 ± 820 и 1450 ± 530 лет, соответственно, что совпадает в пределах погрешности оценок. Для того, чтобы оценить «возраст» общего предка обеих евразийских групп, определим сначала когда жил общий предок второй группы, южных евразийцев.

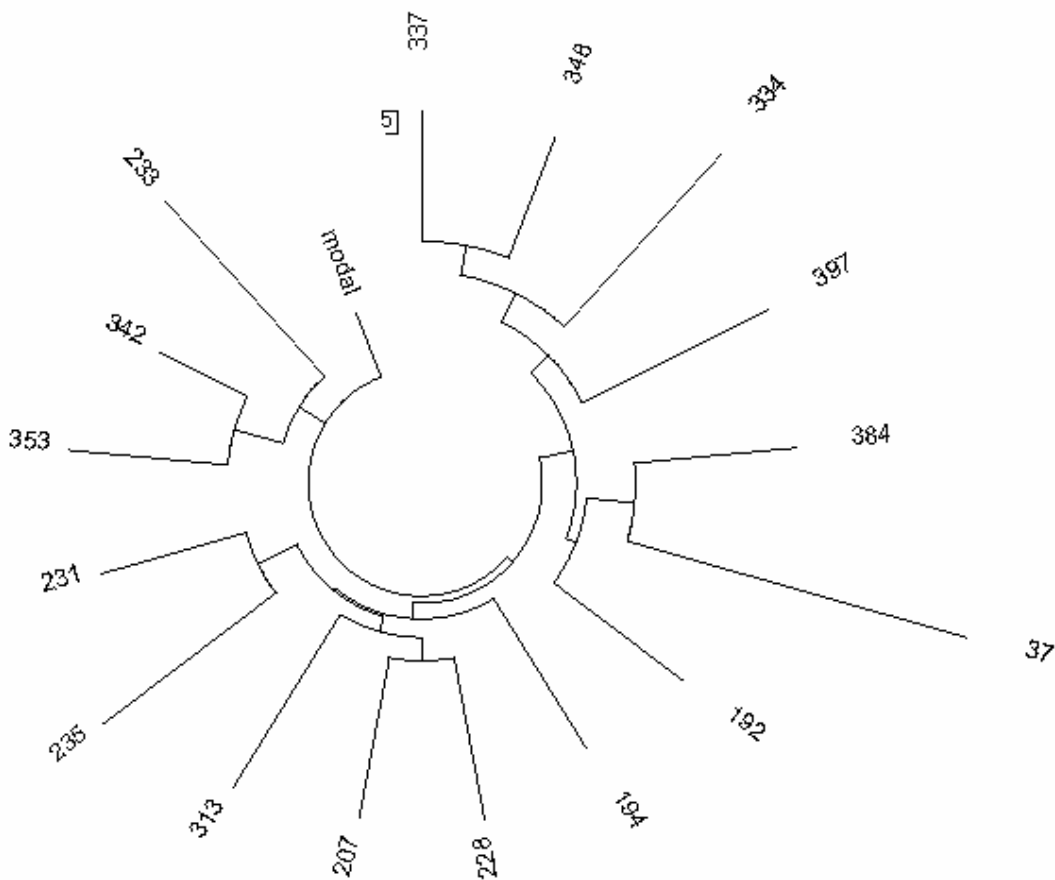


Рис. 32. Дерево из 16 67-маркерных гаплотипов южной Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Деревья их гаплотипов в трех разных форматах (протяженности) представлены на рис. 32-34. Отношение коэффициентов логарифмического и линейного метода для данной серии гаплотипов равно 0.996, то есть для всей серии общий предок с хорошей достоверностью один. Тем не менее, на все трех деревьях видна отдельно отстоящая ветвь – из трех гаплотипов слева вверху на рис. 32 (67-маркерные гаплотипы), из пяти гаплотипов (включающих предыдущие три) на рис. 33 (37-маркерные гаплотипы), и из 11 гаплотипов (включающих предыдущие пять) на рис. 34 (25-маркерные гаплотипы). Иначе говоря, ветвь вполне стабильная. Но поскольку общий предок для всего дерева один, эта ветвь, скорее всего, дочерняя.

Проверим это. Все 40 гаплотипов в 25-маркерной серии имеют 168 мутаций от базового гаплотипа

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

что указывает на время жизни их общего предка 2550 ± 320 лет назад. Это опять середина 1-го тысячелетия до н.э., время «бутылочного горлышка» популяции R1a1 в Европе.

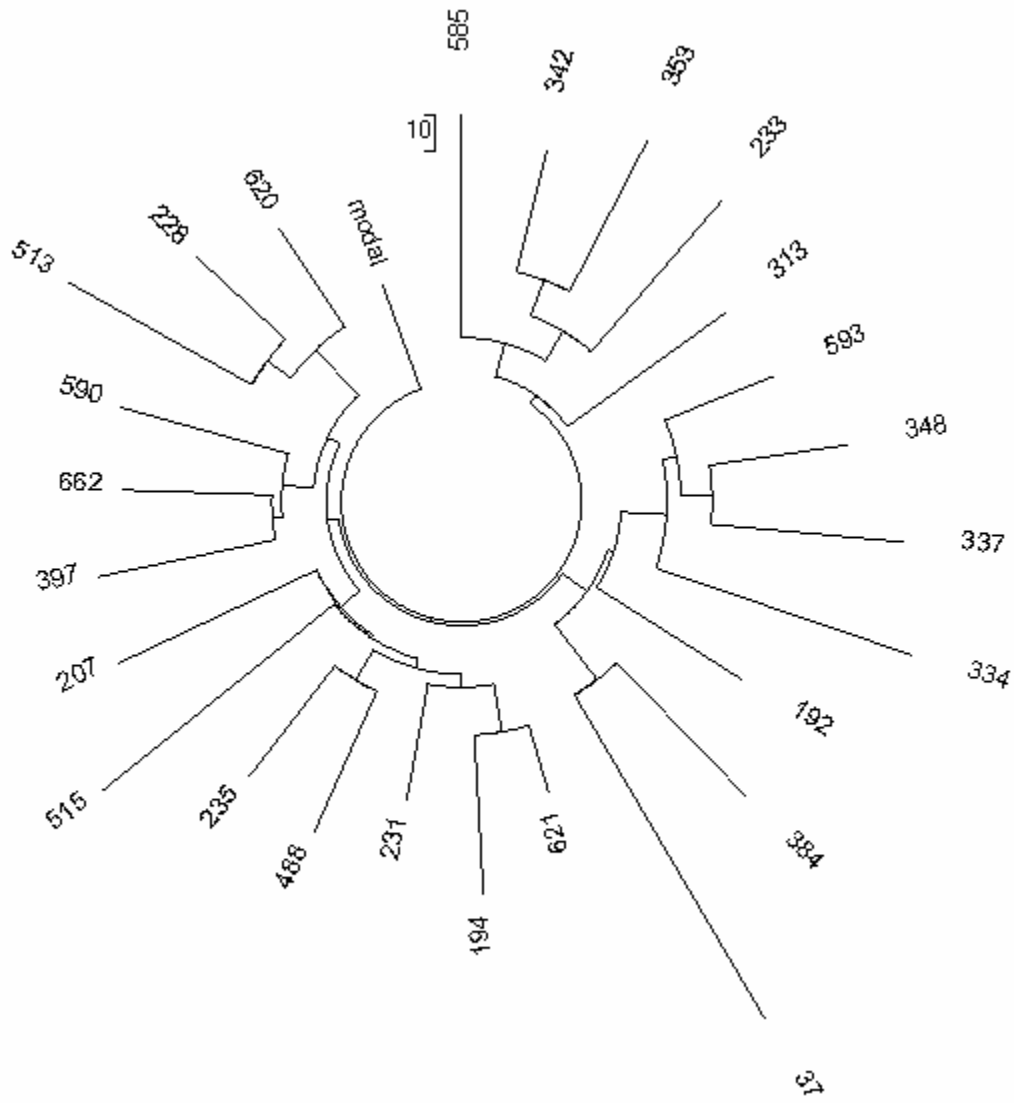


Рис. 33. Дерево из 25 37-маркерных гаплотипов южной Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

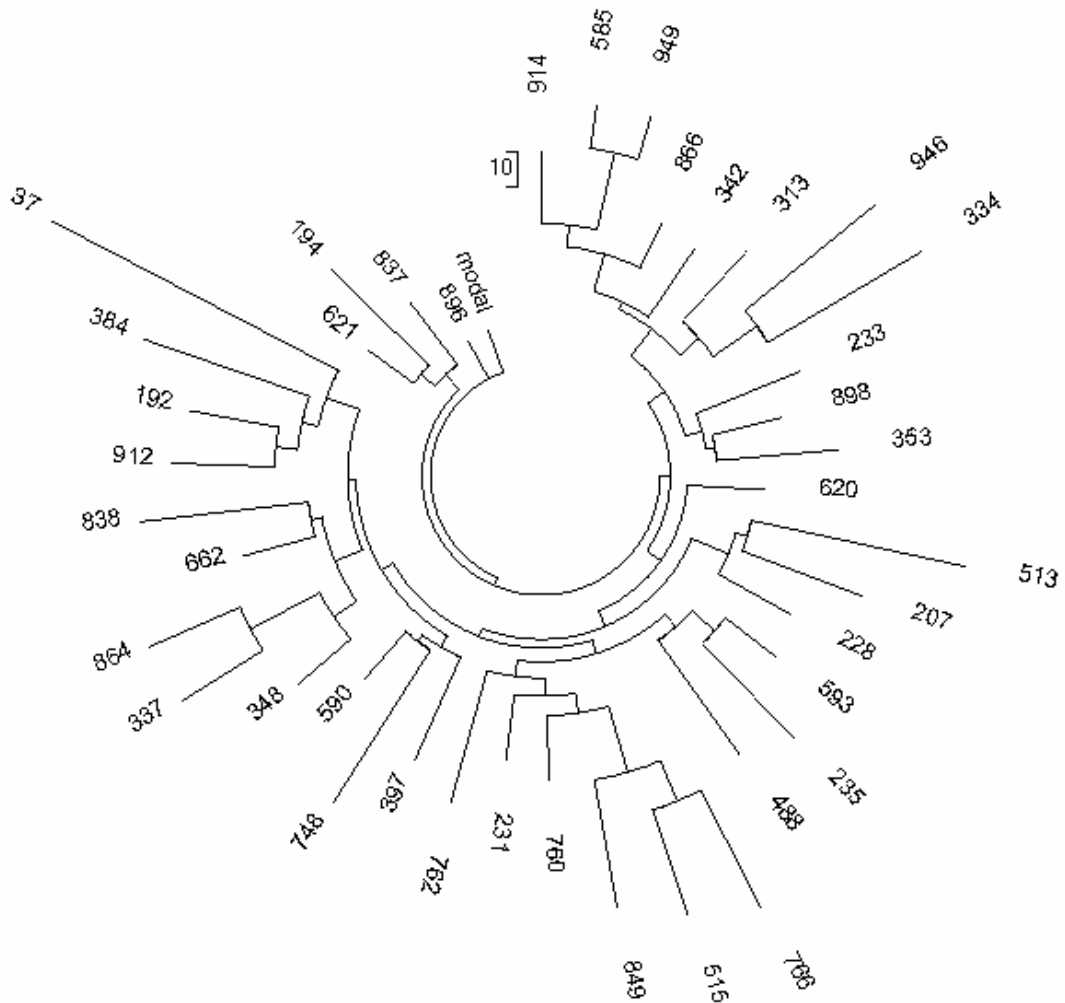


Рис. 34. Дерево из 40 25-маркерных гаплотипов южной Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Ветвь из 11 гаплотипов, которая сидит несколько отдельно на всех трех деревьях, имеет 36 мутаций от базового гаплотипа

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

Вот и основная причина ее выделения на дереве – одна мутация (выделено). На самом деле эта аллель равна 9.27. Эти 36 мутаций приводят к величине 1950 ± 380 лет до общего предка ветви.

Остальные 29 гаплотипов 25-маркерного дерева имеют 127 мутаций от базового гаплотипа

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

который и есть базовый гаплотип всего дерева. Выделенная аллель на самом деле (усредненно) равна 9.93, так что разница между этими аллелями 0.66 мутации. 127 мутаций указывают на время жизни общего предка большой ветви 2650 ± 350 лет назад. Это – то же самое, в пределах погрешности расчетов, что и время жизни общего предка всего дерева. 0.66 мутаций между двумя ветвями определяет ИХ общего предка примерно на 2500 лет назад. Это и есть общий предок всего дерева (2550 ± 320 лет назад). Так что, как и предполагалась, боковая ветвь из 11 гаплотипов – это и есть дочерняя, молодая ветвь, берущая начало в начале нашей эры. Ее 67-маркерный гаплотип – следующий:

13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 **9** 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 --
11 12 19 22(23) 16 16 17(18) 18(19) 34 **38** 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22
15 11 12 12 13 8 **13** 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Выделены мутации от основного базового гаплотипа дерева. Их всего три на 67 маркеров. Это разделяет общих предков дочерней «молодой» ветви и всего дерева на 525 ± 310 лет. Это вполне согласуется с разницей между 2550 ± 320 лет назад (общий предок всего дерева) и 1950 ± 380 лет назад (общий предок «молодой» ветви).

Евразийские гаплотипы - западная ветвь



Карта 10. Гаплотипы западной евразийской ветви.

География. Гаплотипы ветви рассеяны практически по всей Европе, но не отмечены восточнее Волги, что дало основание дать для нее такое название. Как и южная евразийская ветвь, во всем своем ареале составляет меньшинство, максимум 8% среди восточных славян. Этнический состав разнообразный, некоторый перевес у славян.

Филогения. Первая ветвь на дереве гаплотипов (при движении против часовой стрелки на рис. 9) – западная евразийская ветвь. Она небольшая, и представлена на рис. 35-37 в виде деревьев гаплотипов разной протяженности. Базовый 67-маркерный гаплотип серии гаплотипов имеет вид:

13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 –
 11 11 19 23 16 16 17 19 35 40 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12/13

Он умеренно похож на базовый гаплотип балто-карпатской ветви, и отличается от него на три мутации в первых 25 маркерах, и на 12 мутаций во всех 67 маркерах:

13 25 16 **10** 11 14 12 12 **10** 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 **13** 15 15 16 –
 11 11 19 23 16 16 **18 17 34 38 14** 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 **13**

По сравнению с южно-евразийским базовым гаплотипом у него три мутации в первых 25 маркерах, и 9 мутаций во всех 67 маркерах:

13 25 **15 10** 11 14 12 12 **10** 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 –
 11 11 19 23 16 16 17 **18 34 39** 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 **11** 12 12
 13 8 **14** 23 21 12 12 11 13 11 11 12 **13**

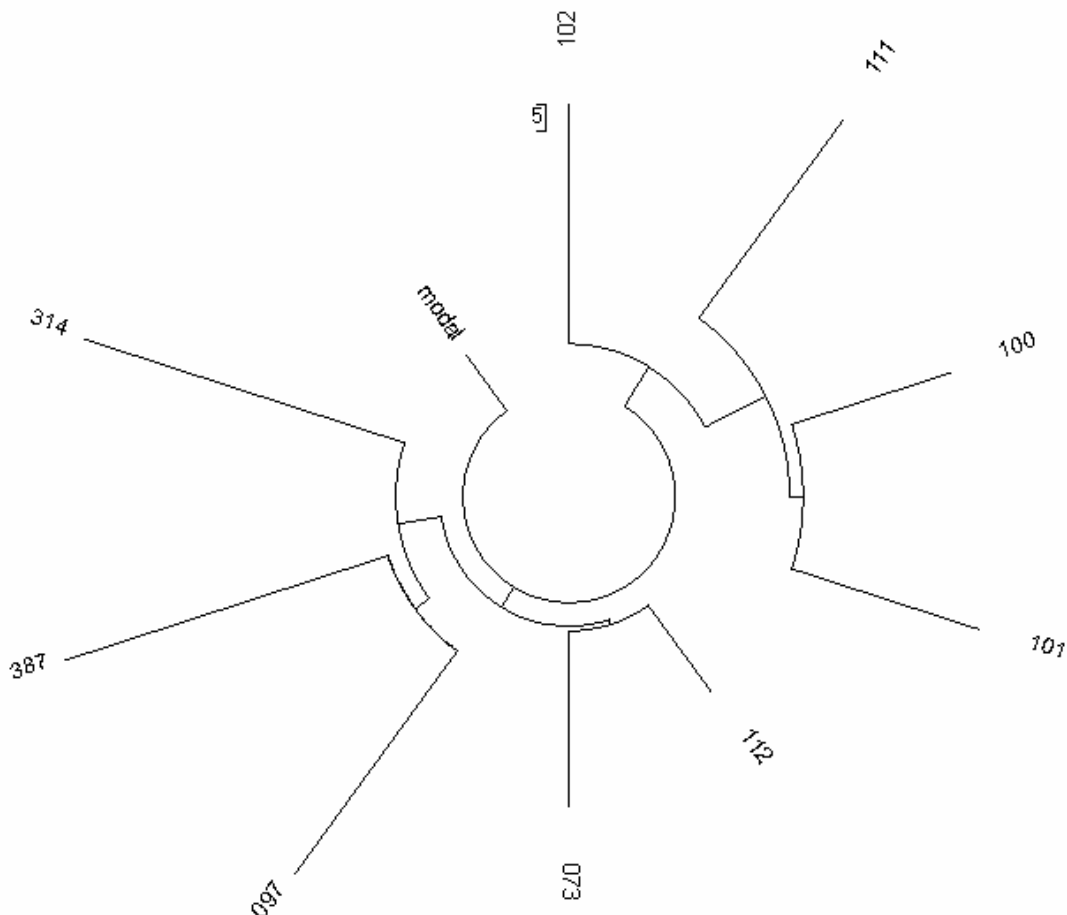


Рис. 35. Дерево из 9 67-маркерных гаплотипов западной Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

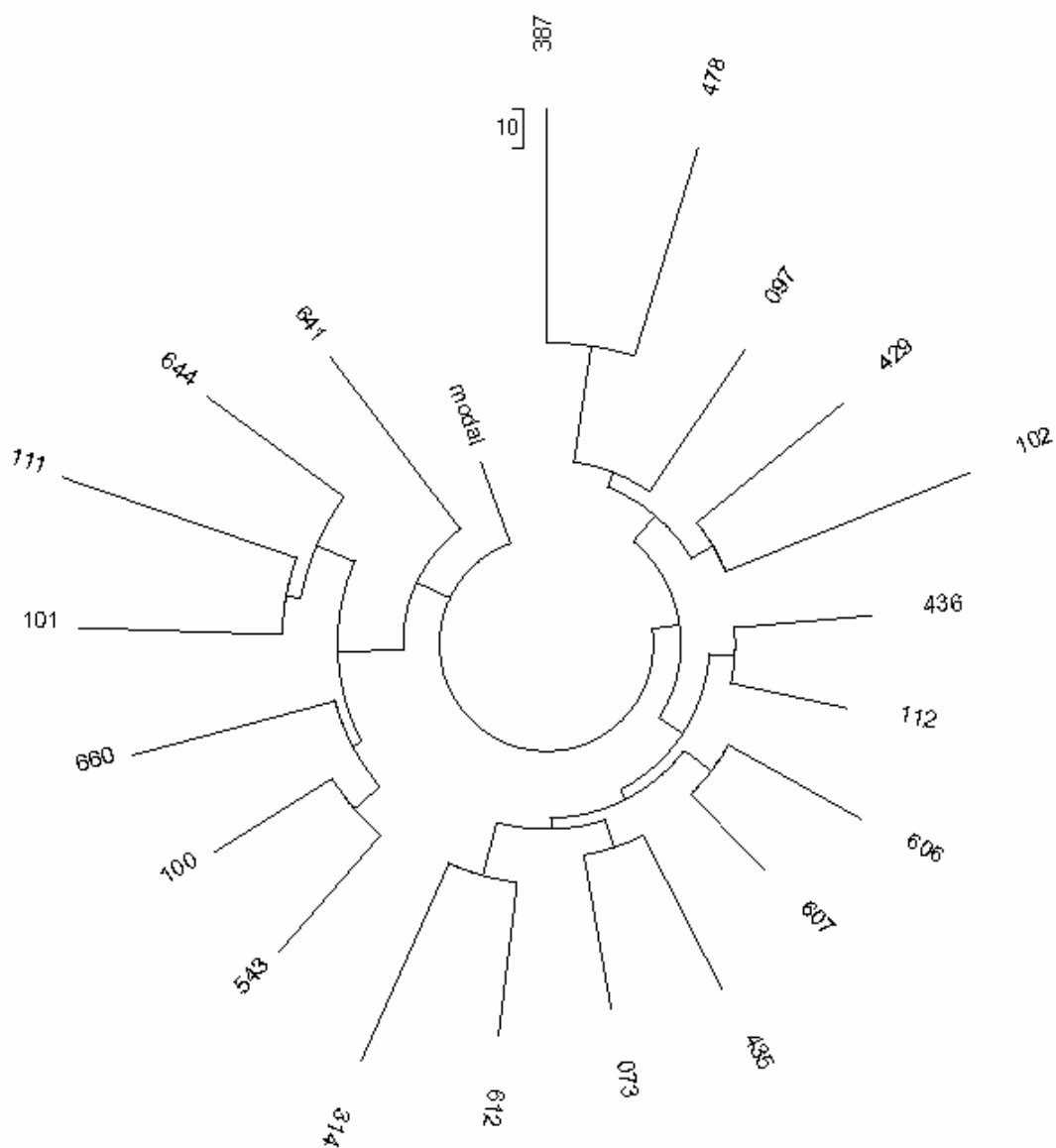


Рис. 36. Дерево из 20 37-маркерных гаплотипов западной Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

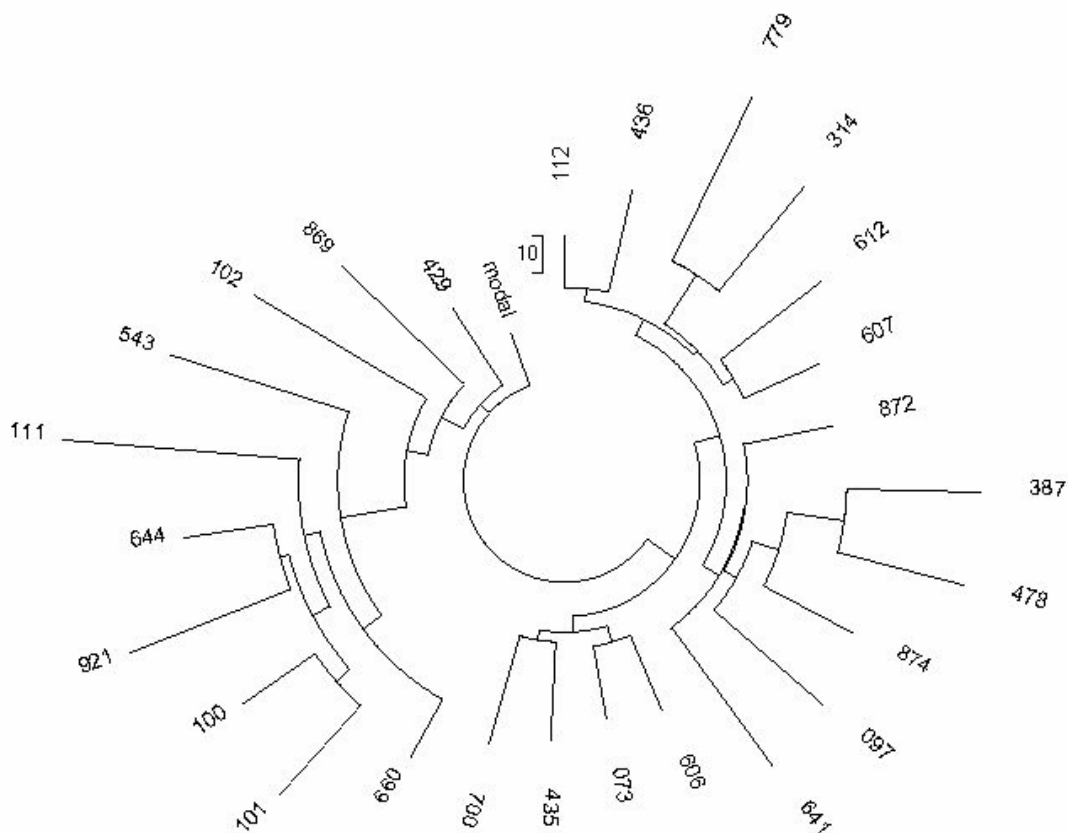


Рис. 37. Дерево из 27 25-маркерных гаплотипов западной Евразии гаплогруппы R1a1. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Видно, что 67-маркерное дерево (рис. 35) четко разделяется на две ветви, с четырьмя и пятью гаплотипами, и эти ветви в целом сохраняются при укорачивании гаплотипов вплоть до 25-маркерных, с добавлением еще одной малой ветви, в нижней части дерева (рис. 37). Эта малая ветвь имеет всего 6 мутаций от базового гаплотипа

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

что показывает время жизни предка ветви 850 ± 360 лет назад. Ветвь из 10 гаплотипов слева на рис. 37 имеет 43 мутации от базового гаплотипа ветви

13 25 **17** 11 11 **13** 12 12 11 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **33 13 15** 15 16

что дает время жизни общего предка ветви 2600 ± 470 лет назад.

Ветвь справа из 12 гаплотипов имеет 38 мутаций от базового гаплотипа

13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 **29** -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 14 15 16

что дает 1850 ± 350 лет до общего предка ветви.

Расчеты показывают, что малая ветвь внизу – дочерняя левой ветви. Между ними всего одна мутация (выделено), что дает примерно 1625 лет до ИХ общего предка. Это в пределах погрешности расчетов совпадает с «возрастом» самой правой ветви. С левой ветвью разница в мутациях более значительна.

Правая и левая ветви различаются на 3.25 мутаций в их базовых гаплотипах, что дает примерно 2700 лет до ИХ общего предка.

Поскольку веса (количество гаплотипов) в обеих ветвях близко друг к другу, можно полагать, что количество мутаций во всех гаплотипах дерева может с хорошей надежностью определить время жизни общего предка, не идя путем сравнения отдельных ветвей. Так и получилось. Все 26 гаплотипов содержат 118 мутаций от базового гаплотипа

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

что дает 2750 ± 370 лет до общего предка, и практически совпадает с расчетом по отдельным ветвям. Более того, коэффициент отношения логарифмического и линейного методов для данной серии гаплотипов равен 1.003, что опять указывает на одного общего предка для всей серии гаплотипов.

Полученное время жизни общего предка данной серии гаплотипов, или начала его генеалогической линии после прохождения «бутылочного горлышка» популяции - опять середина 1-го тысячелетия до н.э., время природных катаклизмов или истребления европейских R1a1, как отмечалось выше.

Евразийские гаплотипы - центральная ветвь



Карта 11. Гаплотипы центральной евразийской ветви.

География. Как следует из названия, ветвь занимает центральное положение среди евразийских ветвей как по численности, так и по размеру ареала. Гаплотипы, к ней относящиеся, составляют от 10 до 20% от R1a1 в различных европейских регионах, достигая 27% у восточных славян, 29% в Шотландии и более 50% в Индии. В этой ветви представлены практически все основные европейские нации и многие азиатские. Исключение составляют жители Балканского полуострова, среди которых центрально-евразийских гаплотипов пока не отмечено.

Филогения. В отличие от остальных, довольно компактных ветвей, гаплотипы R1a1 центрального евразийского региона распадаются на несколько подветвей, расположенных по кругу общего дерева (рис. 9). Однако, все они, как будет показано ниже, сходятся к следующему 67-маркерному базовому гаплотипу этой серии:

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 –
11 11 19 23 16 16 18 19 34 39 12 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Он может рассматриваться как предковый гаплотип для остальных трех евразийских ветвей – балто-карпатской, южной и западной, у которых по отношению к предковому гаплотипу центрального евразийского региона есть только единичные мутации. Так,

- балто-карпатский базовый гаплотип имеет характерную мутацию DYS464a=13 (этих аллелей 75% во всей серии гаплотипов этой ветви); у гаплотипов центральной Евразии, напротив, аллели «12» там 75%),
- южные евразийские гаплотипы имеют характерную мутацию DYS19=15 (90% таких гаплотипов в серии; в гаплотипах центрального региона аллель «16», напротив, имеется в 73% гаплотипов),
- западные евразийские гаплотипы имеют характерную мутацию DYS439=11 (почти все гаплотипы в серии, точнее, 96% гаплотипов; в гаплотипах центрального региона аллель «10», напротив, имеют 86% от всех в серии).

В базовом гаплотипе центральной Евразии таких мутаций, отличающихся от всех остальных трех евразийских базовых гаплотипов, среди 67 маркеров не наблюдается. Суммарно остальные три базовых гаплотипа отличаются от предкового гаплотипа центральной Евразии всего на 5 мутаций на первых 25 маркерах. Это удаляет время жизни общего предка всего на 700 лет от усредненного времени жизни всех четырех общих предков данных серий. К этим 700 годам мы еще вернемся.

что дает 3225 ± 340 лет до общего предка для всей серии. Это уже конец 2-го тысячелетия до н.э., заметно раньше, чем середина 1-го тысячелетия для всех остальных трех серий евразийских гаплотипов.

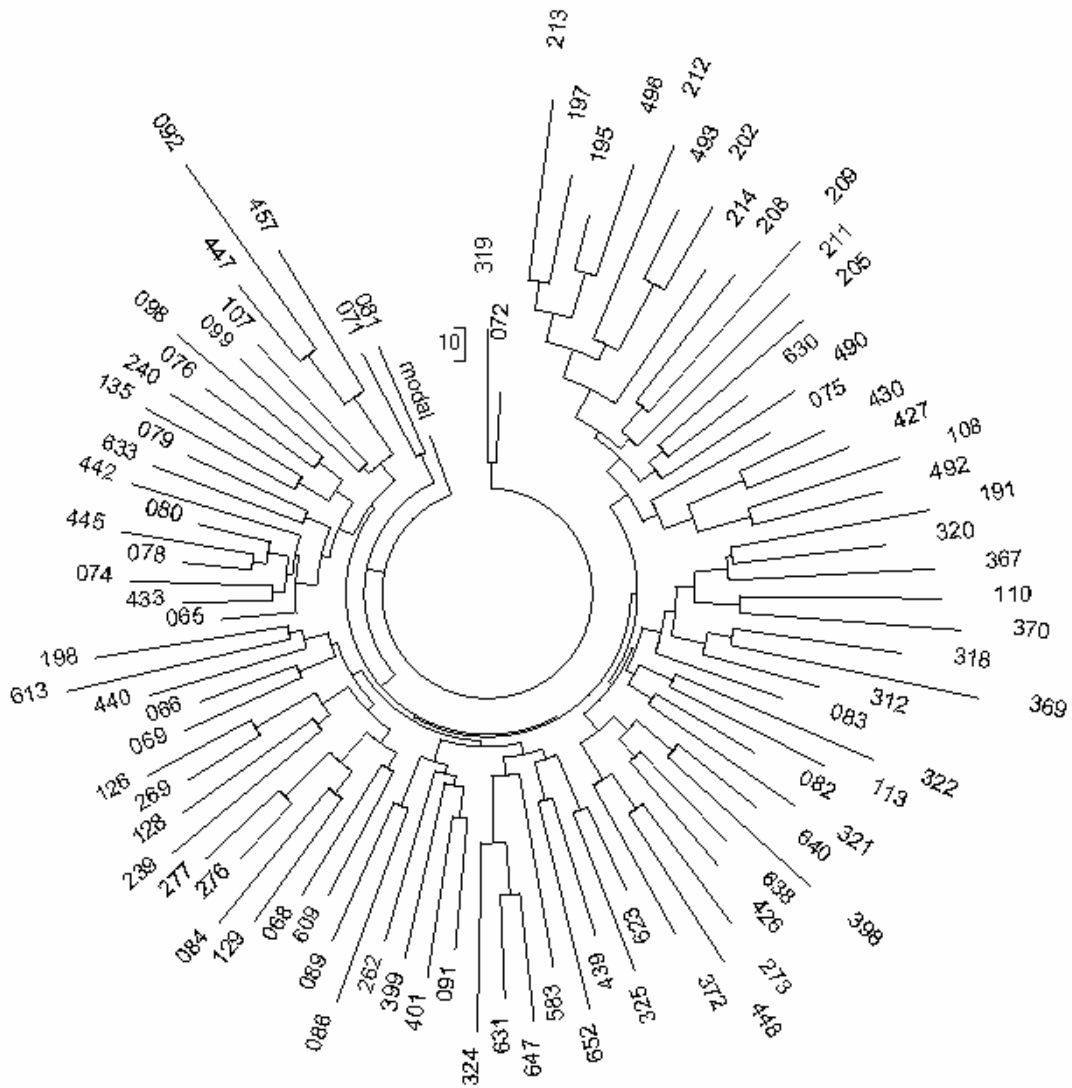


Рис. 39. Дерево из 90 37-маркерных гаплотипов R1a1 центральной Евразии. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Таким образом, усредненное время жизни общих предков для всех четырех евразийских серий гаплотипов равно 2775 лет назад, и добавляя к этому 700 лет (см. выше) получаем, что общий предок всех четырех серий жил примерно 3475 лет назад. Это в пределах ошибки расчетов и есть время жизни общего предка R1a1 центральной Евразии (3225 ± 340 лет назад).

что дает общего предка ветви 2475 ± 460 лет назад. Это – частная, более молодая ветвь на дереве. Выделены три мутации по сравнению со всем остальным деревом, но фактически это разница в 2.45 мутации, если считать средние дробные величины аллелей. Это помещает общего предка дерева примерно на 3600 лет назад.

Вторая ветвь, которую можно рассмотреть как пример – это ветвь из 10 гаплотипов слева внизу на 25-маркерном дереве (рис. 38), между номерами 084 и 712. На карте ей соответствуют маркеры с точками. В ней – 41 мутаций от базового гаплотипа ветви

13 **24**/25 16 11 11 **15** 12 12 10 **14** 11 31 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16

что дает общего предка ветви 2475 ± 460 лет назад. Как видно, это тоже частный, более «молодой» общий предок. Базовый гаплотип отличается на 1.6 мутации от всего дерева, что помещает общего предка примерно на 3300 лет назад. Это тоже в пределах погрешности расчетов с временем жизни общего предка для всего дерева (3225 ± 340 лет назад), как и должно быть в случае правильного дерева.

Еще ветвь, которую можно рассмотреть в качестве примера – это ветвь из 12 гаплотипов внизу на 25-маркерном дереве (рис. 40), между номерами 312 и 609. На карте ей соответствуют светло-серые маркеры. В ней – 41 мутация от базового гаплотипа ветви

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 **9**/10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16

что дает общего предка ветви 2025 ± 460 лет назад. Это тоже частный, более «молодой» общий предок. Базовый гаплотип отличается на 1.5 мутации от остальной части дерева, что помещает общего предка примерно на 3050 лет назад. Это тоже в пределах погрешности расчетов с временем жизни общего предка для всего дерева. Любопытно, что гаплотипы из этой относительно молодой подветви дают самое близкое совпадение с ископаемыми R1a1 из Германии (Эйлау) по тем маркерам, что типировались у последних.

Аналогично, ветвь из 12 гаплотипов слева на дереве 25-маркерных гаплотипов (между 091 и 110) и соседняя с ветвью (084-712), рассмотренной выше, содержит 60 мутаций от базового гаплотипа

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

что дает 3050 ± 500 лет до общего предка. Это – одна из старейших ветвей на дереве гаплотипов центральной Евразии, и она интересна тем, что в ее составе индиец (Al1, гаплотип 110). В этой же ветви и гаплотип одного из авторов этой статьи наряду с другими этническими русскими, в также немцем, сербом, англичанином, поляком, скандинавами и арабом, который полагает (частное сообщение), что он – далекий потомок невольника с Русской равнины .

Серия из четырех 25-маркерных (и более протяженных) гаплотипов гаплогруппы R1a1, представленная организаторами казахского проекта по ДНК-генеалогии www.elim.kz, включает казахский род торе, киргизский род, татарский род и казахский неидентифицированный род. Все четыре гаплотипа содержат 21 мутацию в первых 25 маркерах от базового гаплотипа

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 –
11 11 19 23 16 16 18 19 34 39 14 11 – 11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
13 8 14 22 21 12 12 11 13 11 11 12 13

что указывает, что общий предок всех четырех человек жил 3250 ± 780 лет назад.

Этот гаплотип отличается всего на четыре мутации (выделены) от базового центрально-евразийского гаплотипа (запад Русской равнины):

13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 –
11 11 19 23 16 16 18 19 34 39 **12** 11 – 11 8 17 17 8 **12** 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
13 8 14 **23** 21 12 12 11 13 11 11 12 13

общий предок которого жил 3225 ± 340 лет назад. Четыре мутации на 67 маркеров при практически одинаковой дате общего предка показывают, что общий предок– этих базовых гаплотипов жил примерно 3600 лет назад, что попадает в погрешность расчетов. Таким образом, путь для носителей R1a1 с западной части Русской равнины до Центральной Азии занял всего несколько сотен лет, приведя, видимо, к созданию андроновской археологической культуры.

Евразийские гаплотипы - северная ветвь



Карта 12. Гаплотипы северной евразийской ветви. Маркеры без точки отмечают гаплотипы, отнесенные к этой ветви, но не использовавшиеся в расчете возраста из-за пропусков аллелей в исходных данных.

География. Наряду с рассмотренными ранее ветвями ашкенази и западных славян, эта ветвь очень однородна по этническому составу – абсолютное большинство в ней составляют восточные славяне, среди которых она вторая-третья по численности (24%), уступая только гаплотипам центральной Евразии. Соответственно, ее ареал – Россия, Украина и Белоруссия с единичными вкраплениями в Польше, Румынии и Словении.

Филогения. Ветвь на дереве гаплотипов R1a1 расположена вблизи от ветви гаплотипов центрально-евразийского региона (рис. 9). Ее базовый 67-маркерный гаплотип имеет вид (выделены мутации по отношению к базовому гаплотипу центральной Евразии):

13 25 16 11 11 **15** 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 **25** 14 20 32 12 **14 14** 16 –
12 12 19 23 **15** 16 18 **20 34 38 13** 11 – **12** 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
 13 8 **13 23 22** 12 12 11 13 11 11 12 13

По сравнению с другими ветвями евразийских гаплотипов R1a1, и несмотря на свое близкое расположение к ветви центральной Евразии, северная ветвь весьма значительно отличается от последней, а именно на 4 мутации в 25-маркерных гаплотипах, и на 13 мутаций на всех 67-маркерных базовых гаплотипах. Деревья гаплотипов приведены на рис. 41-43.

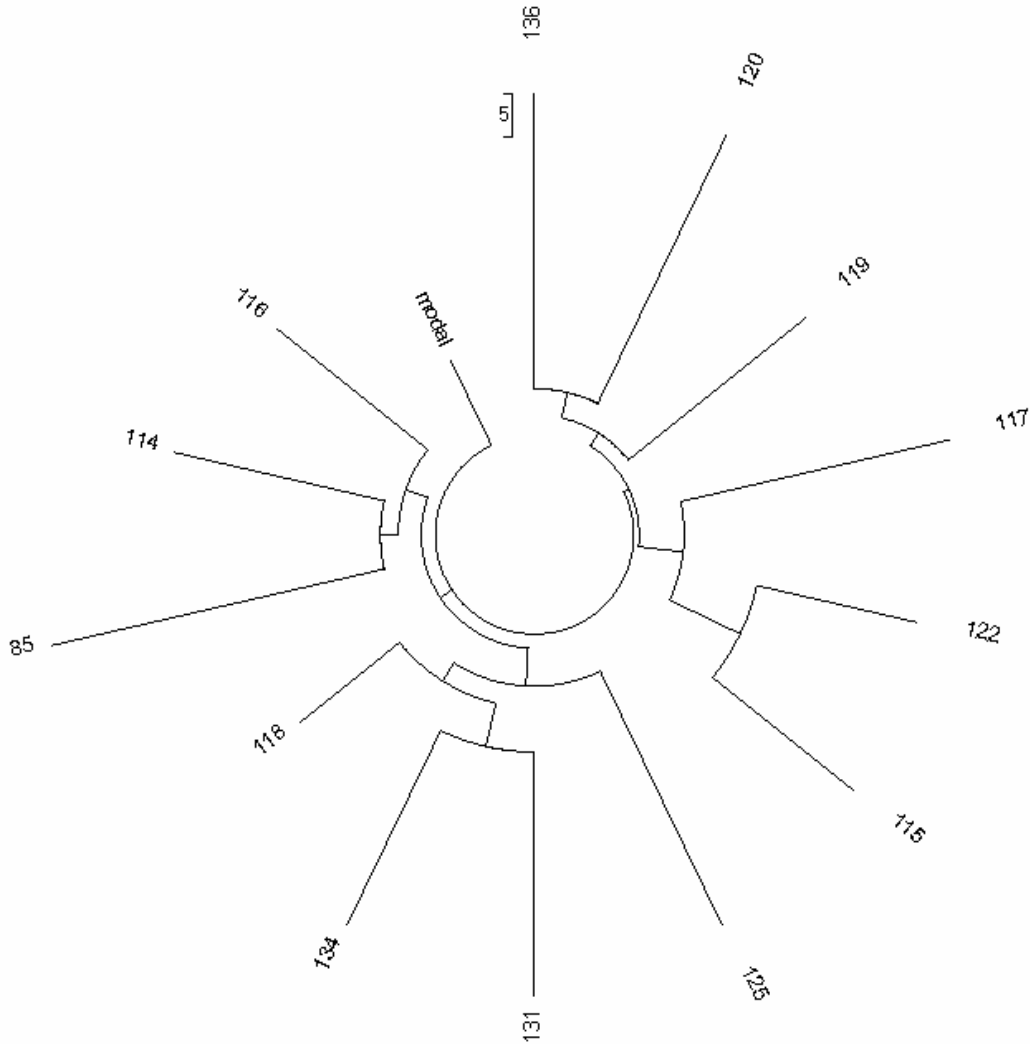


Рис. 41. Дерево из 13 67-маркерных гаплотипов R1a1 севера Евразии. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Видно, что дерево 67-маркерных гаплотипов разделяется на две четких половины из 7 и 6 гаплотипов. И действительно, отношение коэффициентов логарифмического и линейного метода для данной серии гаплотипов заметно отличается от единицы, и равно 0.896, что указывает на наличие нескольких общих предков для данной серии гаплотипов. Вес

каждой ветви (то есть количество гаплотипов) почти одинаковы, что может лишь незначительно исказить результаты расчетов, но целесообразно это непосредственно проверить.

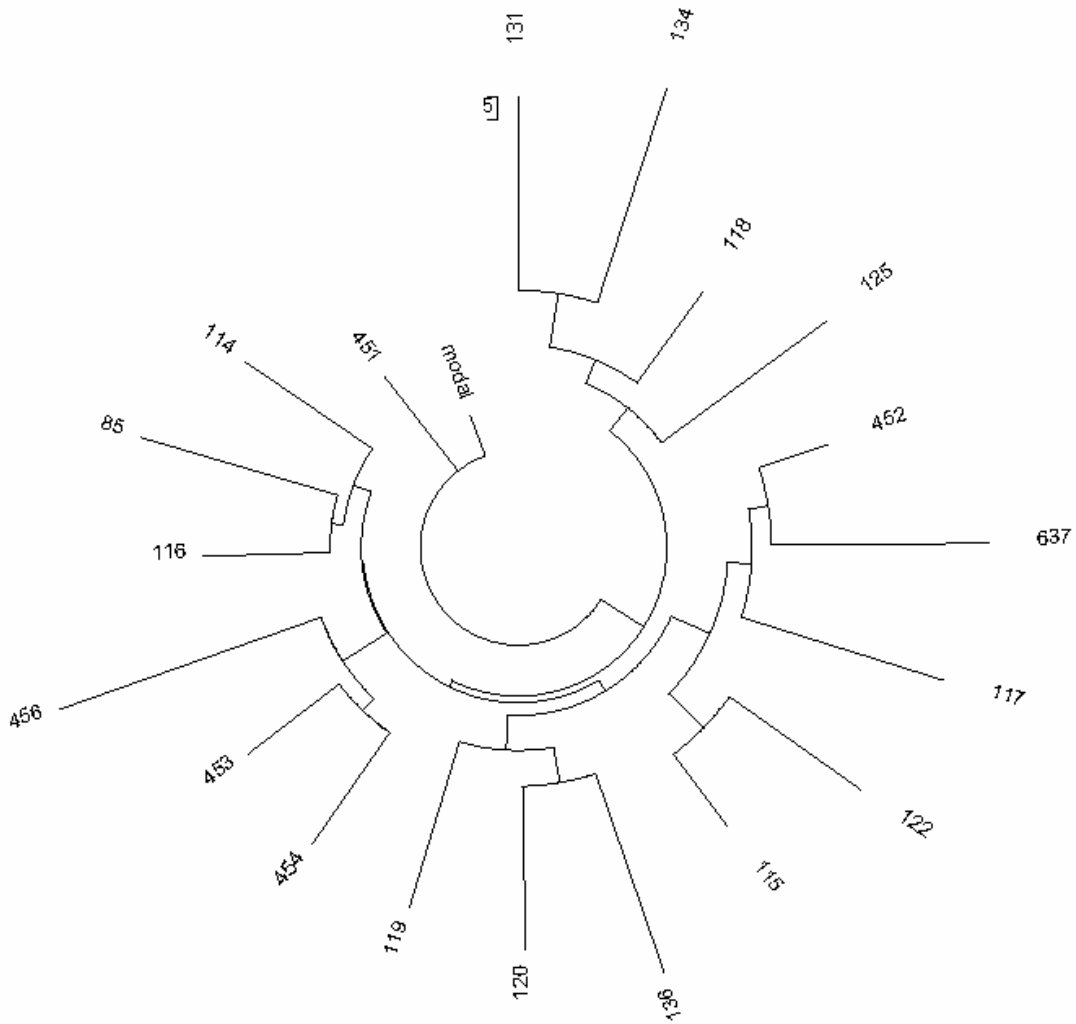


Рис. 42. Дерево из 19 37-маркерных гаплотипов R1a1 севера Евразии.
 Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Все 13 гаплотипов 67-маркерного дерева содержат 39 мутаций в первых 25 маркерах от следующего базового гаплотипа:

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

Это дает 1750 ± 330 лет до общего предка всей серии гаплотипов.

Левая ветвь из семи гаплотипов на рис. 41 содержит 23 мутации от базового гаплотипа

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

Это тот же базовый гаплотип, что и всего дерева. Время жизни общего предка ветви - 1950 ± 450 лет назад. Правая ветвь из шести гаплотипов содержит 16 мутаций от базового гаплотипа

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

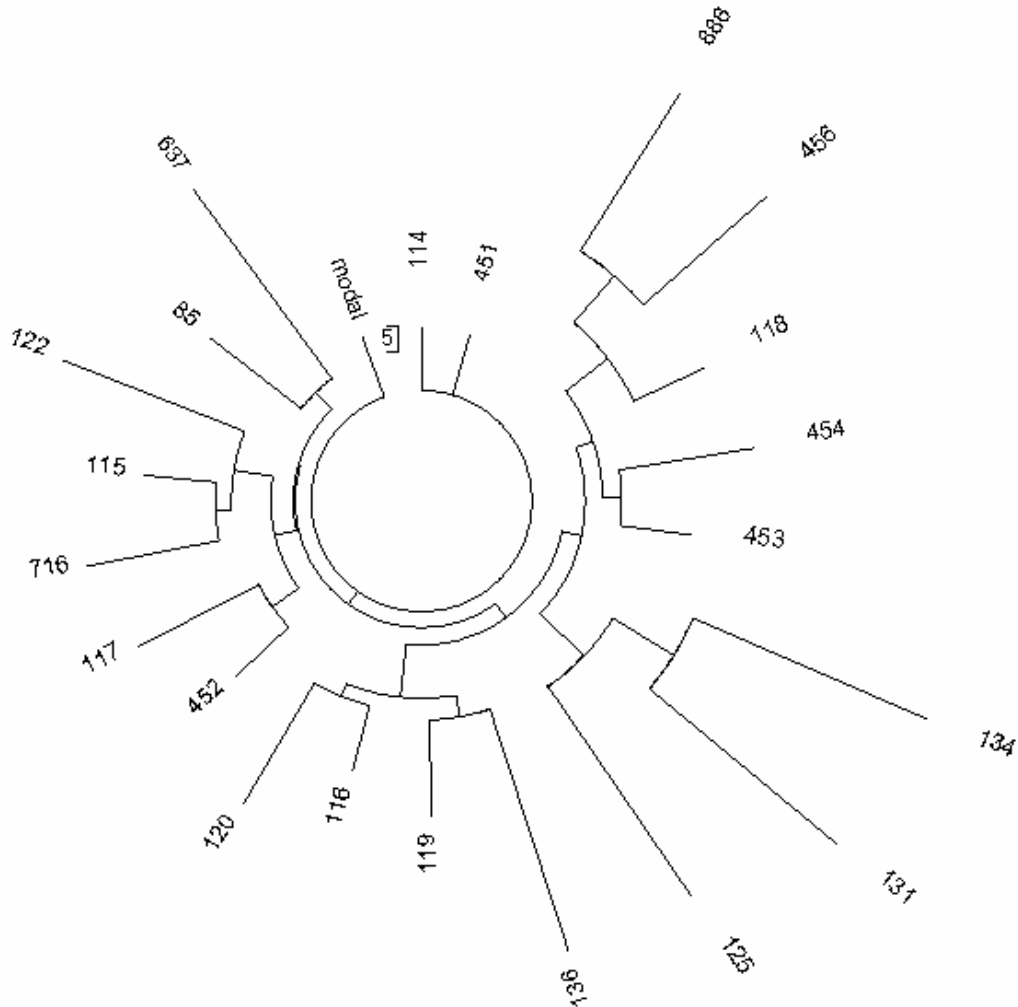


Рис. 43. Дерево из 21 25-маркерных гаплотипов R1a1 севера Евразии. Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Время жизни общего предка ветви - 1550 ± 420 лет назад. На самом деле между этими двумя базовыми гаплотипами не одна мутация, а только 0.36 мутации (разница между 15.14 в верхнем гаплотипе, и 15.50 в нижнем). Это

разводит ИХ общих предков всего на 200 лет, и помещает общего предка на 1750 лет назад. Именно эта дата и была определена при анализе всего дерева гаплотипов (1750±330 лет назад).

Для окончательного уточнения времени жизни общего предка данной серии рассмотрим все 21 25-маркерных гаплотипов. Они содержат 57 мутаций от базового гаплотипа

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

что дает 1575±260 лет до общего предка всей серии гаплотипов. Это в пределах погрешности расчетов совпадает с величиной 1750±330 лет, полученной выше из анализа меньшего количества 67-маркерных гаплотипов на первых 25 маркерах.

Евразийские гаплотипы - северная карпатская ветвь



Карта 13. Гаплотипы северной карпатской ветви.

География. Ареал этой ветви во многом совпадает с территорией, занимаемой балто-карпатской ветвью (см. выше), поэтому название получила по аналогии с ней. Как и балто-карпатскую ветвь, населяют ее преимущественно поляки, остальные этносы представлены одним-двумя гаплотипами.

Филогения. Северо-карпатская ветвь замыкает цепь евразийских ветвей на общем дереве гаплотипов (рис. 9). Ее базовый гаплотип

13 25 17 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 13 15 15 16 -
11 11 19 23 16 16 18 19 35 40 14 11 - 11 9 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12
13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13

Мутации по отношению к базовому гаплотипу центрального евразийского региона выделены. Видно, что различие с последним незначительное, всего две мутации на первых 25 маркерах, и семь – на всех 67 маркерах. Но первые две мутации весьма характерны – из 39 гаплотипов в серии 35 имеют аллель DYS19=17, то есть 90% от всех, и две трети от всех имеют аллель DYS464a=13, вместо обычной 12 у евразийских базовых гаплотипов – кроме балто-карпатской ветви, в также «старой северо-европейской ветви», у которых эта аллель «13».

Деревья гаплотипов представлены на рис. 44-46.

Отношение коэффициентов логарифмического и линейного методов в применении к данной серии гаплотипов равно 0.99, что означает наличие только одного общего предка данной ветви.

Все 39 гаплотипов имеют 180 мутаций от базового гаплотипа

13 25 17 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 13 15 15 16 -

что соответствует 2800 ± 350 лет до общего предка.

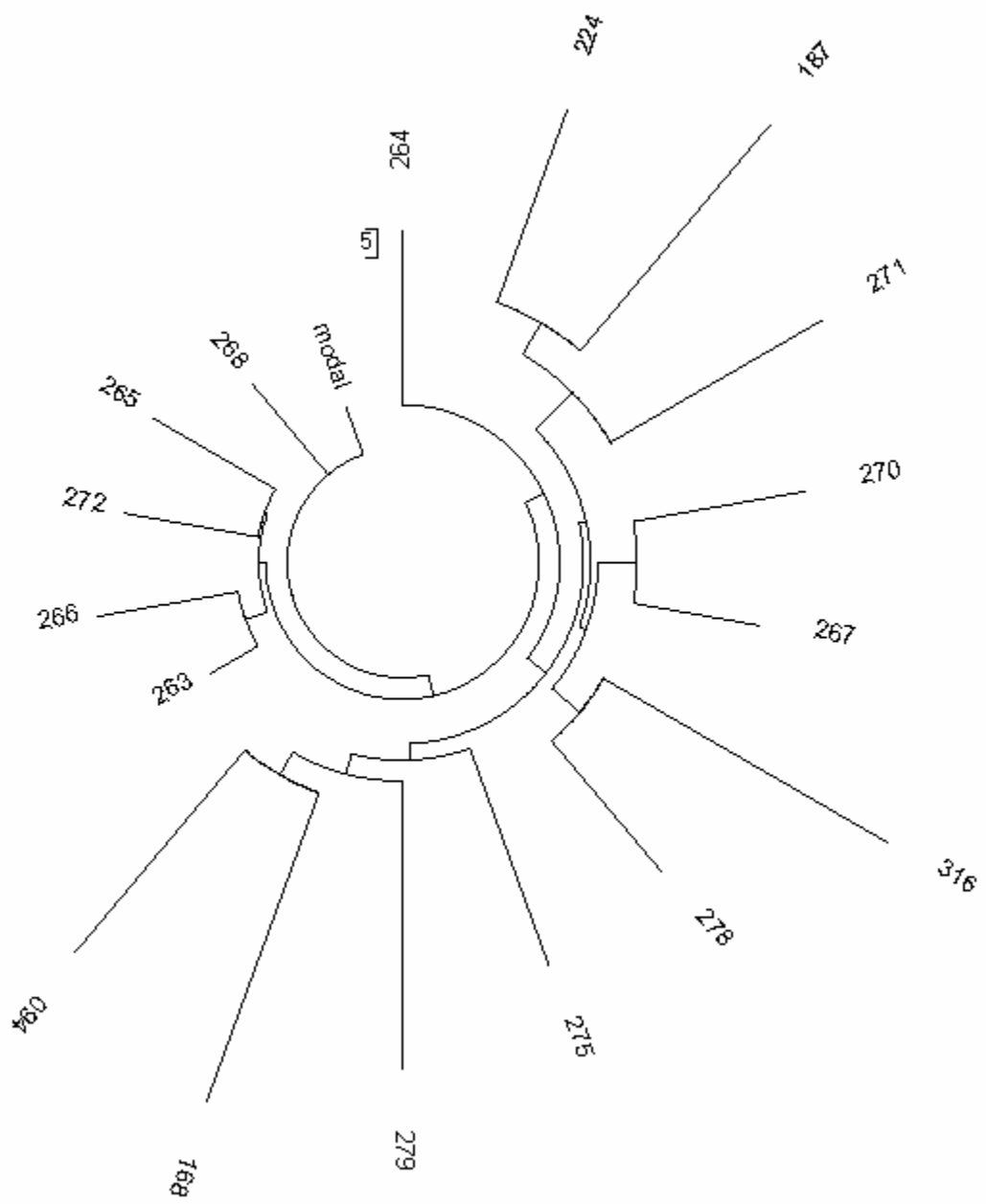


Рис. 44. Дерево из 17 67-маркерных северо-карпатских гаплотипов R1a1.
 Источник гаплотипов – база данных YSearch.

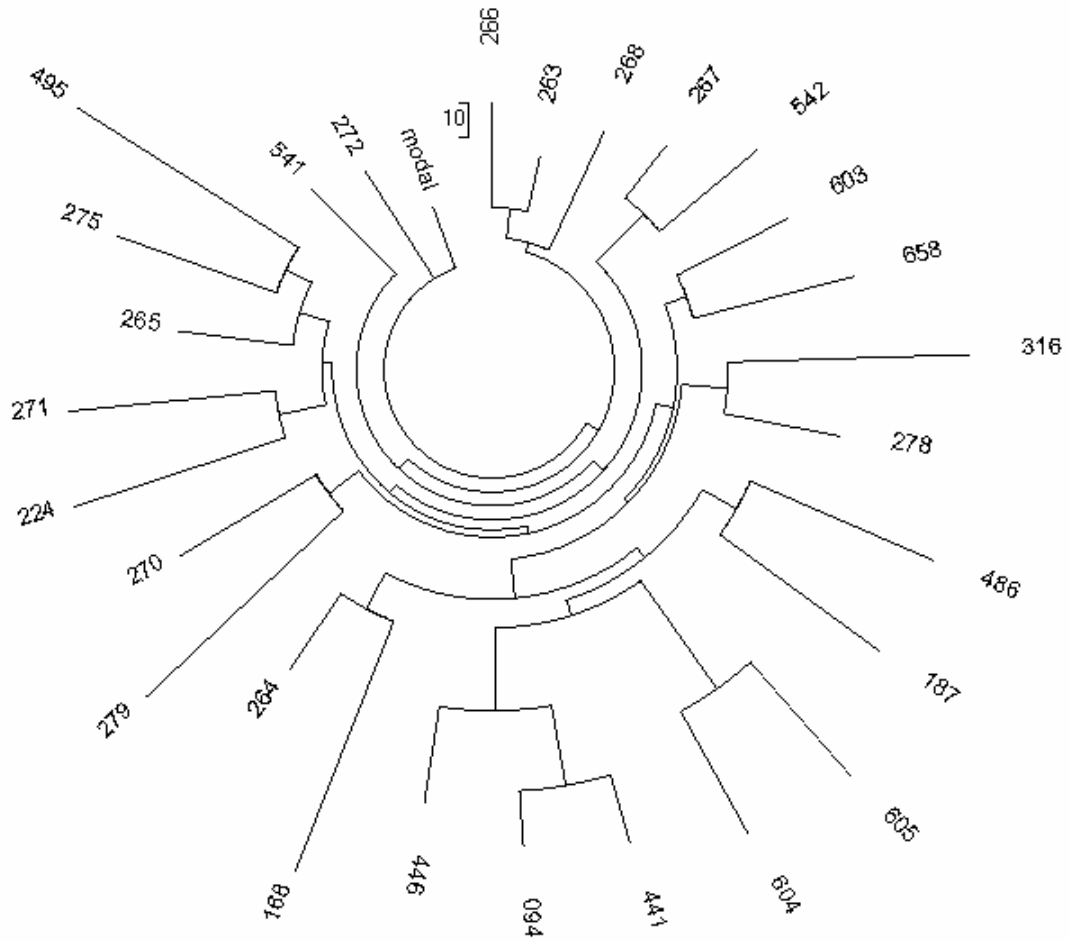


Рис. 45. Дерево из 27 37-маркерных северо-карпатских гаплотипов R1a1.
 Источник гаплотипов – база данных YSearch.

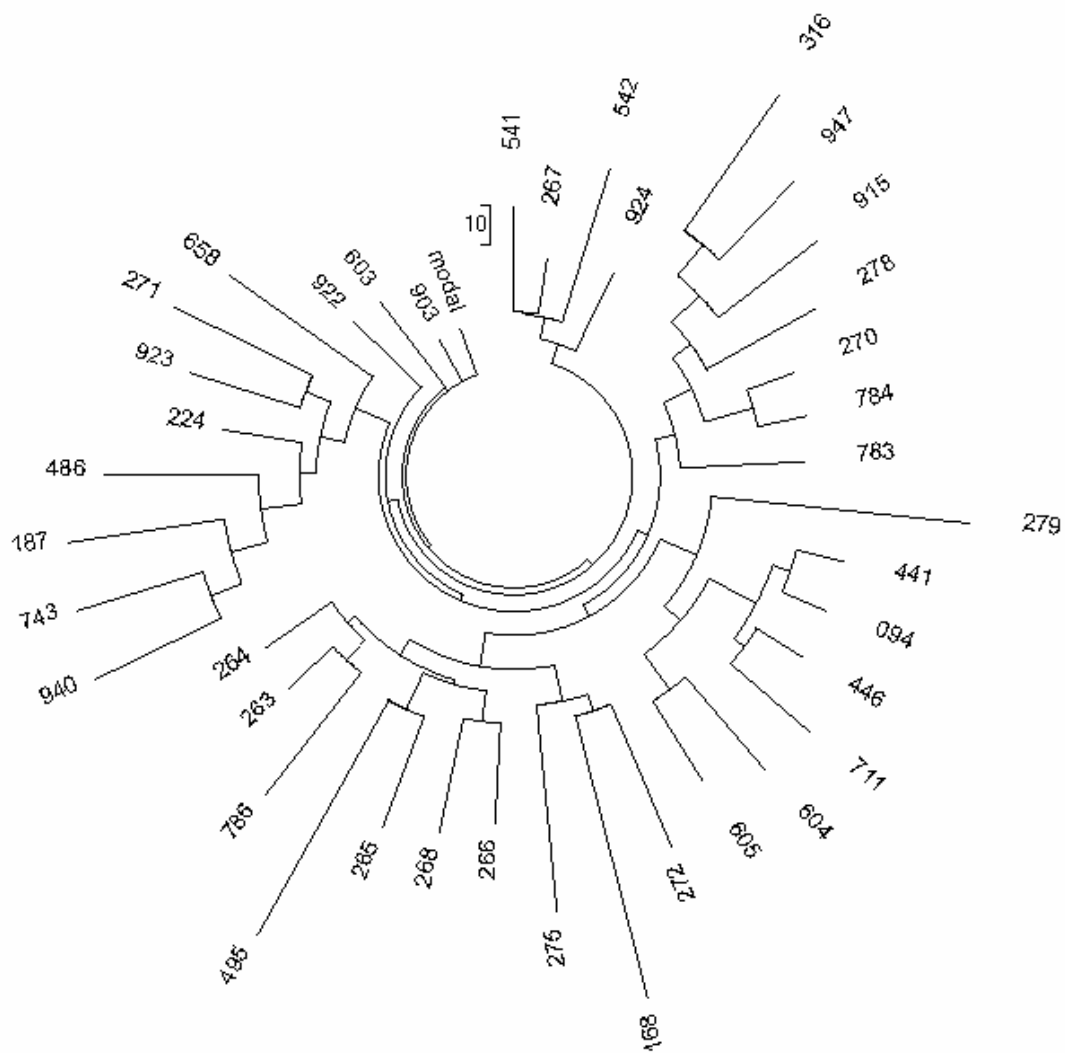


Рис. 46. Дерево из 39 25-маркерных северо-карпатских гаплотипов R1a1.
 Источник гаплотипов – база данных YSearch.

Расчет времени жизни общего предка по всем рассмотренным в данной работе сериям гаплотипов

Сопоставим все базовые гаплотипы серий, рассмотренных в данной работе. В случае нескольких ветвей будем рассматривать только «старые» ветви. Порядок базовых гаплотипов ниже тот, что приведен в Табл. 5:

13 25 16 **10** 11 14 12 **10** 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 **19** 32 12 15 15 16
13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- **17** 9 10 11 11 24 14 20 **35 13 14 16** 16
13 25 **15** 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 **23** 14 20 **31** 12 15 15 16
13 25 **15** 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 **23** 14 20 32 12 15 15 16
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**
13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 30 -- **14** 9 **11** 11 11 24 14 20 **30** 12 **12** 15 **15**
13 25 **17 10 10** 14 12 12 10 13 11 30 -- **16** 9 10 11 11 **23** 14 20 **31** 12 15 **16** 16
13 25 16 **10** 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 **13** 15 15 16
13 25 **15 10** 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16
13 25 16 11 11 14 12 12 **11** 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16
13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16
13 25 16 11 11 **15** 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 **25** 14 20 32 12 **14 14** 16
13 25 **15** 11 11 **15** 12 12 **11** 13 11 **29** -- 15 9 10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16
13 25 **17** 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 **13** 15 15 16

Приведенные 14 базовых гаплотипов содержат 55 мутаций (выделены) от следующего предкового (для данных серий) гаплотипа:

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

Это – базовый гаплотип центрального евразийского региона, с «возрастом» 3225 ± 340 лет. 55 мутаций на все 14 гаплотипов означают, что общий предок всех 14 базовых гаплотипов жил на 2375 ± 400 лет раньше чем общий предок усредненной серии всех 14 гаплотипов, приведенных выше (2520 лет назад), то есть примерно 4900 лет назад. Этот общий предок или его близкие потомки и пришел на Русскую равнину из Европы, принеся этот предковый гаплотип.

ОБСУЖДЕНИЕ

Методология и основные задачи исследования

Методология диктовалась задачами настоящего исследования, а именно –

(а) собрать наиболее полную выборку гаплотипов гаплогруппы R1a1 в 25-, 37- и 67-маркерном форматах, сняв дублирующие гаплотипы, которыми избыточны доступные базы данных,

(б) построить соответствующие деревья гаплотипов и выявить их ветви, соответствующие определенным ДНК-генеалогическим линиям в той степени, в которой их разрешает программа построения дерева,

(в) проверить воспроизводимость разделения серий гаплотипов на ветви по 67-, 37- и 25-маркерным гаплотипам; важность этой части методологии заключается в том, что каждая из этих трех серий гаплотипов представляет собой компромисс – например, 67-маркерные серии наилучшим образом разделяют по ветвям, но таких гаплотипов по ряду понятных причин относительно мало; напротив, 25-маркерные гаплотипы наиболее численно представительны и дают лучшую статистику, но менее точно разделяются по ветвям, давая повышенную долю «перескоков» между ветвями,

(г) снять с рассмотрения гаплотипы с неустойчивым положением на ветвях, поскольку они, попадая не на «свои» ветви, могут исказить характеристики ветвей (см. ниже),

(д) проверить каждую ветвь на наличие только одного общего предка ветви (в понятиях ДНК-генеалогии), то есть наличие всего одного, базового гаплотипа, в «основании» каждой ветви; все остальные гаплотипы ветви должны получаться путем последовательности единичных, одношаговых мутаций, начиная от базового гаплотипа (критерии этого см. следующий пункт),

(е) в качестве критериев наличия только одного общего предка ветви применялись два подхода – наличие самой ветви и ее вид (топология), и соответствие числа мутаций и числа базовых гаплотипов в ветви, с помощью логарифмического метода (см. описание в тексте),

(ж) идентифицировать базовый (предковый) гаплотип каждой ветви,

(з) рассчитать время жизни (в годах до настоящего времени) общего предка ветви,

(и) по различиям в базовых гаплотипах ветвей (мутационной дистанции между ними) рассчитать время жизни общего предка двух или нескольких ветвей,

(к) разместить на картах Европы и Евразии места жительства – по выявленным ветвям – наиболее удаленных известных предков по сведениям, которые обладатели гаплотипов гаплогруппы R1a1 приводили в базах данных (США и Канада как места жительства известных предков из рассмотрения исключались по понятным причинам),

(л) дать интерпретацию получаемой совокупности данных по территориям обитания отдельных ДНК-генеалогических линий (отличающихся базовыми гаплотипами), временам жизни общих предков, и их предполагаемым миграциям.

Поскольку такая задача ранее в литературе в отношении R1a1 (да и в отношении других гаплогрупп) не решалась, наша первая попытка, естественно, не является ни полной, ни исчерпывающей. В ряде случаев разделение на популяции по базовым гаплотипам может оказаться неточным или условным, но лучшего ни у кого все равно нет. Полученные нами данные будут уточняться в ходе развития ДНК-генеалогии и исторической науки в целом. Выявленные нами 15 «ветвей», которые можно назвать «племенами», исходя из того, что это устойчивые популяции, связанные родством по мужской линии, и имеющие историю от тысячи до нескольких тысяч лет, представляют собой вполне объективную реальность. В них возможны подвижки, их можно объединять в группы или, наоборот, подразделять на дальнейшие подгруппы, но это в настоящее время технические детали. Подобные объединения или дробления будут определяться соответствующими задачами будущих исследований. Наша задача была дать первичную классификацию гаплогруппы R1a1 на «племена», поскольку субкладов в 99% гаплогруппы R1a1 пока не выявлено.

Дополнительные комментарии к приведенным выше 11 разделам методологии следующие.

Исключительно важно проводить анализ выборок гаплотипов по ветвям. Большинство исследований современной ДНК-генеалогии и популяционной генетики приводят к неверным данным именно потому, что ветви не разделялись, и рассматривался по сути «фантомный» общий предок, некий усредненный по ветвям, умозрительный персонаж, и по

отношению к нему, фантому, велись расчеты, опять же фантомные. В результате при формальном статистическом расчете получались огромные погрешности, типа предок жил между 5 и 20 тысяч лет назад, что ни определенного смысла, ни ценности не имеет. Другими методами, опять не разделяя на ветви, считают мутации по всем ветвям (которые и не рассматриваются), то есть поперек всей серии гаплотипов, и, понимая, что общий предок всей разнородной серии жил давно, просто делят получаемые данные еще на 3. То есть делят примерно на число «пи», видимо, как на универсальную константу. Почему на «пи»? Да потому что так получается при моделировании на почти бесконечном числе гаплотипов разных гаплогрупп, то есть при рассмотрении недостижимой на практике ситуации.

Итак, одна из принципиальных особенностей нашей методологии – это разделение выборок на ветви и отдельный анализ ветвей.

Вторая принципиальная особенность – это применение критериев наличия именно одного общего предка. На самом деле речь здесь идет не об одном конкретном человеке – это могут быть отец с сыном или много братьев. Речь идет о том, что в основе ветви, в ее начале, был определенный базовый гаплотип. В идеале он – предковый, но методы расчетов вполне могут в ряде случаев исказить его на мутацию-другую. Поэтому называть эти гаплотипы именно «предковыми» было бы натяжкой. Мы называем «базовыми», понимая, что это и есть предковые, если расчет верен.

Базовые гаплотипы – это те, от которых расходятся редкие мутации, и которые поэтому сохраняются в выборках столетиями и тысячелетиями, чем короче гаплотип, тем выше доля базового гаплотипа в выборке. Доля базового гаплотипа в выборке падает по логарифмическому закону, формулы приведены выше, в разделе «Методология исследования» во вводной части статьи. Поэтому логарифмическая формула позволяет по доле базового гаплотипа определить время, когда базовый гаплотип стал исходным в выборке, идущей от общего предка именно с этим базовым гаплотипом. В настоящей работе этот метод получил дальнейшее развитие, и в качестве гаплотипов в логарифмической формуле мы использовали короткие фрагменты гаплотипов в разных вариантах, что повысило надежность метода и сделало его применимым даже для «старых» выборок, в которых доля, скажем, 25-маркерного гаплотипа уже слишком мала, не говоря о 37- или 67-маркерных. Именно так мы получали сведения, один общий предок в выборке (или в ветви), или их несколько. В последнем случае логарифмический метод и «мутационный», или «линейный» метод дают значительно расходящиеся результаты. Иначе говоря, это повысило

надежность разделения выборок гаплотипов по ветвям, и их последующий анализ, как описано выше.

В Таблице 3 проведено сопоставление «логарифмического» и «линейного» методов расчета общих предков по 25-маркерным гаплотипам. Как видно, в ряде случаев на точность такого сравнения рассчитывать не приходится, поскольку число базовых гаплотипов в выборках порой составляет 1-2 на десятки гаплотипов. В таких случаях расчеты просто некорректны, и результаты приведены здесь как примеры таких «экстремальных» расчетов. При 1-2 базовых гаплотипах на несколько десятков в серии их даже выявить практически невозможно, и приходится определять по «линейному» методу, минимизацией по мутациям. Тем не менее, даже в таких экстремальных случаях получились относительно разумные оценки.

Так, всего при одном базовом гаплотипе на серию из десятков гаплотипов совпадение логарифмического и линейного метода составило в среднем $89\pm 10\%$ (2575 ± 320 против 2575 лет назад у западных славян; 2550 ± 320 против 2175 лет назад на юге Евразии; 2150 ± 300 против 1975 лет для западно-карпатской ветви; 2800 ± 350 против 2175 лет для северно-карпатской ветви).

Для всего двух базовых гаплотипов на серию совпадение логарифмического и линейного метода составило в среднем $87\pm 10\%$ (2200 ± 310 против 2150 лет назад у скандинавов; 3225 ± 340 против 2500 лет назад в центре Евразии; 1575 ± 260 против 1350 лет для севера Евразии).

Для 6 базовых гаплотипов на 56 гаплотипов в серии (евреи-ашкенази) совпадение логарифмического и линейного метода были на уровне 87% (1100 ± 150 против 1275 лет до общего предка). Все это практически в пределах ошибок расчетов.

Таблица 3 - примерные расчеты времени жизни общего предка по числу базовых гаплотипов в серии

Популяция	Отношение числа базовых гаплотипов (n) к числу гаплотипов в серии (N) (25-маркерные гаплотипы)	$\ln(N/n)/k =$ число поколений без поправки на возвратные мутации	Число поколений с поправкой на возвратные мутации, и число лет до общего предка	Число лет до общего предка, рассчитанное «линейным» способом (см. текст статьи)
Скандинавия (две ветви)	2/75	79	86 (2150 лет)	2200±310 1700±220
Евреи R1a1	6/56	48	51 (1275 лет)	1100±150
Западные славяне	1/72	93	103 (2575 лет)	2575±300
Евразия, юг	1/40	80	87 (2175 лет)	2550±320
Евразия, центр	2/134	91	100 (2500 лет)	3225±340
Евразия, север	2/21	51	54 (1350 лет)	1575±260
Евразия, западная карпатская ветвь	1/29	73	79 (1975 лет)	2150±300
Евразия, северная карпатская ветвь	1/39	80	87 (2175 лет)	2800±350

Поскольку применение логарифмического метода не требует утомительного и затратного по времени подсчета мутаций в гаплотипах, его можно рекомендовать для оперативной оценки времен до общего предка в серии гаплотипов, особенно с относительно недавним общим предком.

Базовые (предковые) гаплотипы трех древних ДНК-генеалогических линий гаплогруппы R1a1 приведены в таблице 4. Здесь понятие «древний» относится не к времени жизни общих предков этих трех линий, а к тому, что их базовые гаплотипы значительно расходятся по мутациям, и определенно ведут свое начало от значительно более древнего общего для них предка гаплогруппы R1a1. Ясно, что каждый из этих трех общих («промежуточных») предков пережил бутылочное горлышко популяции, и ведет свою линию от значительно более древнего общего предка, который жил как минимум 10 тысяч лет назад (см. текст). Например, третий в таблице ниже базовый гаплотип расходится на 6-7 мутаций на первых 12 маркерах с остальными двумя базовыми гаплотипами (субкладов). Одно это помещает их общего предка на 8-9 тысяч лет назад. Все гаплотипы из данных серий – европейских недавних предков, только один из Турции. Можно, конечно, возражать, что все их более ранние предки пришли из разных мест, в том числе из Азии, но данных к этому нет. Имеющиеся в наличии данные указывают на Европу, все остальное были бы необоснованные предположения. Итак, до появления других данных, если таковые вообще появятся, приходится считать, что предок рассматриваемых гаплотипов жил как минимум 10 тысяч лет назад в Европе.

Таблица 4

67-маркерные базовые (предковые) гаплотипы субкладов гаплогруппы R1a1 и ее древней ветви с DYS392 = 13/14 по ветвям дерева гаплотипов, приведенного на рис. 1-3

Популяция	Гаплотип	Время до общего предка, лет
Субклад R1a1a	13 25 15 11 11 14 12 12 10/11 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 -- 11 12 19 23 16 16 18 19 34 38 13 11 - 11 8 17 17 8/9 12 8 10 11 10 12 21/22 12 15 10 12 12 14 8 14/15 22/23 21 12/13 12 11 13 11 11 12 12/13	4400±740 (25-маркерные гаплотипы) 4400±610 (37-маркерные гаплотипы)
Субклады R1a1b и R1a1c (не разделяются на дереве гаплотипов)	13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 30 -- 18 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 16 17 - 11 11 19 23 16 15 17 18 37 39 12 12 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12	4200±750 (25-маркерные гаплотипы) 4600±850 (37-маркерные гаплотипы)
Древняя ветвь гаплогруппы R1a1 с DYS392 = 13/14	13 25 15 11 13 14 12 12 10 14 13 31 -- 16 9 10 10 11 25 14 19 31 12 15 15 15 -- 10 11 19 23 16 16 17 17/18 37 38 11 11 -- 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 23 22 12 12 11 13 11 11 12 12	2125±475 (25-маркерные гаплотипы) 2175±400 (37-маркерные гаплотипы)

Это вовсе не отменяет того наблюдения, что еще более древние предки гаплогруппы R1a1 были выявлены в Азии (Клёсов, 2009). В таблице 5 приведены соответствующие базовые гаплотипы и времена до их предков-носителей, рассчитанные по картине мутаций.

Таблица 5

Базовые (предковые) гаплотипы гаплогруппы R1a, рассчитанные по ее древним ветвям в Азии и на Балканах (по данным работ [Клёсов, 2009d; Klyosov, 2009b]), в формате FTDNA

Популяция	Гаплотип	Время до общего предка, лет
Южная Сибирь - Северный Китай	13-X-14-X-X-X-X-12-X-13-X-30	21000±3000 (линейный метод расчета) 19625±2800 (пермутационный способ расчета)
Индия	13-25-17-9-X-X-X-X-X-14-X-32	7125±950 11500, общий предок с «индоевропейским» индийским базовым гаплотипом
Индия, «индоевропейский» базовый гаплотип	13-25-16-10-11-14-12-12-10-13-11-30 --16-9-10-11-11-24-14-20-32-12-15-15-16	4050±500
Россия, Украина, он же базовый гаплотип центральной евразийской ветви (см. Табл. 6)	13-25-16-11-11-14-12-12-10-13-11-30 --15-9-10-11-11-24-14-20-32-12-15-15-16	4750±500
Пакистан	14-25-16-11-X-X-X-12-11-12-11-29 13-24-17-11-X-X-X-12-10-13-11-30 12-24-15-10-X-X-X-12-11-14-11-32 13-25-16-10-X-X-X-12-10-13-11-31	1475±540 2325±570 275±275 4375±800 12400 - общий предок всех четырех базовых гаплотипов
Европа, Балканы (Босния, Сербия,	13-24-15-10-12-15-X-Y-Z-13-11-29	11425±1780 (линейный метод

<p>Косово, Македония)</p>		<p>расчета)</p> <p>11650±1550 (квадратичный способ расчета)</p> <p>11650±1550 (пермутационный способ расчета)</p> <p>20000, общий предок балканского и китайского базовых гаплотипов</p>
--------------------------------------	--	--

Итак, вырисовывается следующая картина. Гаплогруппа R1a1 (или R1a) образовалась в Азии, по-видимому, в Южной Сибири, осела в северной части Китая, где некоторые провинции имеют до 25% R1a (Bittles et al, 2007), при общей доле R1a в Китае не более 3%, прошла в древние времена до Индии-Пакистана, где ряд племен имеют заметную долю R1a1. Тем не менее, как показано (Klyosov, 2009b), ряд племен имеют и «индоевропейскую» R1a1, как по структуре гаплотипа, так и времени общего предка (около 3000 лет назад). В те же времена, хотя пока невозможно провести более точную оценку, часть носителей гаплогруппы R1a1 мигрировали на запад, и появились в Европе 10-12 тысяч лет назад, видимо, после схода ледников. Ряд серий гаплотипов гаплогруппы R1a1, как коротких (9-маркерные), так и протяженных (25- и 37-маркерные), в том числе гаплотипы субкладов R1a1, хотя и немногочисленные, показывают огромное расхождение в их базовых гаплотипах, указывая на общего предка, предположительно в Европе, не менее 10 тысяч лет назад.

Какова же была судьба этого рода в Европе? Рассмотрим результаты анализа и расчетов основных серий гаплотипов R1a1 настоящей работы. Они суммированы в Таблице 6.

Таблица 6
 25-, 37- и 67-маркерные базовые (предковые) гаплотипы субкладов гаплогруппы R1a1, а также древней линии гаплогруппы R1a1 по ветвям деревьев гаплотипов, приведенных на рис. 9

Популяция	Гаплотип	Время до общего предка, лет
Десятники (DYS388=10)		
«Старая» ветвь	13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16 - 11 11 19 23 15 16 18 18 33 36 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 22 12 12 11 13 11 11 12 13	2925±370
«Молодая» ветвь	13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 25 14 19 32 12 14 14 17 - 11 11 19 23 15 16 18 20 33 39 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 22 12 12 11 13 11 11 14 13	1425±180
Скандинавия		
«Старая» ветвь	13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 - 11 12 19 23 16 16 18 19 35 38 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13	4100±700
«Молодая» ветвь	13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 - 11 12 19 21 16 16 17 18 34 38 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12	1900±400
«Клан Доналда»	13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31 -- 16 8 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 19 21 17 16 17 18 34 39 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12	825±120 (775±110)
Центральная Европа	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 - 11 11 19 23 17 16 18 19 35 40 14 11 - 11 8 17 17 8 11 10 8 12 10 12 21 22 15 10 12 12 13 8 14 25 21 13 12 11 13 11 11 12 13	2725±300

Евреи гаплогруппы R1a1	13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 14 9 11 11 11 24 14 20 30 12 12 15 15 - 11 11 19 23 14 16 19 20 35 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 14 8 14 23 21 12 12 11 13 10 11 12 13	1100±150
Западные славяне	13 25 17 10 10 14 12 12 10 13 11 30 -- 16 9 10 11 11 23 14 20 31 12 15 16 16 - 11 11 19 23 16 16 18 19 35 39 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 12 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 25 21 12 12 11 13 12 11 12 13	2575±300
Западная карпатская ветвь	13 25 15 11 11 15 12 12 11 13 11 29 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 31 12 15 15 16 - 11 12 19 23 17 16 17 19 35 39 14 11 - 11 8 17 17 8 11 10 8 11 11 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 12 11 12 13	2150±300
Евразия, балто-карпатская ветвь	13 25 16 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 13 15 15 16 - 11 11 19 23 16 16 18 17 34 38 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13	2600±290
Евразия, южная ветвь	13 25 15 10 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 - 11 11 19 23 16 16 17 18 34 39 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 11 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13	2550±320
Евразия, западная ветвь	13 25 16 11 11 14 12 12 11 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 - 11 11 19 23 16 16 17 19 35 40 12 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 12/13	2750±370
Евразия, центральная ветвь (запад Русской равнины)	13 25 16 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 12 15 15 16 - 11 11 19 23 16 16 18 19 34 39 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13	3225±340
Евразия, северная ветвь	13 25 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 25 14 20 32 12 14 14 16 - 12 12 19 23 15 16 18 20 34 38 13 11 - 12 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 13 23 22 12 12 11 13 11 11 12 13	1575±260
Евразия, северная	13 25 17 11 11 14 12 12 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 20 32 13 15 15 16 - 11 11 19 23 16 16 18 19 35	2800±350

карпатская ветвь	40 14 11 – 11 9 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 21 12 12 11 13 11 11 12 13	
---------------------	---	--

Рассмотрение истории и географии ДНК-генеалогических ветвей, приведенных в таблице, проведено выше, в соответствующих разделах. Здесь отметим, что несмотря на древность общих предков R1a1 в мире (примерно 20 тысяч лет назад), в регионах Азии (между 7 и 20 тысячами лет назад), и в Европе (10-12 тысяч лет назад), 15 ветвей гаплотипов, указанных в таблице 6 (из которых три ветви являются дочерними) имеют возраст общих предков в интервале от 1575 ± 260 лет назад (северная евразийская ветвь) до 4100 ± 700 лет назад («старая» скандинавская ветвь). При этом наиболее многочисленная группа ветвей имеют общих предков между 2150 и 2800 лет назад, то есть в первом тысячелетии до нашей эры. Это – западнославянская, западно-карпатская, северо-карпатская, балто-карпатская и центрально-европейская ветви, и евразийские ветви – западная и южная. Более «старые» ветви – это «десятники» ($DYS388=10$, 2925 ± 370 лет до общего предка) и центральная евразийская ветвь, Русская равнина (3225 ± 340 лет до общего предка).

Естественно, на любом дереве гаплотипов можно выделить более молодые ветви, из которых и складывается само дерево. Поэтому указанные ветви и времена жизни их общих предков отражают более детальную классификацию ДНК-генеалогических линий Евразии, на относительно недавнем уровне, уровне конца 2-го тысячелетия – середины 1-го тысячелетия до нашей эры. В основании каждой из этих ветвей есть свой общий предок, но комбинации ветвей приводят к более древним общим предкам. И здесь анализ ветвей показывает, что подавляющее большинство, а именно более 95% все анализированных нами гаплотипов гаплогруппы R1a1 на сводных деревьях 25-, 37- и 67-маркерных гаплотипах (рис. 4-6) имеют общего предка примерно 4800 ± 500 лет назад. Это - время жизни общего предка всех базовых гаплотипов в Таблице 6, и это же - время жизни общего предка гаплотипов R1a1 постсоветского пространства (рис. 47-49), а именно 4750 ± 500 лет назад.

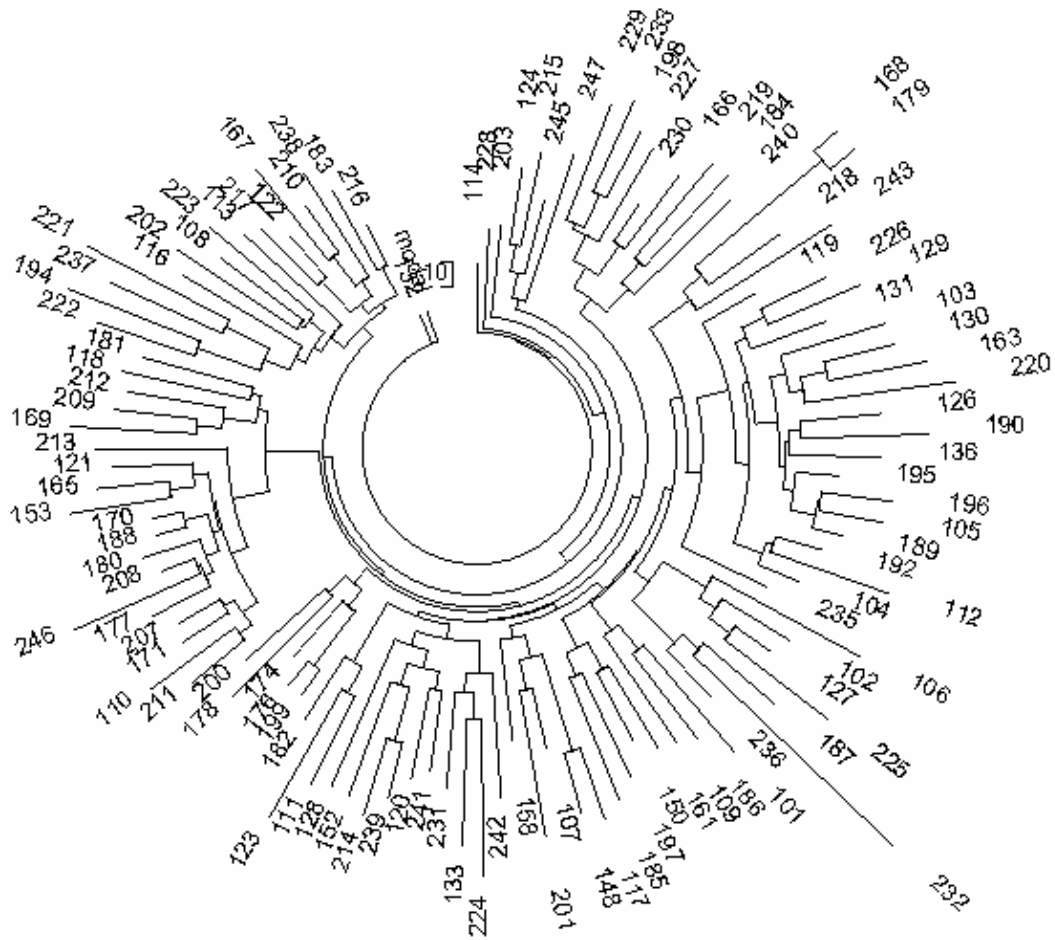


Рис. 47. Дерево из 112 25-маркерных гаплотипов R1a1 постсоветского пространства. Источник гаплотипов – база данных YSearch и другие источники (в частности, лаборатории России).

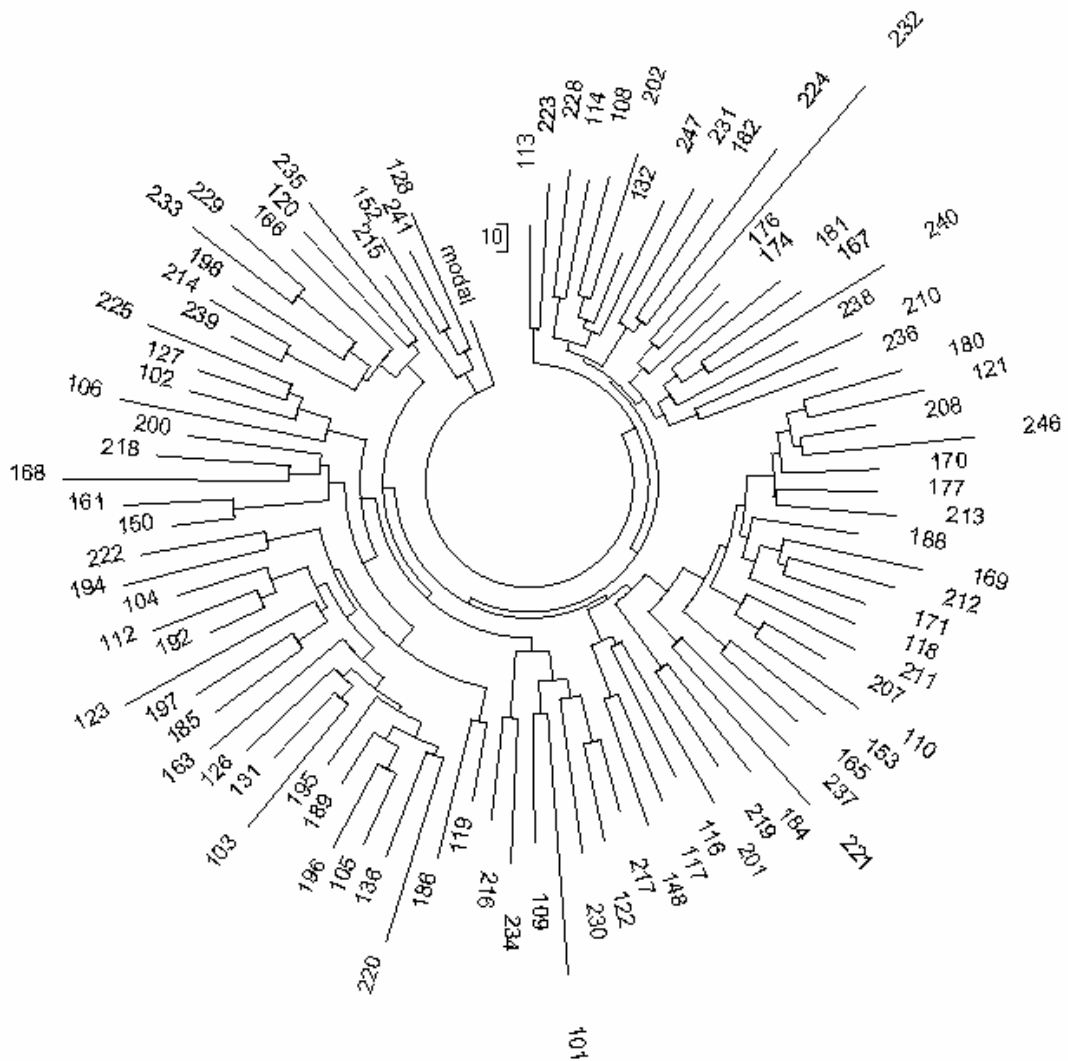


Рис. 48. Дерево из 93 37-маркерных гаплотипов R1a1 постсоветского пространства. Источник гаплотипов – база данных YSearch и другие источники (в частности, лаборатории России).

совершенно идентичен базовому гаплотипу евразийского центра (Таблица 6) по всем 67 маркерам. Это, конечно, случайное совпадение, потому что такого просто не бывает. Но в любом случае это показывает, что вся совокупность гаплотипов постсоветского пространства, они же в значительной степени гаплотипы Русской равнины с возрастом предка 4750 ± 500 лет, и идентифицированная нами центральная евразийская ветвь с возрастом общего предка 3225 ± 340 лет – имеют одного и того же общего предка, с тем же гаплотипом. Хотя ветвь на 1500 лет «моложе», но базовый гаплотип по чистой случайности полностью сохранился даже в 67-маркерном формате.

Более того, это же гаплотип в 25-маркерном формате

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

- предковый гаплотип всех базовых гаплотипов в таблице 6, и относится к общему предку, жившему 4900 лет назад. Это – опять общий предок как гаплотипа Русской равнины (4750 лет назад), так и центральной Евразии (3225 лет назад). Это – общий предок практически всех европейских гаплотипов.

Итак, углубляется общая картина. 10-12 тысяч лет назад предки гаплогруппы R1a1 прибыли из Азии (видимо, из Южной Сибири) в Европу, сразу же – по историческим меркам – после схода ледников. Относительно небольшое количество их потомков живут и по сей день в Европе, со шлейфом «древних» гаплотипов от Балкан до Британских островов и до Анатолии. Их археологические культуры прослеживаются на Балканах и в Карпатах до 7-8 тысяч лет назад (возможно, совместно с носителями гаплогруппы I). Это, в лингвистических терминах – «протоиндоевропейцы».

В те же времена, или около 6 тысяч лет назад носители гаплогруппы R1a1 стали активно расходиться по Европе, заселенной в то время в ее центральной, атлантической и северной части в основном гаплогруппой I и/или ее подгруппами I1 и I2, и перевалили Карпаты, образовав в итоге широкий фронт заселения гаплогруппой R1a1 от Балтики до Кавказа. Это – ямная культура, затем полтавкинская, затем срубная культура с экспансией в андроновскую культуру по мере продвижения на восток, в Северный Казахстан, Южный Урал, Среднюю Азию. Именно потому в понятиях лингвистов 6 тысяч лет назад – это время распада праиндоевропейского языка, языка R1a1, и начало образования сатемной группы будущих индоевропейских языков. Примерно 4000 лет назад, время ранней андроновской культуры, носители R1a1, будущие индоарии, достигли

Южного Урала, основали Аркаим (3800 лет назад) и Страну городов, 3600 лет назад они Аркаим покинули и частью перешли в Индию примерно 3500 лет назад. Примерно в те же времена носители R1a1, уже несколько столетий обитавших в Средней Азии, как об этом повествует Зенд-Авеста, перешли в Иран опять как арии. Не случайно они именовались ариями и в Индии и в Иране - похоже, что это и было самоназвание их рода еще до переселения в Индостан и на Иранское нагорье.

Возвращаемся в Европу. Что-то произошло с европейскими R1a1 между 6 и 5 тысяч лет назад, и они почти полностью исчезли, не прошли бутылочное горлышко популяции. Древних европейских гаплотипов почти не осталось, и сейчас они очень редки, составляя доли процентов от популяции R1a1. Примерно 5 тысяч лет назад (по разным данным между 4800 и 5200 лет назад) носители гаплогруппы R1a1 стали возвращаться в Европу, в особенности на территории современных Германии и Польши, создав культуру шнуровой керамики, она же культура боевых топоров, она же культура одиночных могил позднего энеолита и бронзового века Средней и Восточной Европы. Это - основа будущих славян, германцев, балтов, антропологически - коридов. Их взаимоотношения с культурой шаровых амфор (5400 - 4800 лет назад) и культурой воронковидных кубков (6000 - 4700 лет назад) остаются неясными. Либо эти культуры были культурами носителей гаплогрупп I, либо это R1a1, не прошедшие раньше бутылочное горлышко популяции и почти исчезнувшие из Европы того времени, либо это были культуры смешанных родов I и R1a1 - ответа на этот вопрос пока нет. Но ясно, что возврат R1a1 в Европу был возвратом туда праиндоевропейского языка около 5 тысяч лет назад, в виде уже видоизмененных диалектов и вариантов. Это все - продолжение динамики «распада индоевропейских языков». Видимо, останки представителей шнуровой культуры с гаплогруппой R1a1 в Германии, датированные 4600 лет назад (Haak et al, 2008) - это та самая волна. Их гаплотипы - те же самые, гаплотипы Русской равнины, центральной части Евразии.

Итак, возвращающиеся в Европу R1a1 приносили туда свои гаплотипы с востока, с Русской равнины. Именно поэтому общий предок современных европейских гаплотипов R1a1 - это центральный евразийский предок, Русская равнина. Так произошла интеграция гаплотипов Европы, от Атлантики до Восточной Европы, и Евразии. У подавляющего количества R1a1 на этих территориях - один общий предок, который жил примерно 4800 лет назад. А его дочерние ветви, образовавшиеся при передвижениях основателей ветвей, датируются в основном временами между 2200 и 3200 лет назад, и до 4100 лет назад.

В начале и до середины новой эры, в эпоху Великого переселения народов, произошла очередная миграция носителей гаплогруппы R1a1 с востока Восточной Европы и, возможно, Средней Азии, опять на запад, в Европу. Это были болгары, мадьяры, скифы, сарматы, асы, и много других народностей. Они в очередной раз заселили Европу от Италии и Центральной части Европы до Скандинавии. Тому свидетельством, например, «молодая» скандинавская ветвь R1a1, прибывшая в Скандинавию во 2-м веке нашей эры плюс-минус четыре века (Таблица 6). Но это было при одиночных «основателях» будущих линий. В большинстве случаев мигранты R1a1 «приносили» гаплотипы со структурой мутаций, опять указывающих на времена общих предков примерно 4500-4700 лет назад. Гаплотипы R1a1 с этой датировкой распространены во всей Европе, и если не разделять их на ветви, как было сделано в настоящей работе, то все они сходятся к тому же базовому гаплотипу Русской равнины с датировкой примерно 4500 лет назад (Клёсов, 2008с).

Видимо, поэтому значимых субкладов R1a1 практически не обнаружено, кроме тех нескольких древних (R1a1a, R1a1b и R1a1c), расходящихся от общего предка не менее 10 тысяч лет назад. Поскольку более 95% современных носителей гаплогруппы R1a1 произошли от относительно недавнего предка, который жил примерно 4800 лет назад, то и субклады будут относиться к этому относительно небольшому отрезку времени.

Это и есть история гаплогруппы R1a1, история, изобилующая «бутылочными горлышками» популяции, и показывающая, что европейские носители этой гаплогруппы действительно относительно недавние родственники.

Литература

Дроздов, Ю.Н. (2008) Тюркская этнонимия древнеевропейских народов, изд. Опора, Ярославль, 382 стр.

Клёсов, А.А. (2008а) Гаплотипы группы R1a1 на пост-советском пространстве. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №5, 947-957.

Клёсов, А.А. (2008b) Основные положения ДНК-генеалогии (хромосома Y), скорости мутаций, их калибровка и примеры расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №2, 252-348.

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

Клёсов, А.А. (2008d) Загадки «западноевропейской» гаплогруппы R1b. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №4, 568-629.

Клёсов, А.А. (2008e) Откуда взялся R1a1 предковый гаплотип с DYS388=10? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 1, № 5, 929-946.

Клёсов, А.А. (2008f) Древние арии: кто они были и откуда. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 1, № 5, 908-928.

Клёсов, А.А. (2008g) 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. (2009a) О неправомерном отнесении сибирских гаплотипов R1a1 к представителям курганной археологической культуры (обсуждение статьи Keyser et al, Hum Genet., 2009). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №5, 871-878.

Клёсов, А.А. (2009b) Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племен? (дополненная и исправленная версия). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №5, 801-815.

Клёсов, А.А. (2009с) Гаплотипы Иберии и анализ истории популяций басков, сефардов и других групп Испании и Португалии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №3, 390-421.

Клёсов, А.А. (2009d) Древнейшие восточно-азиатские ветви гаплогруппы R1a. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №5, 879-890.

Atkinson, Q.D. and Gray, R.D. How old is the Indo-European language family? Illumination or more moths to the flame? In: Phylogenetic Methods and the Prehistory of Languages. Cambridge: The McDonald Institute for Archaeological Research, 2006, pp. 91-109.

Behar, D.M., Thomas, M.G., Skorecki, K., Hammer, M.F., Bulygina, E., Rosengarten, D., Jones, A.L., Held, K., Moses, V., Goldstein, D., Bradman, N and Weale, M.E. Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries. *Am. J. Hum. Genet.* 73, 768-779 (2003).

Bittles, A.H., Black, M.L., and Wang, W. (2007). Physical anthropology and ethnicity in Asia: the transition from anthropology to genome-based studies. *J. Physiol. Anthropol.* 26, 77-82.

Dupuy, B.M., Stenersen, M., Lu, T.T., Olaisen, B. (2006) Geographical heterogeneity of Y-chromosomal lineages in Norway. *Forensic Sci. Int.* 164, 10-19.

Gkiasta, M., Russell, T., Shennan, S., and Steele, J. Neolithic transition in Europe: the radiocarbon record revisited. *Antiquity* 77, 45-62 (2003)

Goedbloed, M., Vermeulen, M., Fang, R.N., Lembring, M., Wollstein, A., Ballantyne, K., Lao, O., Brauer, S., Kruger, C., Roewer, L., Lessig, R., Ploski, R., Dobosz, T., Henke, L., Henke, J., Furtado, M.R., Kayser, M. (2009) *Int. J. Legal Med.*, published online 26 March, 2009.

Haak, W., Brandt, G., de Jong, H.N., Meyer, C., Ganslmeier, R., Heyd, V., Hawkesworth, C., Pike, A.W.G., Meller, H., and Alt, K.W. (2008). Ancient DNA, strontium isotopes, and osteological analyses shed light on social and kinship organization of the later Stone Age. *Proc. Natl. Acad. Sci. US* 105, 18226-18231.

Innes, J., Blackford, J., and Rowley-Conwy, P. The start of the Mesolithic-neolithic transition in north-west Europe - the polynological contribution. *Antiquity* 77, No. 297 (2003)

Klyosov, A.A. (2008). Origin of the Jews via DNA genealogy. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 1, 54-232.

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

Klyosov, A.A. (2009b) DNA Genealogy, Mutation Rates, and Some Historical Evidences Written in Y-Chromosome. II. Walking the Map. *J. Genet. Geneal.*, in the press.

Klyosov, A.A. (2009c) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. Human Genetics, in the press.

MacLysaght, E. Irish Families: Their Names, Arms, and Origins (Genealogy, family history) (1998) Irish Academic Press, 248 p.

Semino, O., Passarino, G., Oefner, P.J., Lin, A.A., Arbuzova, S., Beckman, L.E., De Benedictis, G., Francalacci, P., Kouvatsi, A., Limborska, S., Marcikiae, M., Mika, A., Mika, B., Primorac, D., Santachiara-Benerecetti, A.S., Cavalli-Sforza, L.L., Underhill, P.A. (2000) The genetic legacy of paleolithic *Homo sapiens* in extant Europeans: a Y chromosome perspective. *Science* 290, 1155-1159.

Sun, J.X., Mullikin, J.C., Patterson, N., Reich, D.E. (2009) Microsatellites are molecular clocks that support accurate inferences about history. *Mol. Biol. Evol.* 26, 1017-1027

Wells, R.S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P.A. Evseeva, I., Blue-Smith, L., Jin, L., Su, B., Pitchappan, R., Shanmugalaksmi, S., Balakrishnan, K., Read, M., Pearson, N.M., Zerjal, T., Webster, M.T., Zholoshvili, I., Jamarjashvili, E., Gambarov, S., Nikbin, B., Dostiev, A., Aknazarov, O., Zallous, P., Tsoy, I., Kitaev, M., Mirrakhimov, M., Chariev, A., Bodmer, W.F. (2001) The Eurasian heartland: a continental perspective on Y-chromosome diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. US* 98, 10244-10249.

Wells, S. Deep Ancestry. Inside the Genographic Project (2006) National Geographic, Washington, DC, 248 p.

Wiik, K. (2008) Where did European men come from? *J. Genet. Geneal.* 4, 35-85.

**О «множественных и уникальных
генеалогических линиях коэнов»
(анализ данных, приведенных в публикации
Hammer, Behar, Karafet, Mendez, Hallmark, Erez,
Zhivotovsky, Rosset, Skorecki,
в Hum. Genet. , август 2009)**

Анатолий А. Клёсов

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

Авторский перевод с английского языка статьи Anatole A. Klyosov (2009) Human Genetics, published online October 8, 2009, DOI 10.1007/s00439-009-0739-1

Статья в значительной степени примечательна. Тема интригует, наличие связь с Библией, которая описывает еврейских коэнов как потомков Аарона, брата Моисея и прямого наследника Иакова, Исаака и далее Авраама. Блестящая (на мой взгляд) экспериментальная работа по хромосомному анализу гаплотипов и гаплогрупп.

И, что обескураживает – исключительно примитивный расчет, крайне устаревшая обработка мутаций в гаплотипах, и, как следствие, искаженные результаты работы в отношении времен жизни предков коэнов.

Принципиальных ошибок в работе две, но они основополагающие. Во-первых, количественная обработка гаплотипов (точнее, мутаций в них) проведена чохом, на круг, без предварительного деления их на ветви. Во-вторых, использование для расчетов печально известных «коэффициентов Животовского», которые принципиально искажают картину. Вообще вызывает изумление – как столь блестящие специалисты в ДНК-генеалогии, составляющие авторский коллектив, могли испортить блестящие же экспериментальные данные столь отсталыми методами их «обработки»? Это – загадка. Которая, впрочем, объясняется тем, что эти авторы – не специалисты в закономерностях мутаций в гаплотипах, динамики мутаций, способах их количественного анализа.

В работе использована еще одна «мелочь». Авторы использовали столь же печально известную величину «коэффициента Животовского» 0.00069

мутаций на маркер на поколение. Это – так называемая «популяционная» скорость мутаций. При этом, что существенно, авторы используют эту величину в любом случае – и для 12-маркерных гаплотипов, и для 22-маркерных, и для 9-маркерных. Хотя набор маркеров в каждом случае разный, как разные скорости их мутаций. Поразительно, но в статье это даже не обсуждается.

Приведу базовое положение мутационного анализа ДНК-генеалогии, неоднократно описанное мной ранее. Мутации в серии гаплотипов могут все «равномерно» происходить от одного общего предка. Иначе говоря, они образуют некую «пирамиду», стоящую на одной «вершине». «Вершина» - общий предок. Основание пирамиды (стоящей на вершине) – наши современники. Все они связаны прямыми генеалогическими линиями с вершиной, с общим предком. Если предок один – то это ситуация, которую в физической химии называют «кинетикой первого порядка», и вся совокупность мутаций у современников подчиняется определенным закономерностям. А именно, число немутированных гаплотипов должно относиться к общему числу гаплотипов по следующему (логарифмическому) закону:

$$\ln(N/n)/k = g$$

где:

N = общее число гаплотипов,

n = число немутированных гаплотипов,

k = константа скорости мутации для гаплотипов данной протяженности (это – усредненная величина, зависящая от числа маркеров а гаплотипе и вида самих маркеров), выраженная как среднее число мутаций на гаплотип (не на маркер) на поколение,

g = число поколений до общего предка данной серии гаплотипов.

Множество серий гаплотипов подчиняются этой закономерности. В таком случае вычисленное число поколений должно совпадать с числом, полученным по известной «линейной» формуле

$$M/N/k = g$$

где M = число мутаций в данной серии гаплотипов.

Последнюю формулу часто рассматривают в виде

$$M/N/q/k' = g$$

где q = число маркеров в гаплотипе, и k' = усредненная константа скорости мутации в расчете на маркер. Понятно, что $k' = k/q$.

Эти формулы, как и весь корректный расчет, приложимы только к «равномерным» сериям гаплотипов, тем, которые происходят от одного общего предка. Если же серия состоит из двух или более генеалогических линий, образовавшихся в результате «генетического дрейфа», или прохождения «бутылочного горлышка» популяции, то такую серию необходимо подразделять на соответствующие ветви, а анализировать каждую ветвь раздельно, применяя формулы выше. Критерий правильного разделения – одно и то же получаемое число поколений по «логарифмическому» и «линейному» методу (Klyosov, 2009).

И вот когда определен базовый (предковый) гаплотип для каждой ветви, только тогда сопоставлением этих базовых гаплотипов можно определить, когда жил ИХ общий предок. Математик скажет, что таким образом уравниваются «веса» каждой ветви гаплотипов, каждой генеалогической линии.

Потому что если «веса» ветвей не уравнивать, то одна ветвь может быть малой, другая – большой, многочисленной. Тогда «вычисляемое» время до общего предка будет фантомным, как и сам «общий предок», и смещено в сторону времени жизни предка более многочисленной серии. Меньше по размеру более древняя ветвь – время жизни «предка» смещено в сторону более многочисленной «молодой» ветви. Меньше по размеру «молодая» ветвь – «общий предок» становится древнее. Причем эта «древность» в огромной степени определяется отношением размеров, численности ветвей, и как называемая TMRCA гуляет от недавних времен к древним, принимая любые между ними значения.

Вот к этому и сводится так называемый «метод Животовского». На ветви он не разделяет. Идет анализ «чохом». Получаются любые данные, не имеющие особого смысла, «гуляющие» в любых пределах от выборки к выборке. Он может случайно попасть в правильную величину, а может и не попасть. Типа стрельбы с закрытыми глазами.

Подразделять гаплотипы на ветви можно не только сопоставлением логарифмического и линейного метода, но и построением соответствующего дерева гаплотипов. Тогда разумно выбранная программа группирует гаплотипы по отдельным ветвям, исходя из структуры гаплотипов, характера их мутаций.

Коэны гаплогруппы J1e* (J-P58*)

Авторы цитируемой работы определили время до общего предка для всех 99 гаплотипов гаплогруппы J1e* как 3200 ± 1100 и 3000 ± 1500 лет назад для 17- и 9-маркерных гаплотипов (в Таблице 1 цитируемой статьи указано, что 17-маркерных гаплотипов было 99, хотя в Таблице S3 Приложения их 98, а 12-маркерных гаплотипов в Таблице S4 действительно 99). При этом была использована «популяционная» скорость мутации, равная 0.00069 мутаций на маркер на поколение. Для 17-маркерных гаплотипов она на самом деле (точнее, рассчитанная на основе табличных данных [Chandler, 2006]) равна 0.00214 мутаций на маркер на поколение, и $0.00214 \times 22 = 0.047$ мутаций на гаплотип на поколение (последняя величина будет использована для логарифмического метода, см. ниже). Иначе говоря, в зависимости от состава серии гаплотипов (числа ветвей гаплотипов) полученная авторами датировка (число лет до общего предка) может быть завышена в 3.1 раза, или принимать любое значение в довольно широком интервале, что случайно может и совпасть с правильным. Проверим это.

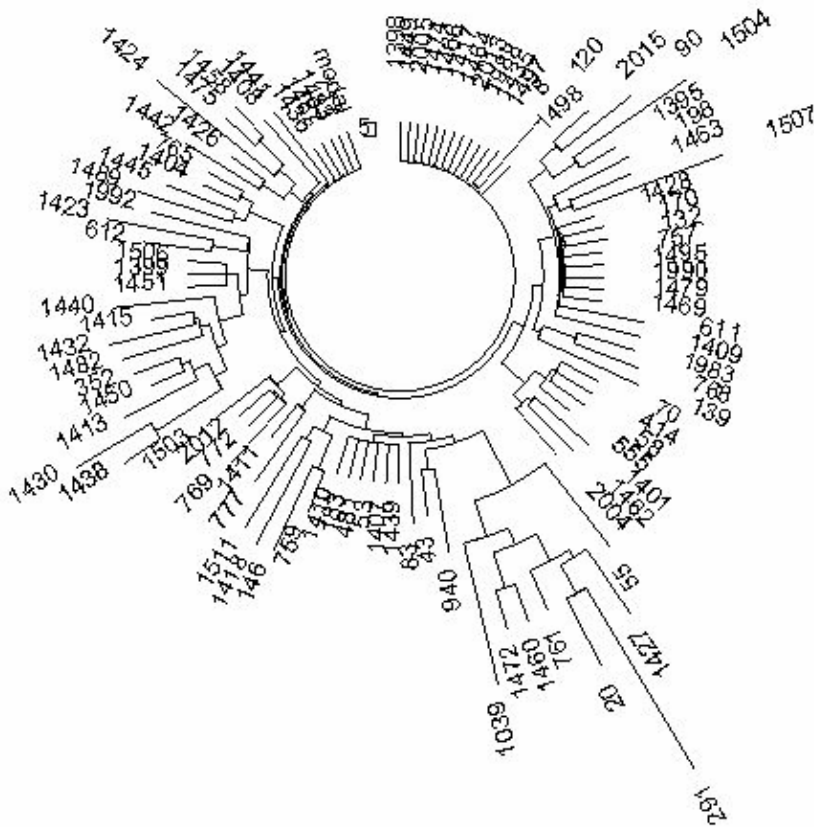


Рис. 1. Дерево из 98 22-маркерных гаплотипов коэнов гаплогруппы J1e*-P58* по данным (Hammer et al, 2009). Нумерация гаплотипов соответствует порядку в таблице S3 цитируемой статьи

На рис. 1 приведено дерево 22-маркерных гаплотипов, построенное по данным цитируемой работы. На дереве выделяются три основные ветви, каждая из которых содержит серию идентичных (для ветви) базовых гаплотипов. Это означает, что все три ветви довольно недавние, потому что гаплотипы столь протяженные, как 22-маркерные, довольно быстро мутируют. Все 98 гаплотипов дерева содержат 191 мутацию от базового гаплотипа (в формате FTDNA на первых 12 маркерах, и далее DYS 458, 459a, 459b, 455, 454, 447, 437, 448, 449 и 438).

12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 - 17 8 9 11 11 26 14 21 26 10

Это дает 1075 ± 130 лет до общего предка все серии из 98 гаплотипов. Примерно 10-й век нашей эры, плюс-минус столетие.

Та же серия, но из 12-маркерных гаплотипов, что дает меньшую информацию и с большей ошибкой расчетов, содержит 98 мутаций от первых 12 маркеров, приведенных выше, и дает 1175 ± 170 лет до общего предка.

Следует отметить, что маркеры DYS 385a, 385b, 459a, 459b и 458 авторы цитируемой работы не анализировали, редуцировав гаплотипы до 17-маркерных. Такая серия содержит 140 мутаций от базового гаплотипа, приведенного выше (за вычетом пяти маркеров), что дает 1175 ± 160 лет до общего предка (константа скорости мутации для этих 17-маркерных гаплотипов равна 0.00184 мутаций на маркер на поколение). Как видно, та же самая величина в пределах погрешности расчетов. Это принципиально отличается от величины 3200 ± 1100 лет до общего предка, приведенной (Hammer et al, 2009), и полученной с помощью «популяционных» методов. Как видно, отношение полученных величин - 3200 и 1075 лет до общего предка - равное 3.0, практически совпадает с отношением «генеалогической» и «популяционной» скоростей мутаций (в мутациях на маркер на поколение в 25 лет), $0.00214/0.00069 = 3.1$. Иначе говоря, «генеалогическую» серию гаплотипов коэнов авторы рассматривали как «популяционную».

Для 9-маркерных гаплотипов (за вычетом DYS 385a, 385b и 426) вся серия содержит 67 мутаций, что дает $67/98/0.018 = 38$ поколений до общего предка без поправки на возвратные мутации, и 40 поколений - с поправкой, что дает 1000 ± 160 лет до общего предка. Это - практически та же величина, что и определенная из 22-маркерных гаплотипов (1075 ± 130 лет), 17-маркерных (1200 ± 160 лет) и 12-маркерных (1200 ± 170 лет).

Продолжим анализ. Заметим, что серия из 16 базовых гаплотипов на вершине дерева полностью совпадает с базовым гаплотипом для всего дерева (один гаплотип имеет нулевую аллель в DYS438). Тогда, применив логарифмический метод, получим датировку жизни общего предка всей серии: $\ln(98/16)/0.047 = 39$ поколений (без поправки на возвратные мутации), то есть 41 поколение (с поправкой), или 1025 ± 280 лет до общего предка (здесь погрешность зависит от количества базовых гаплотипов в выборке, точнее, от обратной величины квадратного корня из количества базовых гаплотипов). Эта – практически та же самая величина, полученная «линейным» методом, то есть расчетом по мутациям. Это – важнейший критерий, что общий предок у всего дерева только один, и его датировка в данном случае определена верно как по мутациям, так и по базовым гаплотипам. Примерно 10-й век нашей эры, плюс-минус указанная погрешность.

Анализ по ветвям (выявление более недавних общих предков ветвей)

Три ветви дерева – из 44 гаплотипов (вверху и слева), справа и внизу (по 27 гаплотипов каждая), содержат соответственно 16, 8 и 6 базовых гаплотипов:

12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 – 17 8 9 11 11 26 14 21 26 10

12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 – 17 8 9 11 11 26 14 21 **27** 10

12 23 14 10 13 15 11 16 **11** 13 11 30 – 17 8 9 11 11 26 14 21 26 10

Верхний базовый гаплотип является базовым для всего дерева (см. выше), два других отличаются от него на одну мутацию каждый (выделены).

Логарифмический метод дает следующие ориентировочные величины - $\ln(44/16)/0.047 = 22$ поколения, то есть 550 лет до общего предка для первой ветви, $\ln(27/8)/0.047 = 26$ поколений, то есть 650 лет до общего предка для второй ветви, и $\ln(27/6)/0.047 = 32$ поколения, или (с поправкой на возвратные мутации) 825 лет до общего предка для третьей ветви. В то же время, например, вторая ветвь содержит 32 мутации от указанного базового гаплотипа, что дает $32/27/0.047 = 25$ поколений, то есть 625 ± 130 лет до общего предка. Это – та же самая величина, что рассчитана логарифмическим методом (650 лет до общего предка). То факт, что все три базовых гаплотипа отличаются друг от друга только на одну мутацию, указывает, что все три общих предка жили в пределах последнего тысячелетия, здесь и рассчитывать ничего не нужно.

То, что все линии коэнов недавние, идут от недавних общих предков, показывает дерево 12-маркерных гаплотипов (рис. 2). Оно построено на основании данных таблицы S4 в цитируемой работе Хаммера и др., которая содержит 99 12-маркерных гаплотипов коэнов.

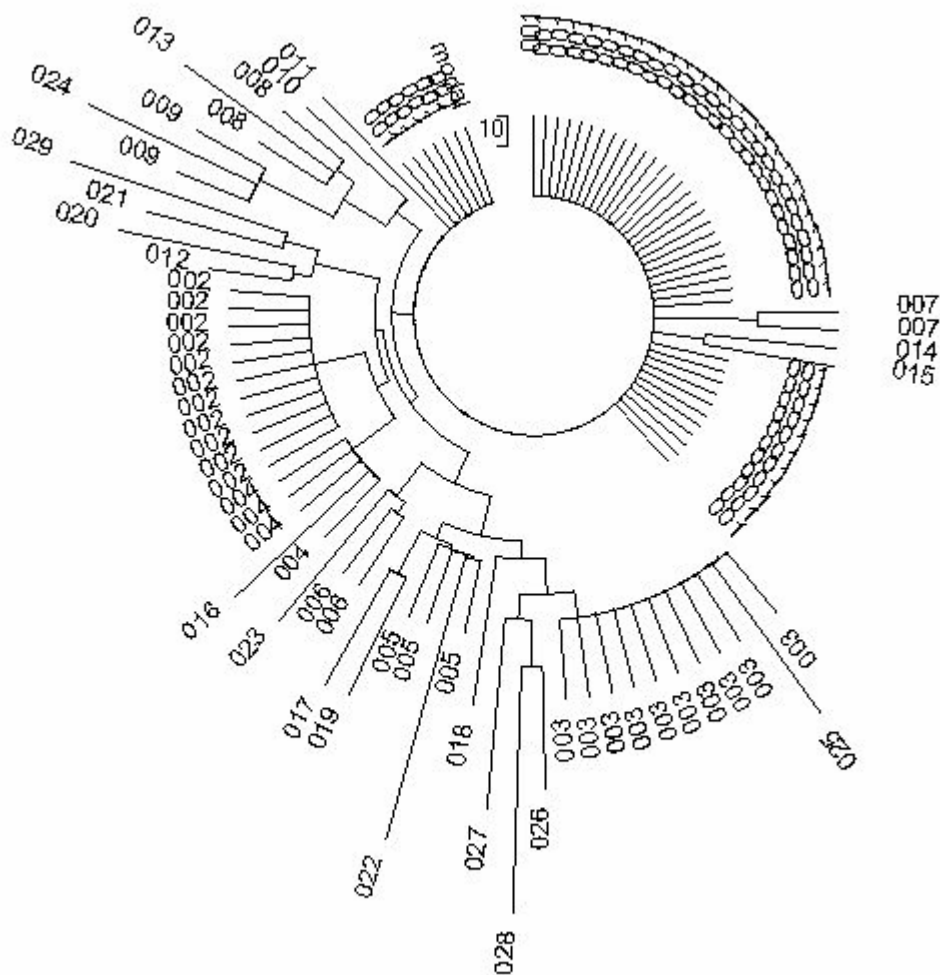


Рис. 2. Дерево из 99 12-маркерных гаплотипов коэнов гаплогруппы J1e*-P58* по данным (Hammer et al, 2009). Нумерация гаплотипов соответствует порядку в таблице S4 цитируемой статьи

Видно, что дерево гаплотипов опять состоит из трех ветвей – одна из 48 гаплотипов справа и сверху, из которых только пять гаплотипов мутированы (7, 7, 11, 14 и 15) и в которых имеется семь мутаций от базового гаплотипа (в формате FTDNA)

12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30

вторая из 27 гаплотипов слева вверху, в которой 11 базовых гаплотипов и 36 мутаций от базового гаплотипа

12 23 14 10 13 15 11 16 **11** 13 11 30

где только одна мутация (выделена) от базового гаплотипа первой ветви, и третья ветвь из остальных 24 гаплотипов, из которых 10 базовых (мутация от второго базового гаплотипа выделена)

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

и 18 мутаций от этого базового гаплотипа.

Все эти три ветви молодые, и времена жизни общих предков для них легко рассчитываются, причем двумя методами – логарифмическим и линейным – следующим образом:

Ветвь первая, $\ln(48/43)/0.022 = 5.0$ поколений, то есть 125 ± 50 лет до общего предка; по мутациям $7/48/0.022 = 6.6$ поколений до общего предка, то есть 165 ± 65 лет до общего предка. Эти величины практически совпадают в пределах погрешности расчетов, что подтверждает наличие одного общего предка для всей ветви гаплотипов.

Ветвь вторая, $\ln(27/11)/0.022 = 41$ поколение, или 43 поколения с учетом поправки на возвратные мутации, то есть 1075 ± 215 лет до общего предка; по мутациям $36/27/0.022 = 65$ поколений до общего предка (с учетом поправки на возвратные мутации), то есть 1625 ± 320 лет до общего предка. Эти величины технически совпадают в пределах погрешности расчетов, но различия заметны, что указывает на несколько более сложную структуру ветви.

Ветвь третья, $\ln(24/10)/0.022 = 40$ поколений (42 поколения с учетом поправки на возвратные мутации, то есть 1050 ± 260 лет до общего предка); по мутациям $18/24/0.022 = 34$ поколения до общего предка (35 поколений с учетом возвратных мутаций, то есть 875 ± 220 лет до общего предка). Эти величины практически совпадают в пределах погрешности расчетов, что подтверждает наличие одного общего предка для всей ветви гаплотипов.

Обычно расчеты по мутациям дают более надежные данные, и логарифмический метод служит критерием для наличия одного (или более) общего предка ветви или всего дерева. Будем и здесь использовать данные по мутациям.

Поскольку базовые гаплотипы первой и третьей ветви отличаются от базового гаплотипа второй только на одну мутацию каждая, можно предположить, что они обе являются дочерними ветвями второй. Одна мутация в 12-маркерных гаплотипах разделяет общих предков базовых гаплотипов на 1200 лет. Таким образом, общий предок первой и второй ветви жил примерно $(1200+165+1625)/2 = 1500$ лет назад. Это действительно и есть общий предок второй ветви в пределах погрешности расчетов. Первая ветвь – дочерняя.

Общий предок второй и третьей ветви жил примерно $(1200+875+1625)/2 = 1850$ лет назад. Это опять общий предок второй ветви в пределах погрешности расчетов.

Выводы по гаплотипам коэнов гаплогруппы J1e*

1. Общий предок всех 99 гаплотипов коэнов J1e* жил примерно 1500-1850 лет назад, то есть в первой половине 1-го тысячелетия нашей эры.
2. Величины 3200 ± 1100 и 3000 ± 1500 лет назад, полученные в цитированной работе, значительно завышены из-за применения неверной (для данных случаев) «популяционной скорости мутации» 0.00069 мутаций на маркер на поколение.

Коэны гаплогруппы J2a-M410*

Вот как выглядит дерево гаплотипов гаплогруппы J2a-M410 коэнов, причем не для 9- и 17-маркерных гаплотипов, как рассматривали авторы, а для всех 22-маркерных:

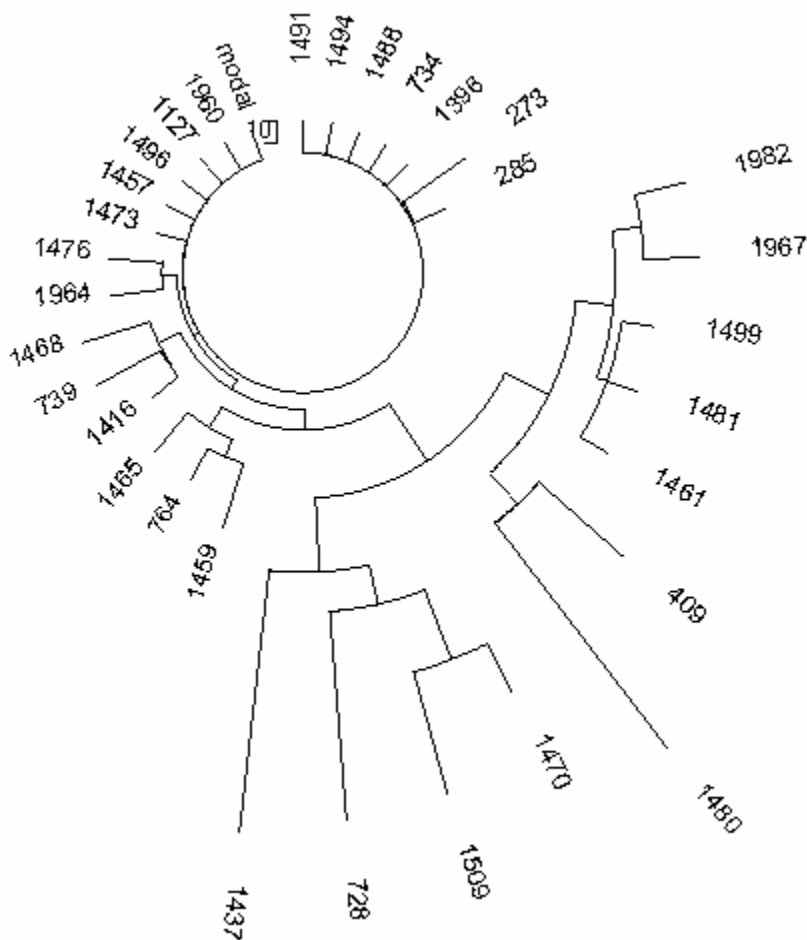


Рис. 3. Дерево из 31 22-маркерных гаплотипов коэнов гаплогруппы J2a-M410 по данным (Hammer et al, 2009). Сохранена нумерация гаплотипов в цитируемой статье.

Видно, что дерево состоит из двух принципиально различных ветвей, кардинально различающихся по возрасту общих предков. Более старая ветвь (справа) в свою очередь подразделяется на две подветви разной численности по гаплотипам.

Ясно, что считать все дерево «на круг», как это делается в статье, да еще делить на некую «популяционную скорость», то есть на 0.00069 мутаций на маркер на поколение, лишено всякого смысла. То есть случайно угадать можно, особенно если задать большую погрешность расчетов, но при этом теряется информация о древнем и недавнем предках, их отдельных генеалогических линиях. В этом и состоит суть различий между ДНК-генеалогией и популяционной генетикой.

Как считали авторы цитируемой работы? Взяли всю серию из 31 гаплотипов, приложили «популяционную скорость», и получили 5900±2000 лет до общего предка по 17-маркерным гаплотипам, и 4900±1900 лет по 9-маркерным. Почему 17-маркерные, а не 22-маркерные? Потому что отбросили маркеры DYS385a,b и DYS459a,b, а заодно и DYS449.

Как видно, более «молодую» серию гаплотипов для рассмотрения просто проигнорировали, хотя в анализ на «круг» включили.

Давайте посмотрим, что получается при более аккуратном рассмотрении. В «молодой» ветви 20 гаплотипов, из них 11 – базовые (то есть идентичные друг другу), предковые, понимая под «предковыми» гаплотипы недавнего общего предка для «молодой» серии. Логарифмический метод дает для этой серии $\ln(20/11)/0.047 = 13$ поколений до общего предка «молодой» серии коэнов. Величину константы скорости мутации для 22-маркерных гаплотипов (0.047 маркер/гаплотип/поколение) мы получили суммированием констант скоростей из таблицы Чандлера (Chandler, 2006), добавив к ним скорость мутации для DYS 457, равную 0.00055, поскольку по числу мутаций она равна скорости мутации для DYS 438, равную по таблице Чандлера 0.00055 мутаций/маркер/поколение.

Как видно, конкретные мутации мы даже не рассматривали в этом анализе, только долю мутированных гаплотипов по отношению ко всем в серии. Линейный метод дает 14 мутаций во всех 20 гаплотипах по отношению к базовому (предковому) гаплотипу (в формате FTDNA на первых 12 маркерах, и далее DYS 458, 459a, 459b, 455, 454, 447, 437, 448, 449 и 438):

12 23 15 10 14 17 11 16 12 14 11 30 -- 15 8 9 11 11 25 15 21 31 9

Это дает $14/20/22/0.00214 = 15\pm 4$ поколений до общего предка, то есть практически ту же величину, что и логарифмический метод, в пределах ошибки расчетов. Таким образом, общий предок для «молодой» ветви коэнов жил 375±110 лет назад, примерно в 17-м веке нашей эры. У его потомков – разнообразная география, от Австро-Венгрии, Германии, Польши, Румынии и Украины до Туниса и североафриканского острова Джерба.

Более древняя ветвь распадается на две подветви с очень разными предковыми гаплотипами. В одной подветви – Иран, Ирак, Аргентина и Северная Африка, с 24 мутациями во всех четырех 22-маркерных гаплотипах. Это дает 3650±830 лет до общего предка данной подветви.

Вторая подветвь, которую образуют гаплотипы коэнов происхождением из России, Украины, Белоруссии, Литвы и Польши, то есть бывшей Российской империи, что имеет прямой смысл, имеет общего предка всего 13 ± 8 поколений назад (три мутации на 110 маркеров), или 325 ± 190 лет до общего предка, со следующим предковым гаплотипом:

12 23 15 10 14 17 11 15 12 13 11 39 -- 15 8 9 11 11 24 15 21 32 9

Как видно, на дереве две недавние ветви коэнов с примерно одним временем до общих предков, но сами предки совершенно разные, и их базовые гаплотипы расходятся на четыре мутации (выделено в базовом гаплотипе выше). Это разносит их общих предков на 2325 лет, и помещает их общего предка примерно на 1500 лет назад, 6-й век нашей эры.

Еще одна малая подветвь, которую составляют коэны из Австро-Венгрии и Сирии, слишком мала, чтобы ее анализировать. Ее два гаплотипа расходятся на 16 мутаций, что составляет 5100 ± 1400 лет до общего предка.

Даже если ограничиться двумя подветвями, коэнов из Российской империи, и подветвью из четырех гаплотипов (Ирак, Иран, Аргентина и Африка), то между их базовыми гаплотипами имеется 12 мутаций на 22 маркера, что помещает их общего предка на 6200 лет назад.

Итак, общий предок нижней правой ветви на рис. 1 жил как минимум 6200 лет назад, и дал две ДНК-генеалогические ветви – комбинированную ближневосточную и африканскую, с основателем 3650 ± 830 лет назад, и ветвь коэнов Российской империи 325 ± 190 лет, примерно 17-й век нашей эры. Помимо того, есть молодая европейская ветвь с общим предком 375 ± 110 лет назад, происходящая от общего предка примерно 1500 лет назад, от которого пошли как минимум две ДНК-генеалогические линии (с предками, жившими 325 ± 190 и 375 ± 110 лет назад).

Очевидно, что генеалогические линии коэнов гаплогруппы J2a представляют конгломерат ДНК-генеалогических линий, с довольно частыми сдвигами, дрейфом, или «бутылочными горлышками» популяции.

Характерно, что базовый гаплотип коэнов Российской империи, приведенный выше (гаплогруппа J2a-M410*), идентичен базовому гаплотипу евреев гаплогруппы J2, определенному в 37-маркерном формате (Klyosov, 2008), если его записать в том же формате, что показан выше:

12 23 15 10 14 17 11 15 12 13 11 39 -- 15 8 9 11 11 24 15 21 32 9

Получается, что «еврейская» часть гаплогруппы J2 – это именно J2a-410*, или идентичная ей по гаплотипам. Эта линия вовсе не специфична для коэнов J2a-410*.

Если убрать маркеры DYS385a,b, DYS459a,b и DYS449

Рассмотрим, насколько разумным было снятие указанных маркеров авторами цитируемой статьи. Константа скорости мутации для 17-маркерных гаплотипов, используемых в цитированной работе (Hammer et al, 2009) равна 0.031 мутаций на гаплотип на поколение, и 0.00184 мутаций на маркер на поколение. Тогда для «молодой» ветви на 20 гаплотипов число мутаций равно 9, что дает расстояние до общего предка $9/20/17/0.00184 = 14$ поколений, то есть 350 ± 120 лет. Это практически то же самое, что 375 ± 110 лет назад, определенное по 22-маркерным гаплотипам. Непонятно, зачем авторы снимали пять маркеров (DYS385a,b, DYS459a,b, и DYS449), поскольку время до общего предка коэнов (на примере «молодой» ветви) гаплогруппы J2a остается тем же.

То же наблюдается и для других ветвей. Ветвь коэнов Российской империи, которая для 22-маркерных гаплотипов имела общего предка 325 ± 190 лет назад (три мутации на 110 маркеров), для 17-маркерных гаплотипов имеет общего предка 325 ± 230 лет назад (две мутации на 85 гаплотипов). Опять непонятно, зачем было снимать пять маркеров, то есть терять для рассмотрения целую серию информативных мутаций.

То же самое – и для древних ветвей. 24 мутации в четырех гаплотипах в подветви на 22-маркерных гаплотипах (3650 ± 830 лет до общего предка) редуцировались до 16 мутаций на четырех 17-маркерных гаплотипах, что дает 3575 ± 960 лет до общего предка, это опять практически та же самая величина, только с большей погрешностью расчетов.

Вывод – не было никакого смысла авторам цитируемой работы снимать пять маркеров, редуцируя число маркеров с 22 до 17. Информация при этом уменьшается, как и точность расчетов.

Если убрать 13 маркеров, редуцировав гаплотипы до 9-маркерных

В этом случае «молодая» ветвь содержит 9 мутаций (в отличие от 14 мутаций для 22-маркерных гаплотипов, что давало 375 ± 110 лет до общего предка), и указывает на $9/20/9/0.002 = 25$ поколений, или 625 ± 220 лет до общего предка. Это – почти та же самая величина в пределах точности вычислений.

То же самое – и для древних ветвей. 24 мутации в четырех гаплотипах в подветви на 22-маркерных гаплотипах (3650 ± 830 лет до общего предка) редуцировались до 7 мутаций на четырех 9-маркерных гаплотипах, что дает 2425 ± 1200 лет до общего предка, опять практически та же самая величина в пределах погрешностью расчетов, но 9-маркерные гаплотипы дают значительно более высокую погрешность.

Выводы по гаплотипам коэнов гаплогруппы J2a

1. Генеалогические линии коэнов гаплогруппы J2a представляют конгломерат ДНК-генеалогических линий, с довольно частыми сдвигами, дрейфом, или «бутылочными горлышками» популяции. Наиболее недавние линии происходят от общих предков всего 375 ± 110 лет и 325 ± 190 лет назад, разойдясь от общего предка примерно 1500 лет назад, древняя линия ведет свое начало от общего предка, жившего 3650 ± 830 лет назад. Общий предок всех этих ветвей жил как минимум 6200 лет назад.
2. Авторам цитируемой работы не имело никакого смысла выбрасывать маркеры от 22-маркерных гаплотипов до 17- и 9-маркерных, поскольку во всех случаях получаются одни и те же результаты расчетов.
3. Авторы цитируемой работы выбрали принципиально неверную методику расчетов времени жизни общего предка. Игнорирование ДНК-генеалогических ветвей выборки и применение неадекватных и устаревших методов «популяционной генеатики» приводит к принципиально искаженным, неверным результатам. «Коэффициент Животовского», или «популяционные скорости мутаций» (0.00069 мутаций на маркер на поколение) является совершенно грубой оценкой, и обычно приводит к неверным результатам, ограничившись к тому же одним общим предком коэнов гаплогруппы J2a, жившим 5900 ± 2000 или 4900 ± 1900 лет назад, и потеряв обе недавних генеалогических линии (375 ± 110 лет и 325 ± 190 лет назад), их общего предка примерно 1500 лет назад, и общего предка, жившего 3650 ± 830 лет назад. Из их данных, впрочем, остается неясным, какого общего предка они выявили – 6200 лет назад или 3650 ± 830 лет назад? Скорее всего, никакого, просто случайное совпадение с широким захватом погрешностью оценки.

Козны гаплогруппы J2b-M12

В Таблице S3 цитируемой статьи Хаммера и др. приведены пятнадцать 22-маркерных гаплотипов кознов субклада J2b-M12 (хотя авторы сообщили в тексте, что рассмотрели 16 гаплотипов). Согласно авторам цитируемой работы, их общий предок жил 12100 ± 4400 лет назад.

Проверим это. Дерево гаплотипов приведено на рис. 4.

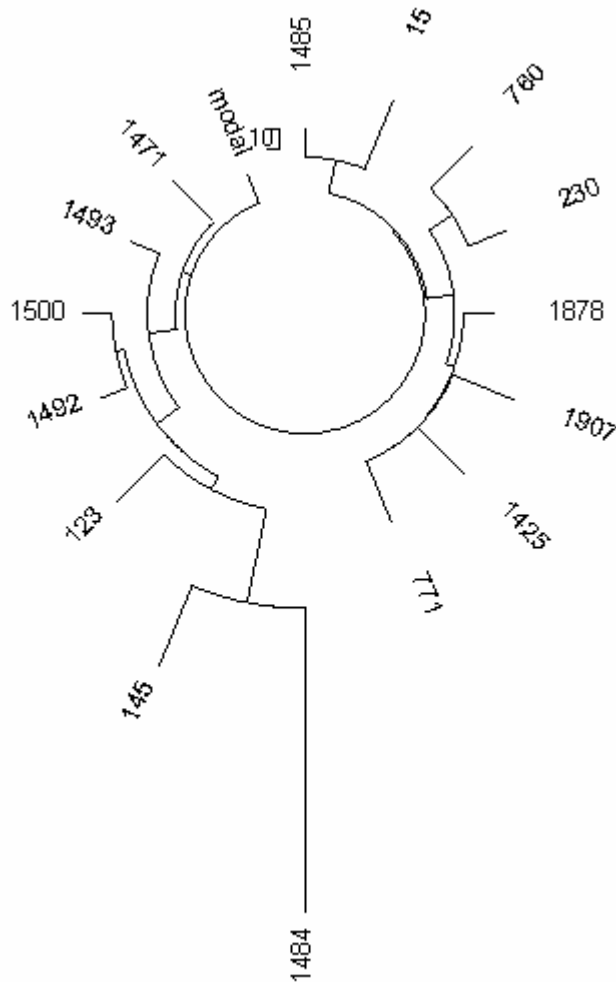


Рис. 4. Дерево из пятнадцати 22-маркерных гаплотипов кознов гаплогруппы J2b-M12 по данным (Hammer et al, 2009). Сохранена нумерация гаплотипов в цитируемой статье.

На дереве отчетливо видны две ветви. Одна, из 8 гаплотипов справа, содержит 15 мутаций от следующего базового гаплотипа (в формате, приведенном выше):

13 24 15 10 15 17 11 15 12 12 11 29 – 19 8 9 8 11 27 16 19 29 9

Это дает $15/8/0.047 = 40$ поколений (без поправки на возвратные мутации) или 42 поколения (с поправкой), то есть 1050 ± 290 лет до общего предка.

Ветвь из 7 гаплотипов слева содержит 37 мутаций от базового гаплотипа

12 24 15 10 15 17 11 15 12 12 11 **28** – 18 8 9 8 11 27 16 19 29 9

что дает 3150 ± 600 от общего предка ветви. Эти два базовых гаплотипа различаются на три мутации, что помещает их общего предка примерно на 2950 лет назад. Иначе говоря, правая ветвь есть дочерняя левой, и общий предок коэнов всего субклада J1b-M12 жил 3150 ± 600 лет назад.

Авторы цитируемой статьи ошиблись здесь с датировкой почти в четыре раза (!). Поскольку они не разделяли гаплотипы на ветви, то рассматривали «материнский» и «дочерний» базовые гаплотипы как независимые, и поэтому насчитали массу мутаций, совершенно не относящихся к делу. Это же они повторили на 17-маркерных и на 9-маркерных гаплотипах, делая одну и ту же ошибку. На самом деле разделение ветвей и их отдельная обработка дает для 22- и 17-маркерных гаплотипов следующие времена до «недавнего» и «древнего» общеих предков, соответственно:

- 1050 ± 290 и 3150 ± 600 лет (15 и 37 мутаций для соответствующих ветвей),
- 900 ± 310 и 3725 ± 800 лет (9 и 20 мутаций),

Для 9-маркерных гаплотипов число лет до общего предка для недавней ветви оказалось таким же (1100 ± 460 лет), а для древнего предка заметно отклонилось (1500 ± 600 лет), короткие гаплотипы при их малом количестве приводят к заметным ошибкам.

Выводы по гаплотипам коэнов гаплогруппы J2b-M12

Общий предок для 15 коэнов данного субклада жил 3150 ± 600 лет назад, и его потомки образовали дополнительную ветвь коэнов, начавшуюся 1050 ± 290 лет назад. Никаких времен типа 12100 ± 4400 лет назад до общего предка коэнов данного субклада нет и близко. Ошибка авторов в данном случае составила примерно 390%.

Литература

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

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009) Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. *Hum. Genet.*, published online 08 August 2009

Klyosov, A.A. (2008) Origin of the Jews via DNA genealogy. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484)*, 1, No. 1, 54-232.
<http://www.lulu.com/content/2677603>

Klyosov, A.A. (2009) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. *J. Genetic Genealogy*, in the press.

Anatole A. Klyosov (2009) A comment on the paper: "Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood by M.F. Hammer, D.M. Behar, T.M. Karafet, F.L. Mendez, B. Hallmark, T. Erez, L.A. Zhivotovsky, S. Rosset, K. Skorecki, *Hum. Genet.* , Published online 08 August 2009". *Human Genetics*, published online October 8, 2009, DOI 10.1007/s00439-009-0739-1

Наследие древнего Ханаана в ДНК современных евреев

Алиев А. А., Ампилогов А. Ю., Лутак С. В., Клёсов А.А.

*Но Иевусеев, жителей Иерусалима, не могли
изгнать сыны Иудины, и потому Иевусеи живут
с сынами Иуды в Иерусалиме даже до сего дня.
Нав. 15.63*

Начиная беседу

Религиозные священные тексты являются ценным источником не только о мировоззрениях людей, но и об этногенезе отдельных древних народов. Упомянутые в Библии свидетельства о происхождении человечества от одной пары людей, генетическом родстве древних евреев и арабов воспринимались до недавнего времени не иначе как легенды.

Последние разработки в области ДНК-генеалогии показали, что в основе этих свидетельств лежат вполне реальные факты. В результате кропотливой работы учёных были установлены «Y-хромосомный Адам» – далёкий предок всех ныне живущих мужчин и «митохондриальная Ева» – прапраматерь всех современных людей. Исследования Y-хромосомы сеидов – потомков имама Али, двоюродного брата пророка Мохаммеда – выявили их общего предка, жившего около 1500 лет назад – «Y-хромосомного Абд Аль-Мутталиба» – деда Мохаммеда и Али и носителя гаплогруппы J1e (Elass, 2009).¹

Среди современных арабов и евреев гаплогруппа J носит преобладающий характер, что также подтверждает библейскую легенду об их происхождении от одного предка – Авраама, который, как показал А. А. Клёсов, имел гаплогруппу J1 (Klyosov, 2009).² Впрочем, то, что его имя было Авраам, вовсе не обязательно, но такой человек, от которого пошла как еврейская, так и арабская генеалогические линии, как показывает ДНК-генеалогия, на самом деле был и жил примерно 4000±520 лет назад. Арабская линия J1, впрочем, перешла к разным народам, так что в итоге многие люди, не имеющие прямого отношения ни к арабам, ни к евреям, ведут свою ДНК-линию к библейскому Аврааму.

Однако в работах по ДНК-генеалогии, посвящённых выявлению современных потомков исторических библейских и коранических

персонажей, должным образом не рассмотрен вопрос о Y-ДНК народов, живших на территории Обетованной (Ханаанской) Земли *до прихода туда евреев*. Земли, позже известной как Палестина.

Коренные палестинцы

По Библии, земля, обещанная Богом Аврааму и его потомкам, простиралась вдоль берега Средиземного моря от Нила и до Евфрата³ и именовалась Ханааном.⁴ В более узком смысле Ханааном называли западную часть Плодородного полумесяца, простиравшуюся на запад от р. Иордан. В настоящее время Ханаан поделён между Сирией, Ливаном, Израилем и Иорданией.

В Священном Писании народам ханаанской земли, жившим там до появления евреев, дано название «семь народов»,⁵ хотя в самом тексте их перечислено больше. Это – *амореи, хеттеи, филистимляне, сидоняне, иевусеи, гергесеи, евеи, арвадеи, цемареи, хорреи* и др. В совокупности все эти народы именуются *хананеями*⁶ и считаются потомками *Ханаана*, который в свою очередь является одним из сыновей *Хама*,⁷ навлекшего проклятие на своего сына.⁸ Вследствие этого проклятия, земля хананеев подлежала передаче евреям, а сами хананеи – полному истреблению.⁹

О большинстве этих народов ничего неизвестно, кроме одного названия или, в лучшем случае, редких упоминаний в Библии. Но есть несколько наиболее значительных хананейских народов, заслуживающих более пристального рассмотрения. Это *амореи, хеттеи, филистимляне* и *хорреи*.

Амореи – потомки *Аморей*, сына *Ханаана*.¹⁰ Жили во многих областях Палестины.¹¹ Моисей разбил амореев, но окончательно они не были истреблены и остались жить среди евреев.¹² Впоследствии Соломон превратил уцелевших амореев вместе с остатками прочих хананейских народов в оброчных работников.¹³ Даже во времена Ездры ещё упоминаются женитьбы евреев на аморейских женщинах.¹⁴

Несмотря на незавидную судьбу, описанную в Ветхом Завете, амореи сыграли значительную роль в истории, далеко выходящую за пределы Сирии и Палестины. Они основали первую царскую династию Вавилона, самым знаменитым представителем которой был Хаммурапи (1792-1750 гг. до н. э.), создатель ещё более известных «Законов Хаммурапи». Известно аморейское царство Мари на среднем Евфрате, где в результате раскопок был обнаружен царский архив (около 20 тыс. глиняных табличек). Эти послания из архива способствовали лучшему пониманию библейских

данных, относящихся к временам патриархов. Царство Амурру в Палестине-Финикии упоминается в египетских документах из архива Телль-Амарна. В шумерских и аккадских текстах 23-16 вв. до н. э. шумерское MAR.TU и аккадское *Amurru* встречаются как географический термин, означающий «запад».

Хеттеи фигурируют в Ветхом Завете как одно из племён, родственных амореям – оба эти народа происходят от сыновей Ханаана – Аморея и Хета.¹⁵ Из книги Иисуса Навина следует, что хеттеи населяли всю территорию между Ливаном и Евфратом.¹⁶ Книги Царств сообщают, что хеттейские наёмники Урия¹⁷ и Ахимелех¹⁸ служили в израильских армиях. В других фрагментах сообщается, что евреи брали себе в жёны хеттейских женщин.¹⁹ Всё это может говорить о том, что хеттеи и народ Израиля вполне мирно сосуществовали, частично смешиваясь друг с другом.

Многие учёные отождествляют хеттеев Ханаана с хеттами (Герни, 1987),²⁰ известными с рубежа II-III тыс. до н. э. Это подтверждается фактами. Хотя сама страна хеттов находилась севернее – в Анатолии и Сирии, из египетских источников следует, что хетты длительное время пребывали на подвластных Египту территориях, куда входила и Палестина. Кроме того, в языке ранних книг Ветхого Завета, выявляется целый ряд слов хеттского происхождения, что говорит о культурном взаимодействии хеттов и древних евреев.

Филистимляне населяли земли по берегу Средиземного моря от Нила до Екрона.²¹ В Библии филистимляне именуется разными названиями, в том числе амореями²² и хананеями.²³ Это был очень воинственный народ. Евреи его не покорили, и он постоянно вёл с ними войны. Давид убил филистимлянина Голиафа, но позже нашёл убежище среди этого народа.²⁴ Это указывает, что филистимляне тоже не были истреблены и жили среди евреев. Надо отметить, что по Библии филистимляне происходят не от Ханаана, а от Каслухима.²⁵ Каслухим был сыном Мицраима, а сам Мицраим – старшим братом Ханаана.²⁶ То есть по Библии, филистимляне и амореи являются родственниками.

Хорреи – древние обитатели горной страны Сеир к югу от Мёртвого моря,²⁷ которых изгнали идумеи,²⁸ но, по-видимому, не полностью, т. к. позже их старейшины упоминаются среди жителей земли Сеир.²⁹ Родоначальник хорреев именовался Сеиром.³⁰

Исследователь Гернот Вильгельм отождествляет хорреев с хурритами (Вильгельм, 1992)³¹ – древним народом, известным с 3-го тыс. до н. э. в Северном Междуречье и создавшим такие государственные образования

Ближнего Востока как царство Уркеша и Навара (современная граница Сирии и Турции, 20-19 вв. до н. э.), Митанни (1600-1200 гг. до н. э.), Киццуватна (1500-1400 гг. до н. э.). Помимо этого, хурриты создали ряд городов-государств, охватывавших территорию от Палестины до Месопотамии.

Возможно, благодаря соседству с израильтянами, культура хурритов имела ряд общих черт с ними – в клинописных документах, обнаруженных среди развалин древнего г. Нузи (Нузу) близ современного Киркука описаны правила, известные из Библии по сказаниям о патриархах. Так, у хурритов тоже было принято, чтобы слуга становился наследником бездетной семьи;³² бесплодная жена могла отдать мужу служанку для продолжения рода;³³ право первородства могло быть продано³⁴ и др.

Итак, несмотря на то, что Библия упоминает коренные народы Палестины исключительно в негативных тонах и говорит об их полном уничтожении, в ней же самой содержатся указания на то, что часть доеврейского населения Земли Обетованной сохранилась и влилась в состав еврейского народа. Этот момент будет служить нам отправной точкой в деле выявления современных потомков древних хананеев.

Внуки Мицраима и Ханаана

Основываясь на библейских свидетельствах, можно предположить, что по Y-хромосоме древнее население Ханаана должно было относиться к ближневосточным гаплогруппам, но не быть родственными самим евреям (то есть не J и её субклады). «Ханаанейские» гаплогруппы вошли в еврейскую среду ещё до рассеяния и поэтому должны присутствовать у всех еврейских групп – ашкеназов, сефардов, израэлитов и коэнов. Среди гаплогрупп, представленных среди современных евреев (Coffman-Levy, 2005; Klyosov, 2008),^{35, 36} наиболее вероятной в этом отношении является E1b1b1 (M35) и её субклады – E1b1b1c1, E1b1b1a1 и E1b1b1a3. Остальные (G1, G2, I1, I2, K, Q, R1a, R1b, R2, T) представлены лишь в отдельных локальных сообществах евреев, что говорит об их позднем появлении среди евреев. Либо сами эти субклады возникли уже после еврейского завоевания Ханаана и поэтому не могли быть у древних хананеев. Правда, гаплогруппа R1b среди евреев относится к общему предку, который жил 5400±500 лет назад (Klyosov, 2008),³⁶ то есть задолго до образования евреев как этнокультурного сообщества, но эта гаплогруппа «пришлая», привнесённая на Ближний Восток бедуинам, намного позже ставшими евреями, в ходе миграции носителей R1b на их пути из Евразии и далее по Северной Африке в Европу.

По имеющимся данным, гаплогруппа E1b1b1a1 зародилась 4300±680 лет назад (Лутак и Клёсов, 2009)³⁷ в Верхнем Египте, т. е. до еврейского завоевания Ханаана, которое было примерно 3600 лет назад. Могла быть и у древних хананеев. Носители этого субклада могли влиться в состав еврейского народа в период его пребывания в Египте или быть потомками египтян, позже поселившихся в Земле Обетованной и принявших иудаизм.

Общий предок субклада E1b1b1a3 жил 5075±600 лет назад (Лутак и Клёсов, 2009).³⁷ Он тоже мог быть у древних хананеев. В настоящее время 6,9% палестинских арабов тоже относятся к этому субкладу (Лутак и Клёсов, 2009).³⁷ Кроме того, он присутствует и у самаритян (Bonn et al, 2003; Shen et al, 2004).³⁸

По данным Клёсова (2008),³⁹ современные еврейские носители гаплогруппы M35 делятся на четыре ветви. Представители первой ветви составляют две трети от общего числа исследованных и происходят от одного общего предка, жившего 6400±400 лет назад. Три другие группы происходят от предков, живших менее 1100 лет назад.

Для нашего исследования привлечём еврейские 25-маркерные гаплотипы из баз данных Haplozone E-M35⁴⁰ и Jewish E3b project.⁴¹ Гаплотипы с невыясненными SNP не использовались. Вся выборка состояла из 99 человек, из которых 69 чел. (~70%) относились к гаплогруппе E1b1b1c1, 25 чел. (25%) – E1b1b1a3, 5 чел. (5%) – E1b1b1a1.

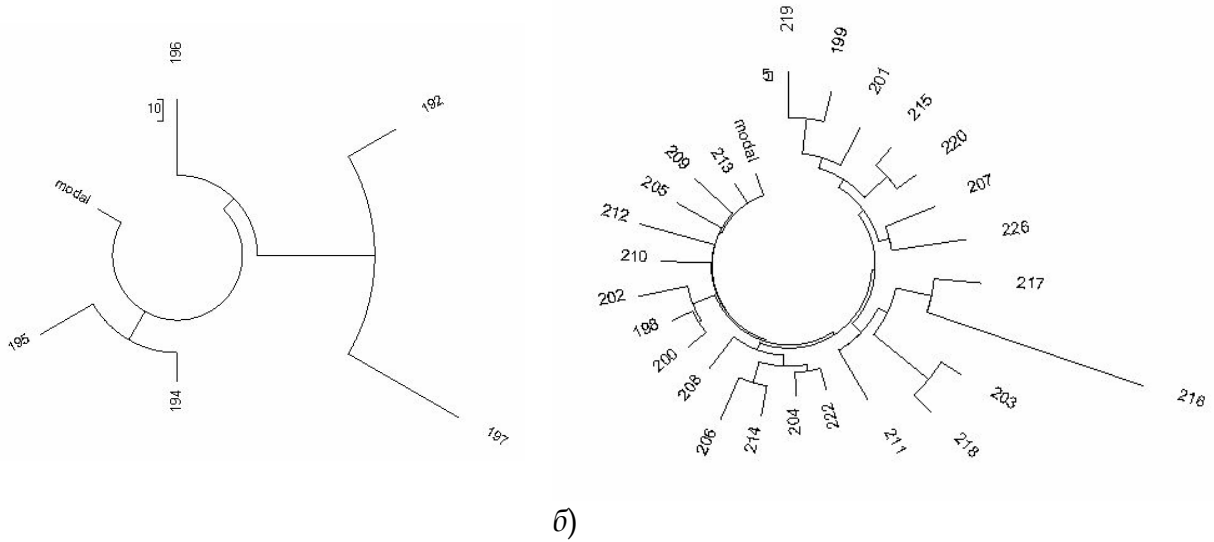
Примечательно, что наибольшая концентрация гаплогруппы E1b1b1c1 (M34) (у 14 чел. из 45 исследованных неевреев, 31,1%) наблюдается у популяции иорданских арабов в районе Мёртвого моря (Flores, 2005).⁴²

Подавляющее большинство в нашей выборке составляют разнообразные носители гаплогруппы E1b1b1c1 (M34). Это не может не наводить на мысль, что на раннем этапе своей истории древние евреи имели тесные связи с народами – носителями данной гаплогруппы, если корни этой гаплогруппы у евреев действительно уходят в те времена. Забегая вперёд скажем – так и оказалось.

Строим, считаем, разбираем

По алгоритму Phylip (the Phylogeny Inference Package program, Felsenstein, 2005), были построены филогенетические древа (рис. 1-3). Нас сейчас интересуют лишь те результаты, что соотносимы с эпохой исхода евреев из

Египта и скитания по пустыне, то есть примерно 3600 лет назад. По нашей выборке из гаплогрупп E1b1b1c1, E1b1b1a3 и E1b1b1a1 построили филогенетические деревья (рис. 1-2) и определили периоды жизни их родоначальников.



а) б)
 Рис. 1. Филогенетические деревья еврейских E1b1b1a1 (5 гаплотипов) (а) и E1b1b1a3 (25 гаплотипов) (б)



Рис. 2. Филогенетическое дерево еврейских E1b1b1c1 (69 гаплотипов)

Из этих деревьев следует, что общий предок евреев с E1b1b1a1 жил всего лишь 2150±550 лет назад, что слишком поздно для нашего случая. Значит, этот субклад у евреев – позднее внесение. Второе дерево говорит, что общий предок евреев с E1b1b1a3 жил ещё позже – 1500±240 лет лет назад, т. е. 2000 лет спустя после ханаанского завоевания, что тоже можно считать поздним вливанием. Как было приведено выше, эти субклады у неевреев появились 4300±680 и 5075±600 лет назад соответственно, то есть намного раньше, чем у евреев. Стало быть, субклады E1b1b1a1 и E1b1b1a3 – «новобранцы» в еврейском сообществе.

А вот древо евреев с гаплогруппой E1b1b1c1 получилось весьма занятное. Судя по нему, субклад E1b1b1c1 попал к евреям двумя совершенно разными путями от двух очень далеко по времени живших людей. Один жил 3375±430 лет назад, т. е. как раз во времена заселения евреями Ханаана, что вписывается в хронологию событий. Другой – уже в нашей эре, 1875±250 лет назад.

Итог беседы

Итак, из трёх ранее предполагаемых субкладов гаплогруппы E1b1b1 (M35) только субклад E1b1b1c1 перешёл к евреям в период их появления в Палестине. Как было показано, носителями этого субклада в Ханаане, вероятнее всего, были представители таких крупных народов Анатолии и Месопотамии, как хетты, амореи и хурриты. Но об этом – в наших дальнейших исследованиях.

Литература

¹ R. Ellass. DNA could illuminate Islam's lineage. The National. June 18, 2009. UAE

² Klyosov, A. A. DNA genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Geneal., 2009, in the press

³ Быт. 12.1; 13.15; 15.18-21; Евр. 11.9

⁴ Исх. 15.15; Ис. 23.11

⁵ Вт. 7.1; Деян. 13.19

⁶ Быт 10.15-18, 12.6

⁷ Быт 9.18, 22, 25-27; 10.6, 15; 1Пар. 1.8, 13

⁸ Быт. 9.25

⁹ Чис. 31.17; Вт. 20.16; 25.19

¹⁰ Быт. 10.15-16

- ¹¹ Быт. 14.7, Быт. 14.13, Чис. 13.30; Нав. 10.5,6
- ¹² Чис 21.21-35; Втор 2.24-3.11, 2Ц. 21.2; 3Ц. 9.20-21, Суд 1.35; 3.5; 1Цар 7.14, 2Пар 8.7 и след., Езд. 9.1, Иез. 16.3
- ¹³ 3Цар. 9:20 и след.; 2Пар. 8.7 и след.
- ¹⁴ Езд. 9.1
- ¹⁵ Быт. 10.15
- ¹⁶ Нав. 1.2-4
- ¹⁷ 2Цар. 11.3
- ¹⁸ 1 Цар. 26.6
- ¹⁹ Быт. 26:34, 36:2, Суд. 3.5
- ²⁰ Гёрни О. Р. Хетты. Наука, М., 1987, 240 с.
- ²¹ Быт. 10.14, Нав. 13.3
- ²² 1Цар. 7.14
- ²³ Нав. 13.3; Соф 2.5
- ²⁴ 1Цар. 27.1-7
- ²⁵ Быт. 10.14
- ²⁶ Быт. 10.6
- ²⁷ Быт. 14:6
- ²⁸ Втор. 2:12, 22
- ²⁹ Быт. 36.21, 29, 30
- ³⁰ Быт. 36.20,21; 1Пар. 1.38
- ³¹ Вильхельм Г. Древний народ хурриты, М., Наука, ГРВЛ, 1992, с. 21.
- ³² ср. Быт. 15.2
- ³³ ср. Быт. 16.2
- ³⁴ ср. Быт 25.30-34
- ³⁵ Coffman-Levy. A mosaic of people: the Jewish story and a reassessment of the DNA evidence. *Journal of Genetic Genealogy* 1: 12-33, 2005
- ³⁶ Klyosov A.A. Origin of the Jews via DNA Genealogy. *Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy*, 1, 54-232 (2008)
- ³⁷ Лутак, С.В. и Клёсов, А.А. Гаплогруппа E1b1b1a (M78) – современные потомки древних египтян. *Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии* 2 (4): 639-669, апрель 2009 г.
- ³⁸ V. Bonn´ e-Tamir et al. Maternal and paternal lineages of the Samaritan isolate: mutation rates and time to most recent common male ancestor, 2003; P. Shen et al. Reconstruction of patrilineages and matrilineages of Samaritans and other Israeli populations from Y-chromosome and mitochondrial DNA sequence variation, 2004
- ³⁹ Клёсов, А. А. Происхождение евреев с точки зрения ДНК-генеалогии. Евреи гаплогруппы E3b. Заметки по еврейской истории, февраль 2008 г. (<http://berkovich-zametki.com/2008/Zametki/Nomer2/Klyosov1.htm>).
- ⁴⁰ Haplozone E-M35
- ⁴¹ Jewish E3b project

⁴² Flores et al. (2005), «Isolates in a corridor of migrations: a high-resolution analysis of Y-chromosome variation in Jordan», *J Hum Genet* 50: 435-441, doi:10.1007/s10038-005-0274-4

ПОЛЕМИКА

**Рецензия на статью С.П. Каржавина
«Роль калмыков в формировании
генетического портрета казахского этноса. Опыт
имитационного моделирования исторического
развития популяций»
(Вестник Российской академии ДНК-генеалогии, 2009,
№4, с. 670-746.**

Жаксылык Сабитов

babasan@yandex.ru

В своей статье Каржавин С.П. затронул очень важную тему, точнее даже две важные темы:

1. Была произведена попытка создать модель изменения гаплогрупп у одного этноса под влиянием соседнего этноса.
2. Была произведена попытка оценить роль калмыков и джунгар в гаплогруппном портрете казахов.

На наш взгляд обе задачи не удались у исследователя, и дело даже не в том, что были допущены некоторые методологические огрехи, дело в малом объеме информации, которая имеется у исследователей популяций казахского и калмыцкого этносов. Во-первых, в некоторых статьях, в которых приведены гаплогруппы калмыков, не приведено какой-либо другой генеалогической информации, которая могла бы быть использована при исторических реконструкциях. Во-вторых, в общем, недостаточное количество тестированных гаплотипов казахов и калмыков, а также малое количество маркеров в них ведет к тому, что исследователю изначально приходится идти в темной комнате, где виден всего лишь маленький луч света, и в условиях плохой видимости объектов исследователь всегда может ошибиться, приняв стол за стул и наоборот.

Так как наша рецензия посвящена статье Каржавина С.П., то мы бы хотели начать излагать свой взгляд на видение проблемы. Мы бы хотели изложить свои узловые несогласия с некоторыми положениями статьи Каржавина С.П. (курсивом указаны отрывки из статьи Каржавина С.П.)

1. Выдвигаемая гипотеза:

Результаты анализа ДНК в половых хромосомах казахов позволяют предположить, что значительную, если не основную роль в омонголивании древних жителей казахской степи сыграли ойраты (калмыки), расселившиеся в Казахстане с начала 17 и до конца 18 веков. Влияние же гуннского, тюркского и монгольского периода на генетический облик насельников Казахстана, скорее всего, сильно преувеличено.

Нам бы очень хотелось бы знать, на основании, каких данных автор пришел к таким выводам. Хотелось бы отметить, что из казахских родов большая половина пришла из Монголии в 13 веке (уйсун, дулат, конырат, найман, керей, албан (предположительно албат, ветвь кереев) алшин (алчи-татар), торе, маленькая часть (кипчаки и канлы) была автохтонами, происхождение некоторых родов (большинство из них малочисленны, кроме аргынов) покрыто тайной (рода, входящие в жетиру, аргын, уак, шапрашты, ысты, шанышкылы, суан и т.д.), так как названия их, видимо, происходили от личных имен основателей этих родов. Если исходить из данных автора, то получится, что такие племена как уйсун, дулат, конырат, найман, керей, албан, алшин (алчи-татар), торе или хотя бы часть из этих родов изначально имели немонгольские гаплогруппы, а приобрели их в результате соседства с калмыками и джунгарами.

2. Обоснование связи фенотипа и гаплогруппного состава этноса. Здесь автор утверждает то, что в изолированных районах этой связи нет, за счет подавления одним гаплотипом всех остальных:

В географически открытых регионах, к которым можно отнести Казахстан, Среднюю Азию, Восточно-европейскую равнину, Балканы, Ближний восток соответствие гаплогруппного состава и фенотипа должны хорошо коррелировать.

Я считаю, что тут не учтены два фактора, такие, как полигамия-моногамия и способ хозяйствования. Эти факторы на наш взгляд имели большую значимость, чем открытость региона.

2.1. При полигамии многие мужчины не могли зачастую передать свою гаплогруппу потомству. При этом, напротив, успешные мужчины очень

быстро могли распространить свою гаплогруппу за счет большого количества жен.

2.2. При кочевом хозяйстве нужно отметить две вещи. Большинство племен при поражении откочевывало, а не оставалось на месте, как в оседлых странах, поэтому за короткий период гаплогруппный портрет региона, где живут кочевники, очень сильно мог измениться за счет откочевки проигравшего этноса. Конечно, победителям доставались дети и женщины, но они при полигамии не могли сильно изменить гаплогруппный состав популяции. Также известны примеры, когда часть проигравших оставалась в подчинении новых хозяев степи, сохраняя свое название. Например, канглы-печенег, часть из которых откочевала на Запад, а часть вошла в состав Огузов, а позже, когда Огузов выгнали кипчаки, они стали вассалами кипчаков.

3. Модель.

На каждом последующем поколении в данную популяцию и в определенном количестве вводятся мужчины и женщины иного этноса путем браков с представителями этой популяции, тем самым, осуществляя метисацию исходного автохтонного этноса.

Сразу хотелось бы заметить, что среди казахских родов родство всегда считалось исключительно по мужской линии, принять в род мужчину из другого рода, а тем более народа, было почти не возможно. Если это и происходило, то это надолго сохранялось в народной памяти (например, таракты среди аргынов, байджигит среди найманов, ергенекты уак среди уаков), так что ввод мужчин-ойратов в казахскую популяцию мог происходить только в сословие толенгут, которое позже стало казахским родом. В то же время калмыцких и джунгарских девушек казахи спокойно брали в жены, ведь их дети в любом случае, в независимости от статуса и национальности матери, становились членами отцовского рода.

4. Гипотеза о том, как северокитайский этнос передал гаплогруппу O3 ойратам, которые позже передали эту гаплогруппу казахам, киргизам, уйгурам.

Изначально не понятно на основании чего решил автор, что гаплогруппа O3 является только китайской. Гаплогруппы с национальностями не имеют строгой корреляционной связи, здесь можно судить о связи только на основании модальных гаплотипов (причем чем они длиннее, тем лучше), а судить о том, что казахи O3 это потомки ойратов 17 века, чьи деды

этнические китайцы, это то же самое, что судить о близком родстве басков R1b и индусов R1a на основании того, что они обе относятся к R1.

5. Причины сохранения межэтнических браков на высоком уровне.

Казах или казашка также не могли вступить в брак со своими родственниками до седьмого колена. Это был строгий закон, нарушение которого могло привести даже к казни, например в виде разрывания на части конями.

Очень хотелось бы узнать, откуда взят пассаж с конями. Как мне известно, запрет носил характер обычая кара-суеков (ак-суеки, кожа и торе слабо придерживались этого обычая). Также родство высчитывалось в основном по мужской линии, по женской не особо. Например, четырехюродные брат и сестра, имевшие общего прапрадеда для одного по мужской линии, а для другой по линии ее матери, вполне могли не знать о своем родстве. И только потом, лет через десять лет жизни, узнать о таком генеалогическом казусе, благодаря приезду в гости общего родственника для обоих.

У казахов же юношу просто отправляли искать невесту как можно дальше от родовых кочевий. Идеальным был брак между представителями разных жузов, в крайнем случае разных племен или родов того же жуза. Даже сейчас в том же Алматы или Астане моножузвые браки встречаются значительно реже.

Хотелось бы отметить, что за невестами за три девять земель никто из казахов не ездил. В большинстве своем перемешивались со своими соплеменниками, между которыми было больше семи поколений по мужской линии, по женской так сильно родство не отслеживали. Примером может послужить моя генеалогия. Отец моей матери принадлежал к роду Аргын подроду Караул, племени Жаулыбай-Жаксылык. Мать моей матери была также из караулов, но из племени Шунгурша. Дедушка и бабушка по отцовской линии оба были из племени Бабасан, подрода Атыгай, рода Аргын. Идеальным браком не считался брак между разными жузами, да и если есть определенная доля межжузовых браков в Астане и Алматы это, прежде всего, связано со столичным статусом, где обычно собирались все казахи из разных жузов.

Очевидно, что многие из них (енисейских киргиз), вместе с ойратами, стали толенгутами казахских султанов. Толенгутов было так много, что в 19 веке они образовали целую толенгутскую волость на землях среднего жуза. Это вливание (киргизов и ойратов) оценивают в 5% казахского населения.

Хотелось бы сразу отметить, что толенгутов было не так уж и много, а название Толенгутская волость просто свидетельствует, что именно в

данной местности проживало огромное количество толенгутов (т.е. местность была ставкой одного из торе). Непонятно, на чем основаны оценки о 5% вливаний в казахский народ (это мнение автора статьи, или чья-то оценка?) и по какому признаку это влияние было (Y-хромосома, митохондрии, аутосомы).

Остатки Ногайской Орды, примерно в 40 тысяч человек на долгое время попали в подчинение калмыкам до их ухода в 1771 году, после чего они вошли в состав младшего жуза.

Хотелось бы отметить, что при Нуралы часть ногайцев вошла в состав Младшего Жуза: около 100 ногайских семей образовали род Ногай-казак в Западном Казахстане, но упоминание о 40 тысячах ногаях, вполне может запутать читателя, поэтому я вношу поправку. Также есть мнение Харузина о численности ногайцев, вошедших в состав Младшего Жуза (11000 кибиток), но эти цифры характерны для второй половины существования Букеевской Орды (территория между реками Урал и Волга, не весь Младший Жуз). Население казахских родов было в большинстве (16550 кибиток в 1824 году + 500 кибиток сословия кожа (потомки пророка Мухаммеда и первых халифов, а также различных среднеазиатских святых) и 1000 кибиток толенгутов (ханская гвардия, набравшихся из разных родов и этносов). В 1801 году кибиток было всего 5000, а в 1803 за счет мигрантов увеличилось до 7500. К тому же надо учесть, что Букеевская Орда по численности представляла всего лишь малую часть казахов Младшего Жуза. Сама же цифра в 40000 человек вошедших одновременно в состав Младшего Жуза вряд ли верна, вошла определенная группа ногаев, которая в казахском окружении быстро ассимилировалась, и в конце концов составила отдельный род Ногай-казак, состоящий из четырех подродов: (Казан-кулак, Костанбалы, Уйсун-Ногай, Кояс)

У казахских уаков и аргынов много калмыков. Известный аргынский батыр Шакшак у которого была жена ойратка, дала новый род у аргынов.

В методологии это называется small number of cases. Один эпизод не может использоваться как доказательство множества. К тому же хотелось бы знать, откуда у автора информация о том, что у Шакшака была жена ойратка и что именно она положила основание всем шакшакам. (Далеко не факт, что она была его единственной женой и матерью всех его детей).

У казахских найманов есть рода калмыков (жети, каракишы, кошпели, анда)

Опять хотелось бы знать, откуда данные, если они основаны на лингвистическом созвучии, то вряд ли они калмыки, если же есть

исторические свидетельства, что эти рода калмыкские или ойратские, то хотелось бы знать источник.

В свою очередь у кереев есть башкирский род естяк.

Не хотелось бы огорчать автора, но этот род, скорее всего, просто тезка названию башкир (иштяк)

6. Базовые значения доли межэтнических браков.

Для военных периодов истории Казахстана частоту межэтнических браков для мужчин примем равной минимальному значению 3 %, а для женщин возьмем значение 2 %, для мирных периодов значение будет 1 % для мужчин и женщин.

Хотелось бы сказать, что здесь цифры взяты с потолка. Во-первых, количество жен ойраток и калмычек у казахов могло быть больше, а вот количество мужей ойратов и калмыков меньше, так как пленным жен могли не давать, а браки со свободными ойратами и калмыками вводили женщин из своего народа, и ее дети уже были калмыками и ойратами. Во-вторых, тут не учтено такое явление, как полигамия, при полигамии жен было много, и они были из разных мест.

7. Гаплогруппный состав исходных популяций.

В качестве эталонных гаплогруппных распределений казахов и монголов используются данные, полученные усреднением по нескольким публикациям.

Хотелось бы знать на основе, каких публикаций проводилось усреднение и каков сам механизм расчета этого усреднения.

В качестве модели исходного европеоидного населения Казахстана примем этнос, гаплогруппный состав которого соответствует русским Центральной части России (среднее арифметическое распределения гаплогрупп в популяциях Вологды и Тамбова)

В целом можно согласиться, что R1a было в большом количестве представлено в Казахстане (о чем свидетельствуют ДНК), но, скорее всего, они не были равны популяциям Вологды и Тамбова (например, гаплогруппа I вряд ли была равна 30% у андроновцев и их наследников).

Китаизация монголов

Нигде в исторических документах не сказано о том, что проводилась генетическая китаизация монголов (распространение гаплогруппы O3 через смешанные браки китайцев и монголов и последующее включение этих метисов в монгольский этнос). Гаплогруппа O3 не была исключительно монополией китайцев, и вполне могла жить в степи с незапамятных времен. Мы связываем гаплогруппу O3 с таким племенем, как найманы. Они вполне могли разнести эту гаплогруппу среди казахов, киргизов, монголов и т.д.

В качестве примера дополнительных межэтнических контактов можно упомянуть казахский род катаганы с гаплогруппой J2, который пришел из Афганистана.

Катаганы по Рашид аддину происходят от брата Бодончара. Никаких свидетельств о том, что они пришли из Афганистана, нет. Протестирован всего один катаган у казахов, и на этой основе делать далеко идущие выводы не стоит.

8. Численность казахов.

Автор оценивает численность казахов исходя из данных Татищева:

Башкиры по численности равны казахам, каракалпаков в два раза меньше казахов и т.д. Всего у казахов 9 тысяч кипчаков, 40-50 тысяч из Младшего и Среднего жуза и больше 10 тысяч в Старшем жузе.

Хотелось бы отметить, что данные любого историка нужно всегда воспринимать критически и нужно проводить историографический анализ разных источников по одному вопросу, чтобы попытаться ответить на данный вопрос. Если следовать данным Татищева, то получается, что из 59-69 тысяч казахов 9 тысяч были кипчаками (13-15 % от всех казахов). Хотелось бы сразу отметить, что кипчаки у казахов не являются большим родом. Они были средними по численности, в отличие от таких больших родов как аргыны, найманы и алшины (байулы и алимулы).

Выводы автора вытекают из статьи, поэтому мы не будем повторяться и закончим критическую часть здесь.

Хотелось выразить благодарность автору за его попытку создать модель этнического изменения гаплогрупп у народов, но хотелось бы заметить, что полигамия, родовая структура народа (каждый казах знал свою генеалогию

как минимум семи поколений, а чужаки в роду в большинстве случаев не оставались, исключения надолго сохранились в народной памяти) и кочевой образ жизни отличали казахов от оседлых соседей, и та модель, которая, возможно, будет применима для оседлых жителей, вряд ли применима для казахов. Роль калмыков и джунгар в митохондриальных и аутосомных маркерах, скорее всего, гораздо больше, чем их роль в Y-хромосомных маркерах.

Ответные комментарии.

С.П. Каржавин

Предварительные замечания рецензента:

1. Была произведена попытка создать модель изменения гаплогрупп у одного этноса под влиянием соседнего этноса.
2. Была произведена попытка оценить роль калмыков и джунгар в гаплогруппном портрете казахов.

На наш взгляд обе задачи не удались у исследователя, и дело даже не в том, что были допущены некоторые методологические огрехи, дело в том, что в малом объеме информации, которая имеется у исследователей популяций казахского и калмыцкого этносов. Первое, в некоторых статьях, в которых приведены гаплогруппы калмыков не приведены какой-либо другой генеалогической информации, которая могла быть использована при исторических реконструкциях. Второе, в общем, такое «большое» обилие гаплотипов казахов и калмыков, а также малое количество маркеров ведет к тому, что исследователю изначально приходится идти в темной комнате, где виден всего лишь маленький луч света, и в условиях плохой видимости объектов исследователь всегда может ошибиться, приняв стол за стул и наоборот.

Ответ №1 автора на предварительные замечания:

Из всего вышесказанного уважаемым рецензентом можно выделить главные его возражения, что, во-первых, попытка автора статьи создать модель не удалась, во-вторых, «большое» обилие гаплотипов казахов и калмыков, а также малое количество маркеров ведет к тому, что исследователю изначально приходится идти в темной комнате...», и, в-третьих, что оценка роли калмыков и джунгар в гаплогруппном портрете казахов не удалась.

На третье возражение ответим постепенно, частями и в течение всего ответа на рецензию.

А теперь начнем с первого возражения. Уважаемый рецензент не разобрался, что количество маркеров никак в модели не используется, поскольку моделируются не гаплотипы, а гаплогруппная принадлежность индивидов. Поэтому сетования на малое количество маркеров вообще не по теме данного исследования. Замечание, что *“не приведены какой-либо другой генеалогической информации, которая могла быть использована при исторических реконструкциях”* вызывает недоумение, поскольку из дальнейшего текста рецензии явственно следует, что рецензент не понял, что кроме мужских гаплогрупп равноправно используются и женские гаплогруппы, а также массу популяционной информации, сформировав тем самым **многомерный** корпус данных, описывающих анализируемые в статье этносы.

По поводу малости статистики можно сказать следующее. Автору данной статьи, уже довольно долго занимающемуся статистическим моделированием в разных областях науки, на деле известна важная роль достаточного объема статистики. К счастью статистические ДНК-данные постоянно пополняются, и со временем имеет смысл уточнить количественные характеристики полученных выводов, но вот качественно они вряд ли изменятся. Дело в том, что если доля доминантных гаплогрупп у исследуемых этносов скорректируется, скажем, на 10% (вряд ли больше), то это потребует изменения базовых параметров модели, например, частоты межэтнических браков, примерно на 10-15%, то есть незначительно по сравнению с той минимальной границей данного параметра, которая была использована в процессе моделирования. Или “поплывет” вычисленное количество поколений на 10-15%, что, очевидно, не изменит суть основных выводов.

Теперь по второму возражению, что попытка создания модели не удалась. На самом деле модель у любого исследователя есть всегда, даже если он ее формально не изложил. Субъективный образ объективного мира в голове – это тоже модель: модель реальности. Люди всегда оперируют моделями. Но оставим философские вопросы в стороне, хотя из них напрямую вытекают основы методологии математического моделирования. В данном случае уважаемый рецензент должен был говорить не об отсутствии модели, поскольку она не просто описана в статье формально, а реализована в виде имитационной компьютерной программы, а о недостаточной степени ее адекватности, которая может выражаться, скажем, в:

- неполном феноменологическом описании, т.е., какие-то важные эффекты не учтены (например, полигамия, отсутствие которой в модели рецензент далее несколько раз отмечает, но которая на самом деле учтена);
- несоответствии числовых значений параметров, которые использованы в модели, и т.п.

Именно с этих методологических позиций будем далее воспринимать возражения уважаемого рецензента. Думается, он согласится с этими уточнениями.

Чтобы ответить на конкретные возражения, для удобства сохраним первоначальную структуру рецензии, тогда будет понятно, каких именно мест в статье касались возражения рецензента.

1. Выдвигаемая гипотеза:

Цитата №1 из статьи:

Результаты анализа ДНК в половых хромосомах казахов позволяют предположить, что значительную, если не основную роль в омонголивании древних жителей казахской степи сыграли ойраты (калмыки), расселившиеся в Казахстане с начала 17 и до конца 18 веков. Влияние же гуннского, тюркского и монгольского периода на генетический облик насельников Казахстана, скорее всего, сильно преувеличено.

Замечание №1 рецензента:

Нам бы очень хотелось бы знать, на основании, каких данных автор пришел к таким выводам.

Ответ №2 автора на замечание №1:

Первый же вопрос уважаемого рецензента удивляет. Цитируемые выводы вытекают из начального предположения-догадки, которое в результате проведения статистического моделирования обретает доказательность. Именно этому и посвящена вся статья. Получается, уважаемый рецензент не понял основного постулата модели?

Замечание №2 рецензента:

Хотелось бы отметить, что из казахских родов большая половина пришла из Монголии в 13 веке [уйсун, дулат, коньрат, найман, керей, албан

(предположительно албат, ветвь кереев) алшин (алчи-татар), торе], маленькая часть (кипчаки и канлы) была автохтонами, происхождение некоторых родов (большинство из них малочисленны, кроме аргынов) покрыто тайной (рода, входящие в жетиру, аргын, уак, шапрашты, ысты, шанышкылы, суан и т.д.), так как название их видимо происходили от личных имен основателей этих родов. Если исходить из данных автора, то получится, что такие племена, как уйсун, дулат, коньрат, найман, керей, албан, алшин (алчи-татар), торе или хотя бы часть из этих родов изначально имели немонгольские гаплогруппы, а приобрели их в результате соседства с калмыками и джунгарами.

Ответ №3 автора на замечание №2:

Хочется задать вопрос уважаемому рецензенту, а на каком основании он отнес кыпчаков и кангы к маленькой части казахских родов 13-го века? У рецензента есть численные данные? Дело в том, что в 13 веке кыпчакские племена и канглы занимали гигантские территории от Дуная до Монголии. К тому же к канглы - это и печенеги, остатки которых сохранялись в нижнем Подунавье, и многие туркменские роды, которые традиционно были весьма многочисленными. Например, Рубрук, путешествуя ко двору Менгу-хана, отмечал, что от Волги *«и по всей той земле, и еще дальше жили канглы, какие-то родственники команов»* (гл.2).

Кроме того, в статье упомянуты результаты соответствующих археологических исследований, показывающие весьма значительную европеоидность обитателей Казахстана в первых веках новой эры. В этом отношении исходные данные для моделирования и археологические данные согласованы.

Как правильно отметил уважаемый рецензент, автор действительно утверждает, что большинство казахских родов имело (и имеет!) в значительном количестве "немонгольские" гаплогруппы, причем ранее их доля была выше. Но именно это и доказывается в процессе моделирования.

Остается неясным вопрос, а какие именно гаплогруппы уважаемый рецензент считает "монгольскими"? Если под монгольской гаплогруппой еще как-то можно понимать C3, а, скажем, O3 (китайская), Q (более всего северная), N1c (финно-угорская) - уже нет. Возможно, еще N1b? А остальные гаплогруппы, коих и у казахов и у монголов в предостаточном количестве, считать исконно монгольскими, наверное, было бы неправильно? Приходится еще раз повторить, что главным результатом исследования являлось вскрытие механизма передачи C3 и O3 и частичное "угасание" R1a и R1b, а остальные гаплогруппы как были в этом регионе у

предков казахов, так и остались, перераспределяясь между родами в процессе взаимного этногенеза.

2. Обоснование связи фенотипа и гаплогруппного состава этноса. Здесь автор утверждает то, что в изолированных районах этой связи нет, за счет подавления одним гаплотипом всех остальных.

Цитата №2 из статьи:

В географически открытых регионах, к которым можно отнести Казахстан, Среднюю Азию, Восточно-европейскую равнину, Балканы, Ближний Восток, соответствие гаплогруппного состава и фенотипа должны хорошо коррелировать.

Замечание №3 рецензента:

Я считаю, что тут не учтены два фактора, такие как полигамия-моногамия и способ хозяйствования. Эти факторы на наш взгляд имели большую значимость, чем открытость региона.

2.1. При полигамии, многие мужчины не могли зачастую передать свою гаплогруппу потомству. При этом успешные мужчины очень быстро могли распространить свою гаплогруппу за счет большого количества жен.

2.2. При кочевом хозяйстве нужно отметить две вещи. Большинство племен при поражении откочевывало, а не оставалось на месте, как в оседлых странах, поэтому за короткий период гаплогруппный портрет региона, где живут кочевники, очень сильно мог измениться за счет откочевки проигравшего этноса. Конечно, победителям доставались дети и женщины, но они при полигамии не могли сильно изменить гаплогруппный состав популяции. Также известны примеры, когда часть проигравших оставалась в подчинении новых хозяев степи, сохраняя свое название. Например, канглы-печенеги, часть из них откочевало на Запад, а часть вошла в состав Огузов, а позже когда Огузов изгнали кипчаки, они стали вассалами кипчаков.

Ответ №4 автора на замечание №3:

На самом деле учету полигамии в модели уделено серьезное внимание. Это сделано через введение мужчин-доминантов 1-го и 2-го уровня (детей доминантов 1-го уровня), одной, но не единственной, особенностью которых значительно большее количество детей, чем у рядовых

общинников и пр. Крайне важным параметром в модели является вероятность не иметь вообще ни одного ребенка у рядовых общинников, что как раз и покрывает проблему отсутствия жен у части мужчин в полигамном обществе. Надо было просто вникнуть в описание модели, а не ограничиваться только изучением исторических вопросов, изложенных в статье, поскольку они носят сугубо вспомогательный характер.

Уважаемый рецензент привел много предположений, суждений, но не предоставил никаких альтернативных численных оценок в их пользу. Мало того, в статье приведены данные по северным народам, быт которых также во многом опирается на перекочевки, да и уровень хозяйствования довольно близок к казахскому в Средневековье. При этом отмечена высокая доля межэтнических браков (параграф 2.2, особенно пункт 2.2.1). Малая плотность населения, сложный рельеф местности не мешали им тесно этнически взаимодействовать. Такое впечатление, что уважаемый рецензент просто проигнорировал приведенные в статье многочисленные данные, а заменил их некими собственными соображениями, весьма далекими от реальных результатов, полученных специалистами.

3. Модель.

Цитата №3 из статьи:

На каждом последующем поколении в данную популяцию и в определенном количестве вводятся мужчины и женщины иного этноса путем браков с представителями этой популяции, тем самым, осуществляя метисацию исходного автохтонного этноса.

Замечание №4 рецензента:

Сразу хотелось бы заметить, что среди казахских родов родство всегда считалось исключительно по мужской линии, и принять в род мужчину из другого рода, а тем более народа, было почти невозможно. Если это и происходило, то это надолго сохранялось в народной памяти (например, таракты среди аргынов, байджигит среди найманов, ергенекты уак среди уаков), так что ввод мужчин-ойратов в казахскую популяцию мог происходить только в сословие толенгут, которое позже стало казахским родов. В то же время калмыкских и джунгарских девушек казахи спокойно брали в жены, ведь их дети в любом случае, в независимости от статуса и национальности матери, становились членами отцовского рода.

Ответ №5 автора на замечание №4:

Уважаемый рецензент продемонстрировал типичный пример формирования некоего особого облика народа-легенды, которому несвойственны поражения, чьи девушки никогда не могли стать женами инородцев, и не было таких батыров из других народов, которые могли бы быть приняты на равноправной основе, а только на правах рабов и слуг. Конечно, это благородно и патриотично, но весьма далеко от реалий.

Заметим, что в случае победы одного этноса над другим у побежденных мужчин не спрашивают согласия на использование их женщин. А от них-то и рождаются мальчики с гаплогруппой победителей. Особенности этого механизма межэтнического взаимодействия и иных были описаны в статье, и здесь повторять их не имеет смысла. Именно таким образом возникало множество родов, причем, не только у казахов, монголов, ойратов, но и вообще у большинства народов. Это была общечеловеческая практика.

По поводу межэтнического взаимодействия опять отсылаю уважаемого рецензента к параграфу 2.2. Думается, казахи ничем особенным в этом отношении от остальных народов Северо-Восточной Евразии не отличались.

4. Гипотеза о том, как северокитайский этнос передал гаплогруппу O3 ойратам, которые позже передали эту гаплогруппу казахам, киргизам, уйгурам.

Замечание №5 рецензента:

Изначально непонятно, на основании чего решил автор, что гаплогруппа O3 является только китайской. Гаплогруппы с национальностями не имеют строгой корреляционной связи, здесь можно судить о связи только на основании модальных гаплотипов (причем чем они длиннее, тем лучше), а судить о том, что казахи O3 - это потомки ойратов 17 века, чьи деды этнические китайцы, это то же самое, что судить о близком родстве басков R1b и индусов R1a на основании того, что они обе относятся к R1.

Ответ №6 автора на замечание №5

Считаем, что изначально O3 была у китайцев, а потом только мигрировала на север. Уважаемый рецензент высказал сомнение в этом, но никак не аргументировал и численно не показал, как и откуда O3 появилась. Автор

статьи выдвинул гипотезу, не противоречащую общепринятой исторической версии, и проверил ее возможность. Эта возможность оказалась более чем вероятной.

Непонятно, что имел в виду уважаемый рецензент под строгой корреляционной связью. Напомним, что корреляция – это не строгая связь, а, напротив, - стохастическая (случайная), и этот факт мало того, что в статье не отрицается, а прямо используется в стохастической процедуре моделирования – основе метода.

Заметим, что в модели рассматривается не только гаплогруппный состав мужской части популяции, но и женской ее части. К тому же, направление «движения» гаплогруппы ОЗ от китайцев к монголам, ойратам и далее основано не только на анализе ее доли в гаплогруппном составе, но и не противоречит историческим событиям.

5. Причины сохранения межэтнических браков на высоком уровне

Цитата №4 из статьи:

Казах или казашка также не могли вступить в брак со своими родственниками до седьмого колена. Это был строгий закон, нарушение которого могло привести даже к казни, например в виде разрывания на части конями.

Замечание №6 рецензента:

Очень хотелось бы узнать, откуда взят пассаж с конями, как мне известно, запрет носил характер обычая кара-суеков (ак-суеки, кожа и торе слабо придерживались этого обычая). Также родство высчитывалось по мужской линии в основном, по женской не особо, четырехюродные брат и сестра имевшие общего прапрадеда для одного по мужской линии, а для другой по линии ее матери, вполне могли не знать о своем родстве. И только потом через десять лет жизни, узнать о таком генеалогическом казусе, благодаря приезду в гости общего родственника для обоих.

Ответ №7 автора на замечание №6:

Видимо, эпизод с конями, по мнению уважаемого рецензента сильно влияет на результаты моделирования? Хотелось бы поподробнее узнать, как и на какие численные выводы в статье это повлияло, уменьшив их достоверность.

Цитата №5 из статьи:

У казахов же юношу просто отправляли искать невесту как можно дальше от родовых кочевий. Идеальным был брак между представителями разных жузов, в крайнем случае разных племен или родов того же жуза. Даже сейчас в том же Алматы или Астане моножузвые браки встречаются значительно реже.

Замечание №7 рецензента:

Хотелось бы отметить, что за невестами за тридевять земель никто из казахов не ездил. В большинстве своем, мешались со своими соплеменниками, между которыми было больше семи поколений по мужской линии, по женской так внимательно родство не отслеживали. Примером хотя бы может послужить моя генеалогия. Отец моей матери принадлежал к роду Аргын подроду Караул, племени Жаулыбай-Жаксылык. Мать моей матери была также из караулов, но из племени Шунгурша. Дедушка и бабушка по отцовской линии оба были из племени Бабасан, подрода Атыгай, рода Аргын. Идеальным браком не считался брак между разными жузами, да и если есть определенная доля межжузовых браков в Астане и Алматы это, прежде всего, связано со столичным статусом, где обычно собирались все казахи из разных жузов.

Ответ №8 автора на замечание №7:

Замечу, что, дальние поездки практиковались, это не выдумка автора статьи. Сейчас действительно отношение к институту брака претерпевает изменения, более соответствующие современному состоянию бурно развивающегося Казахстана. Правда, непонятно, а какое это имеет значение на отрицание результатов статистического моделирования эволюции гаплогрупп, коль сделан такой серьезный акцент на этом? Повторяем, в качестве базового значения была взята минимальная частота межэтнических браков, которая в несколько раз меньше средней по всей Северо-восточной Евразии, поэтому приведенные уважаемым рецензентом возражения, направленные на уменьшение частоты межэтнических браков, в исследовании были учтены. Надо было просто повнимательнее изучить принципы отбора количественных значений параметров моделирования, которые приведены в статье.

Цитата №6 из статьи:

Очевидно, что многие из них (енисейских киргиз), вместе с ойратами, стали толенгутами казахских султанов. Толенгутов было так много, что в 19 веке они

образовали целую толенгутскую волость на землях среднего жуза. Это вливание (киргизов и ойратов) оценивают в 5 % казахского населения.

Замечание №8 рецензента:

Хотелось бы сразу отметить, что толенгутов было не так уж и много, а название Толенгутская волость просто свидетельствует, что именно в данной местности проживало огромное количество толенгутов (т.е. местность была ставкой одного из торе). Непонятно, на чем основаны оценки о 5 % вливаний в казахский народ (это мнение автора статьи, или чья-то оценка?) и по какому признаку это влияние было (Y-хромосома, митохондрии, аутосомы?)

Ответ №9 автора на замечание №8:

Опять-таки, уважаемый рецензент считает иначе, чем это отражено в документах, а на каком основании? К тому же, какое это имеет значение на результаты статистического моделирования? И при чем здесь вообще аутосомы?

Цитата №7 из статьи:

Остатки Ногайской Орды примерно в 40 тысяч человек на долгое время попали в подчинение калмыкам до их ухода в 1771 году, после чего они вошли в состав младшего жуза.

Замечание №9 рецензента:

Хотелось бы отметить, что при Нуралы часть ногайцев вошла в состав Младшего Жуза: около 100 ногайских семей образовали род Ногай-казак в Западном Казахстане, но упоминание о 40 тысячах ногаях, вполне может запутать читателя, поэтому я вношу поправку. Также есть мнение Харузина о численности ногайцев, вошедших в состав Младшего Жуза (11000 кибиток), но эти цифры характерны для второй половины существования Букеевской Орды (территория между реками Урал и Волга, не весь Младший Жуз). Население казахских родов было в большинстве (16550 кибиток в 1824 году + 500 кибиток сословия кожа (потомки пророка Мухаммеда и первых халифов, а также различных среднеазиатских святых) и 1000 кибиток толенгутов (ханская гвардия, набиравшихся из разных родов и этносов)). В 1801 году кибиток было всего 5000, а в 1803 за счет мигрантов увеличилось до 7500. К тому же надо учесть, что Букеевская Орда по численности представляла всего лишь малую часть казахов Младшего Жуза. Сама же цифра в 40000 человек вошедших единовременно

в состав Младшего Жуза вряд ли верна, вошла определенная группа ногаев, которая в казахском окружении быстро ассимилировалась, и в конце концов составило отдельный род Ногай-казак, состоящий из четырех подродов: (Казан-кулак, Костанбалы, Уйсун-Ногай, Кояс)

Ответ №10 автора на замечание №9:

Информация, представленная уважаемым рецензентом, проливает свет на многие вопросы начальной истории Младшего Жуза, и очень и очень интересна, поскольку в таком концентрированном виде нигде не опубликована. Но она не имеет прямого отношения к проблеме межэтнического взаимодействия казахов и калмыков.

Цитата №8 из статьи:

У казахских уаков и аргынов много калмыков. Известный аргынский батыр Шакшак у которого была жена ойратка, дала новый род у аргынов.

Замечание №10 рецензента:

В методологии это называется small number of cases. Один эпизод не может использоваться как доказательство множества. К тому же хотелось бы знать, откуда у автора информация о том, что у Шакшака была жена ойратка и что именно она положила основание всем шакшакам. (Далеко не факт, что она была его единственной женой и матерью всех его детей).

Цитата №9 из статьи:

У казахских найманов есть рода калмыков (жети, каракишы, кошпели, анда)

Замечание №11 рецензента:

Опять хотелось бы знать, откуда данные, если они основаны на лингвистическом созвучии, то вряд ли они калмыки, если же есть исторические свидетельства, что эти рода калмыкские или ойратские, то хотелось бы знать источник.

Цитата №10 из статьи:

В свою очередь у кереев есть башкирский род естяк.

Замечание №12 рецензента:

Не хотелось бы огорчать автора, но этот род, скорее всего, просто тезка названию башкир (иштяк)

Общий ответ №11 автора на замечания №6-12:

Все вышеупомянутые этнические зарисовки уважаемого рецензента действительно интересны и познавательны, рисуют живой портрет народа, но никакого отношения не имеют к методологии моделирования, а относятся скорее к исторической части статьи, которая является сугубо второстепенной, и на ее основе никак не формируются базовые константы моделирования. Для этого в статье предназначены совершенно иные разделы. Понятно желание рецензента учесть все возможное, что так или иначе смогло бы уменьшить влияние калмыков, в частности, уменьшить частоту межэтнических браков. Но приходится еще раз повторить, что базовые значения частоты межэтнических браков и так взяты по минимуму, и нет никаких оснований их еще менять в сторону уменьшения, тем более на голословных утверждениях рецензента, не подкрепленных никакими популяционными исследованиями, как это сделано в статье.

На самом деле, всю историческую часть статьи можно было бы вообще сильно сократить до наиболее важных событий, считая, что с базовыми знаниями истории Казахстана читатель знаком или может ознакомиться из учебников.

Следует заметить, что из шести страниц статьи, посвященных вопросам межэтнических взаимодействий, у уважаемого рецензента нашлось возражений на шесть коротеньких абзацев (не более 10% от материала параграфа 2.2.8, страницы 699-705). Видимо, на остальные 90% материала возражений особых нет. Повторяем, это второстепенный параграф, содержащий лишь отдельные зарисовки межэтнического взаимодействия, и на него никак не опираются результаты моделирования.

6. Базовые значения доли межэтнических браков

Цитата №11 из статьи:

Для военных периодов истории Казахстана частоту межэтнических браков для мужчин примем равной минимальному значению 3%, а для женщин возьмем значение 2%, для мирных периодов значение будет 1% для мужчин и женщин.

Замечание №13 рецензента:

Хотелось бы сказать, что здесь цифры взяты с потолка, во-первых, количество жен ойраток и калмычек у казахов могло быть больше, а вот количество мужей ойратов и калмыков меньше, так как пленным жен могли не давать, а браки со свободными ойратами и калмыками уводили женщин из своего народа и ее дети уже были калмыками и ойратами. Во-вторых, тут не учтено такое явление, как полигамия, при полигамии жен было много, и они были из разных мест.

Ответ №12 автора на замечание №13:

Удивительно, как можно было в процессе изучения статьи проигнорировать практически весь параграф 2.2, в котором дана широкая картина результатов популяционных исследований по межэтническим бракам для многих народов Евразии, причем, для разных времен. Для моделирования из данных параграфа 2.2 взяты практически наименьшие из возможных, которые приведены. Именно в этом и заключается суть методологии: взять наименьшие значения и показать, что даже при этих малых значениях для соответствующего изменения гаплогруппного состава мужчин и женщин Казахстана нужно малое число поколений, которое как раз и соответствует периоду калмыцкого присутствия в Казахстане. В этом смысле, конечно, можно сказать, что цифры «взяты с потолка», но это сделано со смыслом и в соответствии с методологией исследования.

Все рассуждения уважаемого рецензента о роли полигамии и ее особенностях в казахском обществе очень интересны, и не только автору статьи, но и всем читателям. И постоянную озабоченность рецензента проблемой учета полигамии автор статьи полностью разделяет. Также автор статьи согласен с рецензентом в том, что гаплогруппный состав может меняться значительно быстрее именно мужчинами-доминантами, имеющими несколько жен. В данном случае опять приходится повторять, что проблема полигамии в модели полностью учитывается и именно по причине ее важности.

7. Гаплогруппный состав исходных популяций.

Цитата №12 из статьи:

В качестве эталонных гаплогруппных распределений казахов и монголов используются данные, полученные усреднением по нескольким публикациям.

Замечание №14 рецензента:

Хотелось бы знать на основе, каких публикаций проводилось усреднение и каков сам механизм расчета этого усреднения.

Ответ №13 автора на замечание №14:

Механизм усреднения — вычисление математического ожидания по каждой гаплогруппе на основе нескольких данных по данной гаплогруппе. Приходилось привлекать данные различных авторов: Насидзе, Деренко и пр. К счастью по mtDNA-гаплогруппам российскими учеными было проведено много исследований и опубликованы сводные таблицы mtDNA-гаплогруппного распределения по множеству народов Средней Азии, Сибири и Дальнего Востока. Именно эти данные и позволили поставить и решить задачу одновременного синхронного и связанного моделирования эволюции распределения мужских и женских гаплогрупп.

Цитата №13 из статьи:

В качестве модели исходного европеоидного населения Казахстана примем этнос, гаплогруппный состав которого соответствует русским Центральной части России (среднее арифметическое распределения гаплогрупп в популяциях Вологды и Тамбова)

Замечание №15 рецензента:

В целом можно согласиться, что R1a было в большом количестве представлено в Казахстане (о чем свидетельствуют дДНК), но, скорее всего, они не были равны популяциям Вологды и Тамбова (например, гаплогруппа I вряд ли была равна 30 % у андроновцев и их наследников).

Ответ №14 автора на замечание №15:

Вот здесь уважаемый рецензент ухватил одно из наиболее интересных мест в моделировании. На основе пусть и очень малочисленных данных по андроновцам и тагарцам, сегодня можем считать, что гаплогруппа R1a1 в Казахстане явно преобладала (пока нет ДНК-данных, отрицающих это утверждение). Не думаю, что доля R1a1 у народов Восточной Европы и Казахстана в целом со времени андроновской культуры до начала новой эры менялась скачками. Скорее всего, доля R1a1 в среднем по Казахстану менялась монотонно, т.е., уменьшалась от практически полного доминирования у андроновцев (это, кстати, подтверждается и сугубо европеоидным характером черепов андроновцев) до величины,

предположу, близкой к современным русским средней полосы в начале новой эры. Конечно, это гипотеза. Но именно ее как раз и было решено проверить статистическим моделированием. Один из результатов, который получен в статье, - это **высокая вероятность именно такого развития событий.** Напомню, что моделирование учитывает не только изменение долей мужских гаплогрупп,, но и женских, а это намного увеличивает достоверность полученных результатов.

Цитата №14 из статьи:

Китаизация монголов

Замечание №16 рецензента:

Нигде в исторических документах не сказано о том, что проводилась генетическая китаизация монголов (распространение гаплогруппы О3 через смешанные браки китайцев и монголов и последующее включение этих метисов в монгольский этнос).

Ответ №15 автора на замечание №16:

Странный взгляд: нет сведений в исторических документах, значит этого не может быть. Тогда зачем вообще проводить исследования? Не лучше ли записать поболее всяких легенд, обложиться немногими существующими древними источниками (многие из которых, если вообще не все, довольно тенденциозны) и создать удобную и приятную картину вместо реальной истории?

По поводу наличия генетической китаизации протомонголов (был и обратный процесс) даже в исторических документах доказательств много. В параграфе 3.1 *История Китая в свете межэтнического взаимодействия с кочевниками Монголии* кратко даны вехи межэтнического взаимодействия так, как их видят профессиональные историки. Учитывая широкую историческую эрудицию уважаемого рецензента, такие справочные и энциклопедические материалы ему хорошо известны и не составляет проблемы еще раз их посмотреть.

Заметим, что выдвинутый постулат о китаизации части северного кочевого населения в полной мере подтвердились и результатами моделирования.

Замечание №17 рецензента:

Гаплогруппа O3 не была исключительно монополией китайцев и вполне могла жить в степи с незапамятных времен. Мы связываем гаплогруппу O3 с таким племенем как найманы. Они вполне могли разнести эту гаплогруппу среди казахов, киргизов, монголов и т.д.

Ответ №16 автора на замечание №17:

Да, действительно, гаплогруппа O3 могла жить в степи с незапамятных времен и даже мигрировать отдельными особями по торговым путям даже до басков (и далее). Если рецензенту удастся убедительно показать (численно, моделированием, расчетами и пр.), а не голословно, каким образом гаплогруппный состав китайцев произошел от степняков (например, упомянутых найманов), и он подберет для этого подходящие исторические события, то можно будет рассмотреть и такой вариант. Но пока складывается противоположная картина, в которой имело место значительно большее этническое давление с юга на север в Монгольские степи, чем в обратном направлении. Эта картина и исторически ничему не противоречит. Еще раз добавим, что уважаемый рецензент опять замыкается в кругу мужских гаплогрупп. А ведь моделирование одновременно опирается и на мужские и женские гаплогруппные составы. Заметим, что только найманов не хватило бы для разнесения гаплогруппы O3 по казахам. Ни доли O3 у найманов, ни общей численности найманов на это точно не хватило бы. Если уважаемый рецензент не верит, то может легко проверить прикидочными расчетами на калькуляторе, взяв за основу гаплогруппные распределения казахов целом, общую их численность, численность найманов, частоту межэтнических браков (вряд ли она была сугубо односторонней от найманов к другим родам). Опыт уже сделанного моделирования позволяет автору усомниться в роли найманов. К тому же еще раз приходится повторять, что дело не только в O3, а в синхронном изменении всего гаплогруппного состава, и не только мужчин, но и женщин. Именно поэтому найманская гипотеза никоим образом не «пролезет».

[Примечание редактора. Понимая, что «мигрировать гаплогруппе O3 даже до басков» - это фигура речи, тем не менее приведу для справки, что среди тестированных 1140 жителей Пиреней гаплогруппы O3 не оказалось, но было два гаплотипа гаплогруппы Q (Adams et al, 2009)]

Цитата №15 из статьи:

В качестве примера дополнительных межэтнических контактов можно упомянуть казахский род катаганы с гаплогруппой J2, который пришел из Афганистана.

Замечание №18 рецензента:

Катаганы по Рашид аддину происходят от брата Бодончара. Никаких свидетельств о том, что они пришли из Афганистана, нет. Протестирован всего один катаган у казахов, на основе делать далеко идущие выводы не стоит.

Ответ №17 автора на замечание №18:

Заметим, что упомянутые катаганы в контексте статьи вообще никакого значения не имеют, и на выводы никак не влияют. Это, кстати, следует и из процитированного фрагмента, где сказано, что “в качестве примера дополнительных межэтнических контактов...” Да мало ли примеров каких дополнительных контактов можно привести. Главное, что они были и, скорее всего, в немалой степени (как это следует из таблиц межэтнических браков, приведенных в статье).

8. Численность казахов

Замечание №19 рецензента:

Автор оценивает численность казахов исходя из данных Татищева:

Цитата №16 из статьи:

Башкиры по численности равны казахам, каракалпаков в два раза меньше казахов и т.д. Всего у казахов 9 тысяч кипчаков, 40-50 тысяч из Младшего и Среднего жуза и больше 10 тысяч в Старшем жузе.

Продолжение замечания №19 рецензента:

Хотелось бы отметить, что данные любого историка нужно всегда воспринимать критически и нужно проводить историографический анализ разных источников по одному вопросу, что бы попытаться ответить на данный вопрос. Если следовать данным Татищева то получается, что из 59-69 тысяч казахов 9 тысяч были кипчаками (13-15 % от всех казахов). Хотелось бы сразу отметить, что кипчаки у казахов не являются большим родом. Они

были средними по численности в отличие от таких больших родов как аргыны, найманы и алшины (байулы и алимулы).

Ответ №18 автора на замечание №19:

Автор полностью доверяет Татищеву и его информаторам, которые, будучи современниками описываемых событий, специально изучали и, соответственно, лучше знали этническую обстановку в Казахстане и прилегающих районах. Это было жизненно важно для администраций приграничных областей Российской империи.

Продолжение замечания №19 рецензента:

... хотелось бы заметить, что полигамия, родовая структура народа (каждый казах знал свою генеалогию как минимум семи поколений, а чужаки в роду в большинстве случаев не оставались, исключения надолго сохранились в народной памяти) и кочевой образ жизни отличали казахов от оседлых соседей, и та модель, которая, возможно, будет применима для оседлых жителей, вряд ли применима для казахов. Роль калмыков и джунгар в митохондриальных и аутосомных маркерах, скорее всего, гораздо больше, чем их роль в Y-хромосомных маркерах.

Ответ №19 автора на конец замечания №19:

Образ жизни для модели никакого значения не имеет. Разница в культуре, образе жизни прекрасно опосредуется вполне конкретными популяционными параметрами, как то: продолжительность жизни, вероятность дожития до воспроизведения потомства, гистограмма количества родившихся детей, частота межэтнических и внутриэтнических браков, и наличие и характер бутылочных горлышек и так далее, и так далее. А образ жизни и пр. влияет уже на конкретные численные значения этих параметров, которые при моделировании разных народов, естественно, могут быть разные.

Мягкий упрек-пожелание уважаемого рецензента в определенной односторонности использованного генетического материала и пожелание автору статьи обратить внимание на митохондриальные и аутосомные маркеры вызывает недоумение, поскольку одним из важнейших аспектов примененной методологии как раз и явилось совместное моделирование эволюции как мужских так и женских гаплогрупп. Как это можно было не увидеть в статье, остается загадкой.

Если посмотреть на таблицу 1.2. *Гистограммы женских гаплогрупп у некоторых этносов*, то из нее явно следует, что суммарная доля азиатских mtDNA-гаплогрупп у монголов и китайцев выше, чем у казахов, кыргызов и туркмен. Причем, эта разница больше, чем по мужским гаплогруппам. Поэтому утверждение, что у казахов в большей степени присутствует генофонд монгольских (читай, калмыкских) женщин, чем монгольских (читай, калмыкских) мужчин, не соответствует приведенным в статье статистическим данным.

* * * * *

В заключение следует заметить, что в рецензии довольно много различного рода сомнений, отрицаний, но при этом, как правило, не приводятся никаких альтернативных численных данных. А результаты популяционных исследований народов, живущих на территории бывшего Советского Союза, полученные специалистами и помещенные автором в статье в качестве базовых для вычисления констант имитационной компьютерной модели, либо игнорируются, либо однобоко трактуются.

Следует заметить, что ряд весьма интересных работ уважаемого рецензента посвящен генеалогии и ДНК-генеалогии казахских родов, но, как и большинство авторов, он ограничивается мужскими родами, и не учитывает роли женских гаплогрупп в формировании ДНК-генеалогического портрета народов. Такая методология приемлема для задач генеалогии, да и то, только по мужской линии. Если для политической истории это до определенной степени разумно в силу ведущей политической роли мужчин в древних обществах (для политической истории Казахстана, Монголии и пр. исключительно продуктивна), то для изучения истории этногенеза племен и народов такой подход уже неправомерен. Указанный односторонний подход уважаемого рецензента отразился соответственным образом и в рецензии. А ведь важнейший момент разработанной автором статьи методологии — это как раз одновременное моделирование как мужских, так и женских гаплогрупп в рамках единого этноса и с применением результатов популяционных исследований.

Вместе с тем, следует признать справедливость ряда замечаний и дополнений исторического характера, но они никоим образом не отменяют полученных результатов статистического моделирования.

Конечно, этногенез народов Средней Азии был сложнее, чем та схема, которая использована в модели, и об этом в статье четко и подробно описано во Введении, посвященном в основном описанию методологии

исследования. Главной задачей моделирования было выявить основные тенденции, и автор не пытался решить задачу формирования полной и многомерной во всем своем многообразии артины этногенеза казахов и монголов. Такая задача – дело будущего, и решаться она должна не одним исследователем, а коллективом специалистов разного профиля. Тем не менее, основные тенденции выявлены с большой степенью достоверности, что позволит в дальнейшем по мере накопления фактических данных заняться уточнением исторической картины.

Судя по рецензии, у многих читателей после прочтения статьи могло сложиться мнение, что главную роль в становлении современного казахского народа сыграли ойраты (и, в частности, калмыки). Но полностью замалчивать их роль, как это сейчас принято у части казахских исследователей, тоже неверно. В статье специально приведены фрагменты европейских карт, из которых явствует весьма важная роль калмыков в Казахстане, причем, этноним «казахи» и другие этнонимы, под которыми понимались казахи, на продолжительный период времени вообще исчезли с карт. Вряд ли европейские картографы были политически ангажированы калмыками. На самом деле, о роли калмыков в статье вполне взвешенные выводы, а упор сделан на иллюстрацию того, что автохтоны Казахстана до XIII века, да и позже до XVII века имели более европеоидный облик, чем это принято думать (см. параграф 3.4, результаты исследований фенотипа у Харузина и пр.).

Хотелось бы пожелать уважаемому рецензенту в дальнейшем плотнее работать с авторами на этапе написания рецензии. Уверен, что если бы уважаемый рецензент предварительно запросил бы у автора данной статьи разъяснения по непонятным или спорным моментам, то его рецензия была бы свободна от всех пассажей, появившихся в ней из-за недостаточного проникновения в предмет имитационного статистического моделирования. Конечно, большая доля вины в этом лежит и на авторе, поскольку определенные части статьи написаны довольно тяжеловесно и понятны, наверное, только автору и очень узкому кругу специалистов, занимающихся вопросами математической статистики.

Каржавин С.П. 12 октября 2009 г.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 10

Анатолий Клёсов

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.
<http://aklyosov.home.comcast.net>

ПИСЬМО ТРИДЦАТЬ ПЕРВОЕ

Respected Sir,

Я читал ваши комментарии на форуме RootsWeb относительно европейских гаплотипов гаплогруппы R1a1 и их подразделения на ветви. Направляю Вам мой гаплотип и прошу разобраться, к какой ветви от принадлежит

Спасибо,

Umar.

МОЙ ОТВЕТ

Ваш гаплотип относится к центральной евразийской ветви, с общим предком, который жил 3225+/-340 лет назад, с 95%-й надежностью этой датировки. Иначе говоря, он жил в этом временном интервале с 95%-ной вероятностью.

Сообщите, откуда Ваши предки? Видимо, Азия или Ближний Восток, судя по вашей фамилии, а точнее?

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ

Хм, центральная Евразия. Замечательно. Есть над чем подумать.

Вы спросили, откуда мои предки. В общем, это трудный вопрос. Хорошо, я расскажу. Собственно, я и написал вам письмо, потому что я более чем озадачен.

Моя семья – мусульмане, и не просто мусульмане, а «Саиды» (Syeds). Syed – это и моя фамилия. Иметь фамилию Syed – это значит быть прямым потомком Пророка Магомета, да хранит Его Аллах. Пророк, естественно, был арабом.

Я и сделал тест на ДНК, чтобы подтвердить свою арабскую родословную, идущую от Магомета, да хранит Его Аллах, поскольку никаких документов на этот счет у нас нет, есть только устная семейная традиция, передаваемая из поколения в поколение со времен пророка. Я ожидал, что моя гаплогруппа окажется J или E, поскольку обе они присущи арабам и вообще Ближнему Востоку.

Однако, к моему изумлению, я оказался R1a1, что, согласно Спенсеру Уэлсу – «южный русский» или «среднеазиатский».

Проблема и в том, что устная семейная традиция хотя и передается, но мои предки уже давно не на Ближнем Востоке, хотя и прибыли в Индию как Саиды, потомки Пророка Магомета, да хранит Его Аллах. Но моя ДНК говорит мне, что это не так. Я верю своей ДНК больше, чем семейным традициям, потому что традиции можно придумать или сфальсифицировать.

То, что моя гаплогруппа R1a1 означает, что мои предки могли быть Раджпуты, Джатсы или Брамины, или, напротив, скифы, сарматы, или члены других восточно-иранских племен в Средней Азии, или славянами, или восточно-европейскими турками, проданными на ближневосточном невольничьем рынке, и их потомки перебрались в Индию. Вариантов здесь бесконечное множество.

С тех пор, как я нашел сведения о ДНК моих предков, которые отличаются от наших семейных традиций, я нахожусь в поисках ответа на вопрос о том, кто были мои предки и где их родина. Я не генетик, не генеалог, и не в ладах с математикой, но я пытаюсь узнавать о том, чего не знаю, и обращаюсь к знающим людям, как вы, чтобы узнать о видах и ветвях гаплогруппы R1a1 и временах до общих предков и этнических группах, к которым они принадлежали, и об их истории.

Вот что я написал в базе данных YSearch о своих предках: *«Мои дедушка с бабушкой переехали из Западной Индии в Пакистан после разделения страны в 1947 году. До этого они жили в Агре, и мой дед Syed Ausaf Ali, и его отец Syed Mehtid Ali, и его отец Syed Ahmed Ali, и его отец Syed Turab Ali - все они жили в Агре. Согласно семейной традиции, мои предки прибыли в Индию с Ближнего Востока как Syeds, потомки Пророка Магомета, да хранит Его Аллах. Однако на основе моих исследований я теперь полагаю, что мои предки до прибытия в Индию жили на юге теперешней России, или западном Казахстане, или на востоке Украины, и были скорее всего славянами или турками, или может быть кипчаками, или потомками скифов или сарматов. Они переехали в Халифат, или были угнаны туда в рабство во времена Аббасидов, что тогда было обычным делом. Наверное, моя семья сделала что-то достойное, чтобы получить титул Syed. Они перебрались в Делийский султанат в Индии, возможно во времена монгольского нашествия на Ближнем Востоке».*

Так что мои исследования продолжаются. Благодарю вас за помощь и знания, которыми вы со мной поделились.

МОЙ ОТВЕТ

Уважаемый Умар,

Благодарю Вас за столь подробное письмо. Как вы прекрасно знаете, семейные традиции нужно чтить и уважать. Вместе с тем, более детальные поиски порой могут выявить совершенно неожиданные обстоятельства.

Основываясь на том, что вы написали, я могу предложить вам свою версию событий. Вы верно написали, что вариантов бесчисленное множество. Однако среди них могут быть менее вероятные и более вероятные. Предложу вам более вероятный вариант, как я его вижу.

Ваши предки были арии, которые прибыли в Индию примерно 3500 лет назад. Арии прибыли из центральной Евразии, с Русской равнины, и они принадлежали роду R1a1. Как следствие этого, в настоящее время 47% этнических русских относятся к той же гаплогруппе R1a1, остальные имеют гаплогруппы I1, I2, N1c, R1b1, J2 и другие. Примерно 5000 лет назад носители R1a1 перешли Карпатские горы, которые отделяют Русскую равнину от Балкан, и расселились по территории современной России в ее европейской части, от Балтики на севере до Кавказских гор на юге. Они пересекли Кавказские горы и вошли в Анатолию (Малая Азия, или северная Месопотамия) примерно 3600 лет назад. Они оставили свои гаплотипы и гаплогруппу и среди арабов, в настоящее время в количествах

от 5% до 9% в Саудовской Аравии, Кувейте, Омане, Катаре, Объединенных Арабских Эмиратах, с возрастом общего предка около 4000 лет назад. Если вы с достоверностью узнаете, что ваши предки прибыли с Аравийского полуострова, то это – ваш хромосомный след.

Это прозвучит для вас, наверное, ересью, но я бы не гарантировал, что Пророк Магомет (PUBH) не имел сам гаплогруппу R1a1. 4 тысячи лет назад, когда арии оставили свой след в тех краях, были времена Авраама, задолго до времен пророка. Если останки пророка протестируют на ДНК, и найдут у него гаплогруппу R1a1, то вы получите хорошую основу, что вы можете быть его прямым потомком. Однако, у меня серьезные сомнения, что (а) его останки когда-либо протестируют на ДНК, и (б) что они окажутся R1a1.

Вернемся обратно в Евразию. Примерно 4800-4000 лет назад арии прошли Северный Казахстан, Южный Урал, Таджикистан, прошли по Средней Азии и по южной Сибири, и далее южнее в Индию, из Таджикистана в Пенджаб. Все эти регионы – Казахстан, Таджикистан, Южный Урал – имеют высокую долю R1a1. Арии вошли в Индию примерно 3500 лет назад, основали (или развили) кастовую систему. В Западной Бенгалии 72% браминов имеют гаплогруппу R1a1. По всей Индии высшие касты обычно имеют 50-60% R1a1. Остальные гаплогруппы имеют значительно меньшую долю, с большим разрывом по отношению к R1a1.

Вы упомянули скифов и сарматов, но они (или их большинство) были, скорее всего, потомками тех же ариев, но много позже во времени. Их времена были начиная примерно от 7-го века до нашей эры и до начала нашей эры.

В настоящее время примерно 16% (и по некоторым данным 30%) мужчин в Индии, то есть не менее 100 миллионов человек, относятся к гаплогруппе R1a1. Некоторые из них не являются потомками ариев, особенно на юге Индии, и происходят от древнего крыла гаплогруппы R1a1, которые прибыли в Индию, видимо, из Южной Сибири примерно 12-8 тысяч лет назад. Но их гаплотипы отличаются от вашего. Ваш – арийский гаплотип.

Это – наиболее вероятная история ваших предков.

ОТВЕТ

Dear Sir,

Благодарю за очень информативное письмо. Я читаю и перечитываю его, и получаю удовольствие от него, и от того, что все понимаю. Я согласен с вашим описанием «арийского происхождения» моего гаплотипа, оно имеет смысл для меня. Если я что-нибудь дополнительно узнаю, непременно сообщу вам.

Всего хорошего.

Umar

ПИСЬМО ТРИДЦАТЬ ВТОРОЕ (из Лос Анжелеса, Калифорния)

Просим помочь разобраться в гаплотипе в необычной и важной ситуации. Направляем 67-маркерный гаплотип гаплогруппы R1a1:

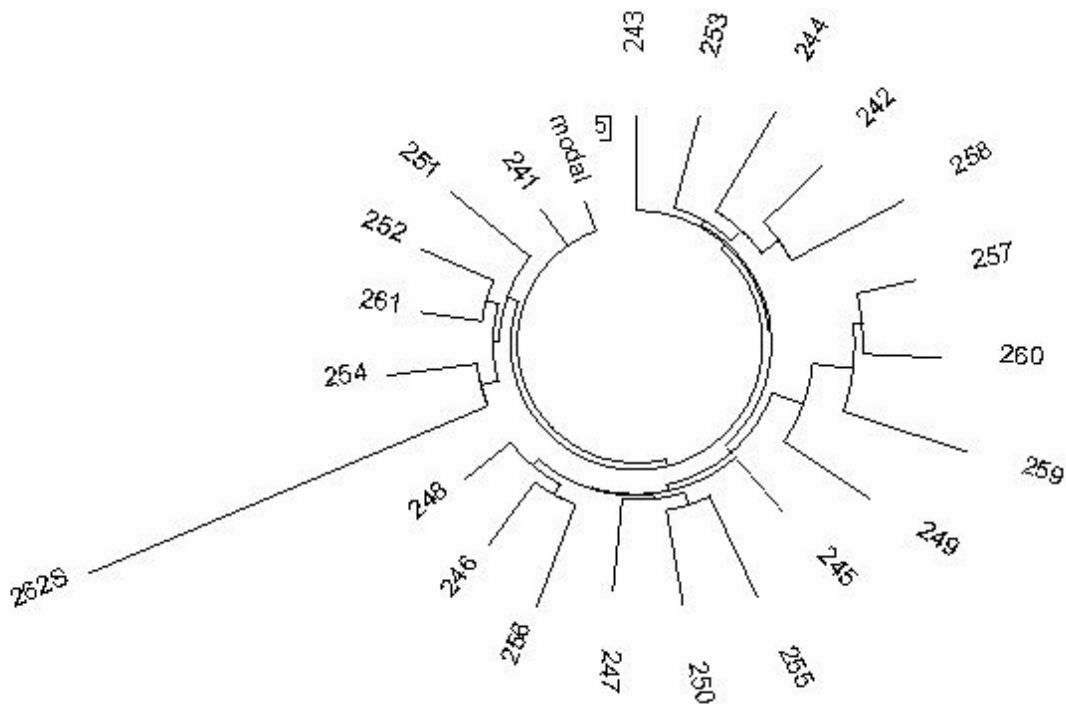
13 24 16 11 11 14 12 12 10 13 12 31 – 15 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 – 11 12 19
22 16 15 18 21 33 38 14 12 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 12 8 13 23
21 11 12 11 13 11 11 12 12

Это гаплотип мальчика, наполовину (предположительно) еврея, который был спасен из горящей Праги в самом конце войны. Его мать-еврейка передала его супружеской паре канадцев германского происхождения для спасения и вывоза мальчика из страны. Мальчик вырос в Канаде, и сейчас хочет найти своих родителей. Неизвестно, был ли его отец евреем. Любая информация о происхождении мальчика будет принята с признательностью.

На 12-маркерном гаплотипе у него было всего два полных сопадения, одно с англичанином, другое – с персом-иранцем, и масса совпадений на 11 маркерах из 12 – от Франции до Тибета. На 25 маркерах было два сопадения 23/25, одно – тот же англичанин, другое – пакистанец.

МОЙ ОТВЕТ

Во-первых, мальчик – не еврей, если судить по его гаплотипу. Евреи гаплогруппы R1a1 образуют довольно плотный кластер гаплотипов (рис. ниже), и гаплотип мальчика (номер 262S) с ними совершенно не стыкуется.



Гаплотипы евреев гаплогруппы R1a1, и гаплотип спасенного мальчика слева (262S)

На первых 25 маркерах гаплотип мальчика отличается от базового гаплотипа евреев гаплогруппы R1a1 на 12 мутаций, что помещает их общих предков на 5 тысяч лет назад, то есть к основанию современной популяции гаплогруппы R1a1 в Европе, в то время как евреи R1a1 имеют общего предка всего 1100 лет назад.

Скорее всего, отец мальчика был скандинавом, или имел скандинавские корни. По сравнению с базовым скандинавским гаплотипом у него четыре мутации, что помещает его в скандинавскую ветвь гаплотипов в начало нашей эры, тогда же, когда эта ветвь и началась (1900 лет назад). В таблице ниже приведены примеры нескольких скандинавских гаплотипов, почти все имеют несколько необычные аллели $DYS393=12-13$ и $DYS389-1 = 14$. Это – явно родственные линии спасенного мальчика.

SGNXD	Nieminen	13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 13 31 15	9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16
N25040	Suurola	13 25 15 11 11 15 12 12 10 14 13 31 15	9 9 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16
QN8W9	Newton	13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 12 31 15	9 10 11 11 23 14 20 31 12 15 15 16
E5RFM	Schreier	13 24 16 11 11 14 12 12 10 13 12 31 15	9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16

ПИСЬМО ТРИДЦАТЬ ТРЕТЬЕ

(из штата Вашингтон, США)

Я читаю с глубоким интересом ваши сообщения на форуме о гаплогруппе R1a1. Я – координатор нескольких ДНК-генеалогических семейных проектов, и один из них имеет гаплогруппу R1a1. У него необычный гаплотип, его наиболее далекий известный предок жил в Пруссии (восточная Германия) в 1850 году.

14 25 16 10 12 15 12 12 10 13 11 30 – 15 9 10 11 11 24 14 20 34 12 15 15 16 – 11 12 19
21 15 16 17 18 35 38 14 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 12 10 12 22 22 15 10 12 12 14 8 13 23
21 12 12 10 13 11 11 12 13

Можете вы определить, к какой ветви R1a1 он относится?

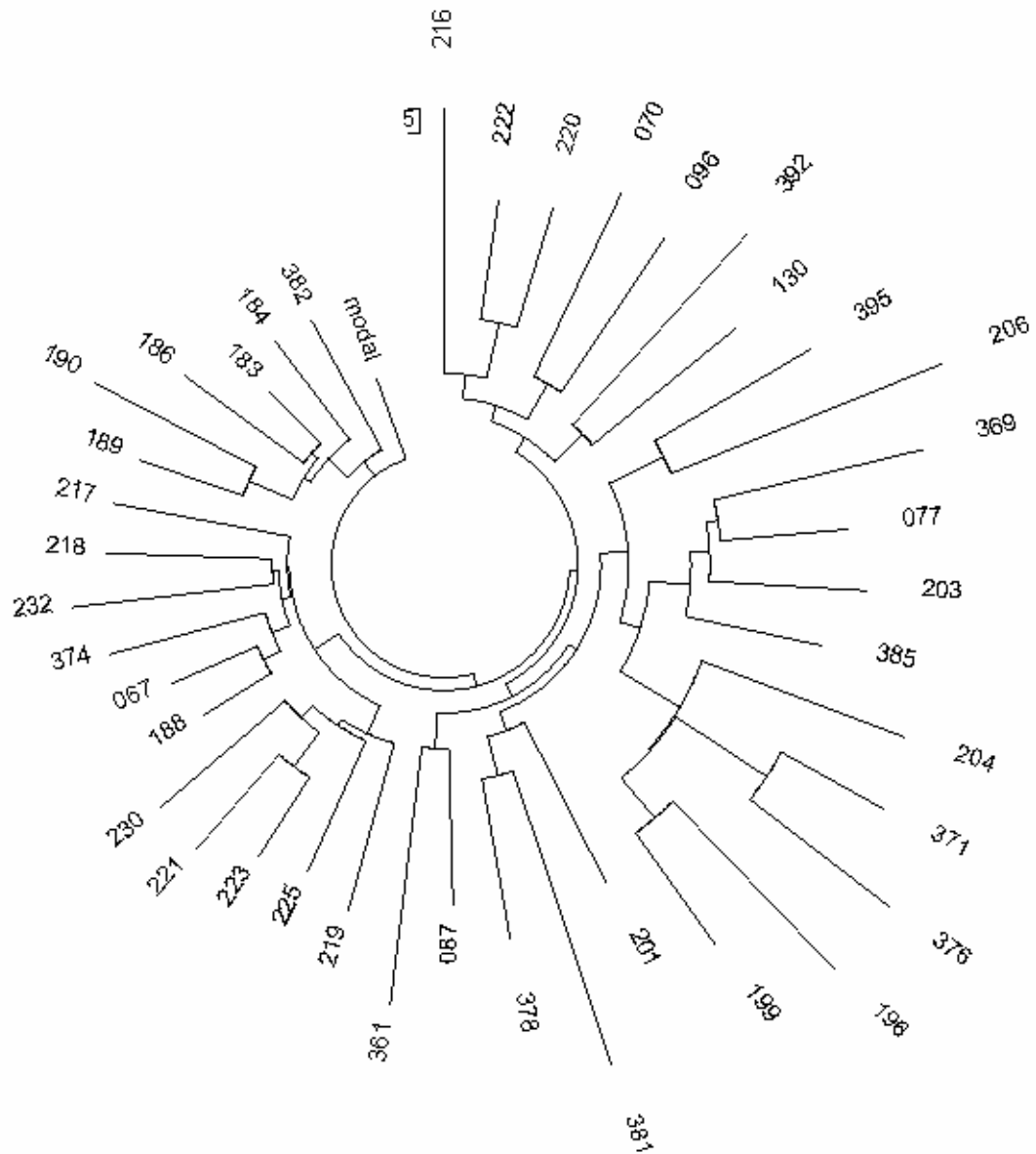
МОЙ ОТВЕТ

Он, видимо, относится к балто-карпатской ветви евразийских гаплотипов. Эта ветвь образовалась 2600±900 лет назад. На дереве гаплотипов он под номером 361. Как видите, его гаплотип сидит на дереве вполне комфортабельно.

Но случай действительно непростой. У него необычная пара аллелей YCA Pa,b = 19-21, характерная для скандинавских гаплотипов. Таких на все 72 балто-карпатских гаплотипов в коллекции всего два. Не исключено, что он и скандинавских корней, и одна-две случайные мутации занесли его в балто-карпатскую ветвь. На всех 67 маркерах у него 15 мутаций от скандинавской ветви, и 16 мутаций от балто-карпатской ветви – что в общем то же самое, учитывая статистику мутаций. Тем не менее, на относительно стабильной последней панели маркеров (38-67) у него пять мутаций со скандинавами, и только три – с балто-карпатским базовым гаплотипом. Я склоняюсь к последнему варианту.

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ

Большое спасибо за информацию. Когда ваши данные по R1a1 будут опубликованы? Жду с нетерпением, чтобы внимательно прочитать.



Дерево 67-маркерных гаплотипов балто-карпатской ветви Евразии (Рожанский и Клёсов, 2009).