

Ultima ratio

**Вестник Российской Академии
ДНК-генеалогии**

Том 2, № 7

2009 декабрь

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
Павел Шварев

© Авторские права на статьи принадлежат их авторам, 2009

© РА-ДНК, 2009

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление	1161
Еще раз о «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни. Развернутый комментарий на Response, M. Hammer et al, Hum Genet, October 8, 2009. А.А. Клёсов	1162
Произошли ли сейиды от генеалогической линии Пророка Магомета, а Пророк, как и евреи - от Авраама? А.А. Клёсов и Р.Г.Луговой	1182
Субклад R1a1a7-M458 – популяции, география, история. А.Клёсов и И. Рожанский	1200
Еще одно доказательство перехода ариев (гаплогруппа R1a1) в Индию и Иран с Русской равнины. А. Клёсов	1217
Как сочетается информация в славянских ведах с последними изысканиями в области ДНК-генеалогии? «Велесова книга» - веда славян. Часть 3. Период образования Киева на Днепре Г. Максименко	1230
О предположительном сходстве китайских и монгольских гаплотипов гаплогрупп О и С3 с казахскими (ответ на комментарии к рецензии С. Каржавина в Вестнике, №6, 2009) Жаксылык Сабитов.	1251
Понятия и определения ДНК-генеалогии. А. Клёсов	1257
Общие принципы ДНК-генеалогии (новая редакция). А.А. Клёсов	1264
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 11. А. Клёсов	1331

Еще раз о «калиброванной» «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни.

**Развернутый комментарий на
Response, M. Hammer et al,
Hum Genet, October 8, 2009**

**Анатолий А. Клёсов
<http://aklyosov.home.comcast.net>**

Резюме

Никакой «калибровки» в исходной работе Л. Животовского (Zhivotovsky et al, 2004) не было. Были приведены нестыкующиеся данные, или данные вообще не приведены, и затем серией произвольных манипуляций часть данных убиралась, пока «скорости мутаций» не достигли одного порядка (именно так), которые были обозначены на «0.00069 мутаций на маркер на поколение» с погрешностью того же порядка. В последующие пять лет эта работа постоянно цитировалась с указаниями, что данные «калибровались» и «критически проверялись», пока в академическом мире в это сами не уверовали. Никакой «критической проверки», поддерживающей «коэффициент Животовского» в литературе тоже не было. К сожалению, метод продолжает применяться, давая совершенно неверные и непредсказуемые данные и приводя к совершенно ложным интерпретациям. В настоящей работе те же серии гаплотипов были перепроверены, и получены совершенно другие скорости мутаций, согласующиеся с нормальной «генеалогической» скоростью мутаций.

ВВЕДЕНИЕ

Я бы не стал возвращаться к вопросу о «популяционной скорости» Л. Животовского, поскольку это уже не раз обсуждалось в комментариях в сети (например, Dienekes, 2008) и в моих статьях (Klyosov, 2008; Клёсов, 2008). Но комментарий М. Хаммера с соавторами, включая самого Л. Животовского, в ответе на мои замечания в журнале Human Genetics, меня заинтересовал.

Что написали Хаммер с Животовским? А вот что:

By examining Y-STR variation within Y chromosome haplogroups (i.e., defined by unique event polymorphisms) in populations with documented short-term histories, they inferred an evolutionary effective mutation rate of 0.00069 per 25 years on average... (Zhivotovsky et al, 2004). ... (i.e., the effective rate was calibrated for time periods of ~ 1,000 years). Since 2004, this approach has been employed by the researchers and critically evaluated in the scientific literature (e.g., Arredi et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004; Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005).

Перевод: «При изучении вариаций в гаплотипах Y-хромосомальных гаплогрупп (то есть обусловленных снипами) в популяциях с документированными непродолжительными хронологиями, они пришли к выводу об эволюционных эффективных скоростях мутации 0.00069 за 25 лет... (Zhivotovsky et al, 2004). ... (то есть эти эффективные скорости были калиброваны за период времени примерно 1000 лет). С 2004 года этот подход был применен исследователями и критически рассмотрен в научной литературе (например, Arredi et al. 2004; Di Giacomo et al. 2004; Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005).

Можно между делом отметить, что из цитированных шести работ в трех соавтором был сам Л. Животовский (Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Zhivotovsky and Underhill 2005), а остальные метод и не обсуждали, а просто бездумно использовали, так что какое уж там «критическое рассмотрение». Но здесь ситуация более «подтасовочная», потому что никакой «калибровки» Л. Животовским с соавторами своей скорости 0.00069 не было и близко. Были неопределенные манипуляции с удалением некоторых гаплотипов из рассматриваемой серии, были некоторые неопределенные же пассы, которые в итоге привели в цифрам с огромными погрешностями, под которые подпадает практически любой диапазон скоростей мутаций. Говорить о «калибровке» именно величины 0.00069 – это по меньшей мере недобросовестность. Ниже я покажу в деталях, что там была за «калибровка».

Это – не просто демонстрация примитивного, неверного и фактически необоснованного подхода, который Л. Животовский активно насаживает в совместных публикациях по всему миру. Хуже, когда этот подход подается как «калиброванный», причем подается самим Л. Животовским, который прекрасно знает, что никакой калибровки там не было. Еще хуже, что этот метод тиражируется в «академической» литературе. В своей статье, которая только что опубликована (Athey, 2009), Whit Athey пишет (перевод):

«Популяции с древними корнями подвержены эффекту популяционной динамики, то есть исчезновение многих линий и заметная экспансия других линий, плюс возможное уменьшение продолжительности поколений. Все эти эффекты требуют корректировочных факторов, которые совместно могут достичь фактора, равного двум, который использует Животовский в своей часто цитируемой статье (Zhivotovsky, 2004).

На самом деле Л. Животовский использует фактор, примерно равный трем, но Athey сам начинает пускаться в манипуляции, переводя «фактор Животовского» из $0.00069/25$ лет в фактор $0.00092/33.3$ года, и беря одну из многих величин для скорости мутации для пар отец-сын 0.00184 (ссылку на которую он даже не дает), и получая фактор два.

Иначе говоря, идет активное использование и цитирование подхода, за которым ничего не кроется, кроме недоразумений и подтасовок.

В чем, собственно, метод состоит? Рассмотрим подробнее.

Суть «метода Животовского», или как не надо считать. А также, как надо

Если бы не было «генетического дрейфа», вызываемого природными катаклизмами, войнами, мором и другими причинами массовых вымираний, а также другими вариантами вымирания племен, родов и прочих популяций, а также переездом носителей гаплотипов на новые территории и начала (точнее, продолжения, но часто со сдвигом) там новых линий, то дерево гаплотипов было бы симметричным и однородным, как, например, на рис. 1 и 2. Все несколько сотен гаплотипов каждого из этих и подобных деревьев сходятся к одному общему предку, который в показанных сериях жил 3950 ± 400 и 3600 ± 370 лет назад.

Но такие случаи редки, да и время здесь относительно небольшое, менее 4000 лет назад. Тем не менее, «метод Животовского» не дает рекомендаций, на каких временных показателях его применять. Хаммер с Животовским в цитированной выше статье (“Response”) считают, что этот метод следует применять при временах примерно 1000 лет назад, и, естественно, ранее. В данных двух случаях «метод Животовского» дал бы для популяций субкладов R-P312 и R-L21 времена общего предка 9030 и 8300 лет назад. При таких величинах интерпретация исторических событий была бы совершенно сдвинута. Вот так она и оказалась сдвинутой в недавней работе Андерхилла и Животовского с сотр. (Underhill et al, 2009), в которой времена жизни предков популяций субклада R1a1a7* 2600 лет назад были

представлены как 8000 лет назад (как раз обычное 300%-ное завышение этих авторов), общие предки русских гаплогруппы R1a1a*, как оказалось, жили 8700 лет назад, иранцев - 9400 лет назад, поляков - 11300 лет назад, кавказцев - 12200 лет назад, и так далее. Мало того, что эти цифры не имеют никакого отношения к реальности, но на их основании авторы опять - в который раз! - утверждают, что «никакого «потока» гаплогруппы R1a1 из Восточной Европы в Азию, в том числе в Индию, не было, во всяком случае со времен среднего голоцена» (то есть за последние 7-8 тысяч лет).

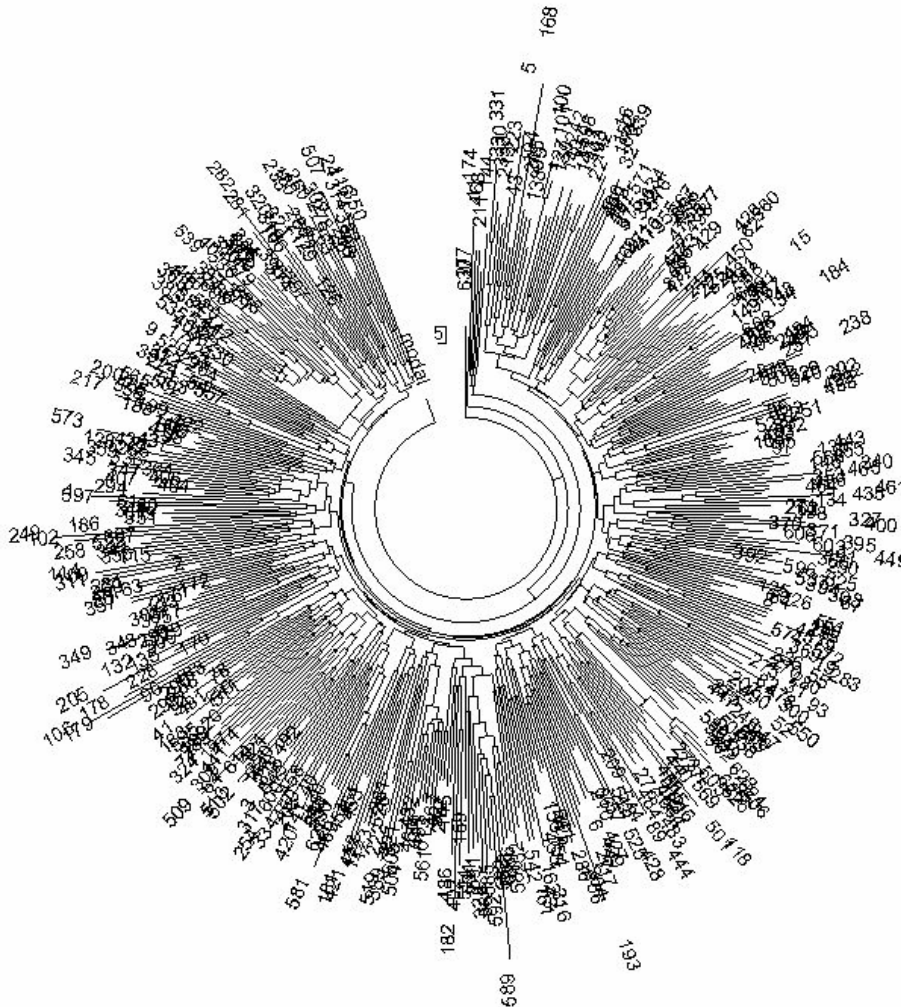


Рис. 1. Дерево 67-маркерных гаплотипов R-P312 (R1b1b2a1a2), построенное по данным проекта <http://www.familytreedna.com/public/atlantic-r1b1c/default.aspx> (октябрь 2009). В выборке 464 гаплотипа.

Остается только поражаться не только сплошным ошибкам авторов цитируемой статьи, но и отсутствию их представлений об археологии, о том, что уже давно опубликованы данные о нахождении ископаемых R1a1 в андроновской культуре (Северный Казахстан, Южный Урал, Южная Сибирь). О том, что гаплотипы R1a1 у этнических русских и индийцев практически идентичны. Иначе говоря, грубые ошибки Л. Животовского в методологии расчетов переходят уже в системное искажение истории.

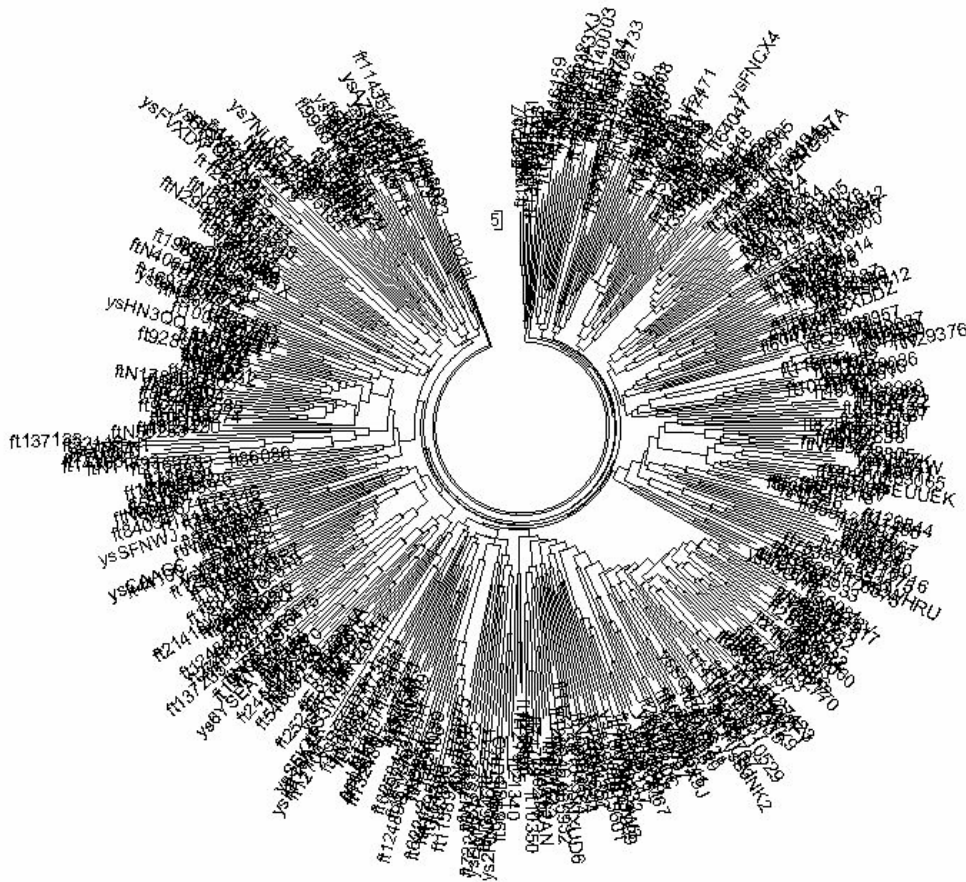


Рис. 2. Дерево 67-маркерных европейских гаплотипов субклада R-L21, он же R1b1b2a1a2f, построенное по данным проекта <http://www.familytreedna.com/public/R-L21/default.aspx?publicwebsite.aspx> (октябрь 2009). В выборке – 509 гаплотипов.

Еще пример. Приведенные выше величины 3950 ± 400 и 3600 ± 370 лет назад показывают, что в те времена имело место равномерное и неуклонное заселение Европы носителями гаплогруппы R1b1b2. Интересно, что в те же самые времена популяция R1a1 практически исчезает из Европы, и вновь заселяет Европу только 2600-3000 лет назад и позднее, а именно 2725 ± 300 лет назад для центрально-европейской ветви R1a1, 2575 ± 300 для западно-славянской ветви, 2800 ± 350 для северокарпатской ветви, 2750 ± 370 для

западно-евразийской ветви, 2600 ± 290 для балто-карпатской ветви, 2550 ± 320 для южной Евразийской ветви, 2150 ± 300 для западно-карпатской ветви, и так далее (Рожанский и Клёсов, 2009). «По Животовскому», первые R1a1 в Европе должны были появиться не 10-12 тысяч лет назад, а 25-30 тысяч лет назад, что противоречит здравому и историческому смыслу, в той же степени, в какой гаплогруппа I1 должна была появиться в Европе не 21400 лет назад, а 60 тысяч лет назад. И это только I1, не говоря об I2 и родительской I.

Возвращаемся к равномерным, симметричным деревьям. Ясно, что «метод Животовского» по своей сути к ним не подходит. Никаких генетических дрейфов там не выражено, четко выявляется один общий предок, и никаких оснований занижать скачком скорость мутации нет.



Рис. 3. Дерево 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы А. В выборке – 107 гаплотипов (Клёсов, 2009а). Источник гаплотипов – база данных Ysearch.

В древних популяциях, как правило, из-за вымирания многих ДНК-генеалогических линий, дерево гаплотипов выглядит как набор «обрубков» ветвей. Это обрубки – результат сдвигов в базовых гаплотипах, результат «бутылочных горлышек» популяции. У каждой из этих ветвей есть свой общий предок со своим базовым гаплотипом. Из набора этих базовых гаплотипов рассчитывается время жизни общего предка для всего дерева.

Например, в статье (Клёсов, 2009а) рассматривались гаплотипы гаплогруппы А (рис. 3). В статье показано, что дерево состоит из двух ветвей, у каждой свой базовый гаплотип, со временами до общего предка 4050 ± 450 лет назад и 20650 ± 2200 лет назад. Общий предок обеих ветвей жил примерно 28200 лет назад.

«Метод Животовского» не дал бы этой информации, не дал бы структуры дерева, а просто показал бы, что общий предок жил 19900 лет назад. Счет был бы от некоего фантомного гаплотипа, соответствующего фантомному общему предку, и получился бы фантомный результат. Естественно, была бы приведена огромная погрешность, где-то от 5 тысяч до 40 тысяч лет назад, и вопрос бы считался решенным.

Читатель может подумать, что данные «по Животовскому» всегда получаются заниженными. Ничего подобного. Они могут оказаться любыми. Никакой связи с реальностью они не имеют. В зависимости от числа гаплотипов и формы дерева они могут гулять по любому мыслимому диапазону. Вообще все расчеты Л. Животовского и тех, кто имеет несчастье использовать его «метод», можно свести к одной фразе – просто сообщать «это происходило давно». Во всяком случае, это будет точнее и научнее.

Вот еще один пример, гаплотипы гаплогруппы В. Их известно немного, в базе данных Ysearch оказалось всего 15 (рис. 4). Анализ четырех базовых гаплотипов дерева проведен в работе (Клёсов, 2009b), и было найдено, что общий предок дерева жил примерно 25900 лет назад.

Если бы считать не по ветвям, а чохом (как и проводится по «методу Животовского»), то получилась бы неверная величина 19400 лет до общего предка. Как правило, счет «чохом», на круг, «омолаживает» общего предка. Что делает Л. Животовский? Берет этого «омоложенного» предка, и делит на некий фактор, постоянный для всех случаев и для гаплотипов любой длины. В случае гаплотипов гаплогруппы В получилось бы 29800 лет. Это уже больше, чем 25900 лет при счете по ветвям. Разница в данном случае относительно невелика, 4 тысячи лет, но могла бы быть любой.

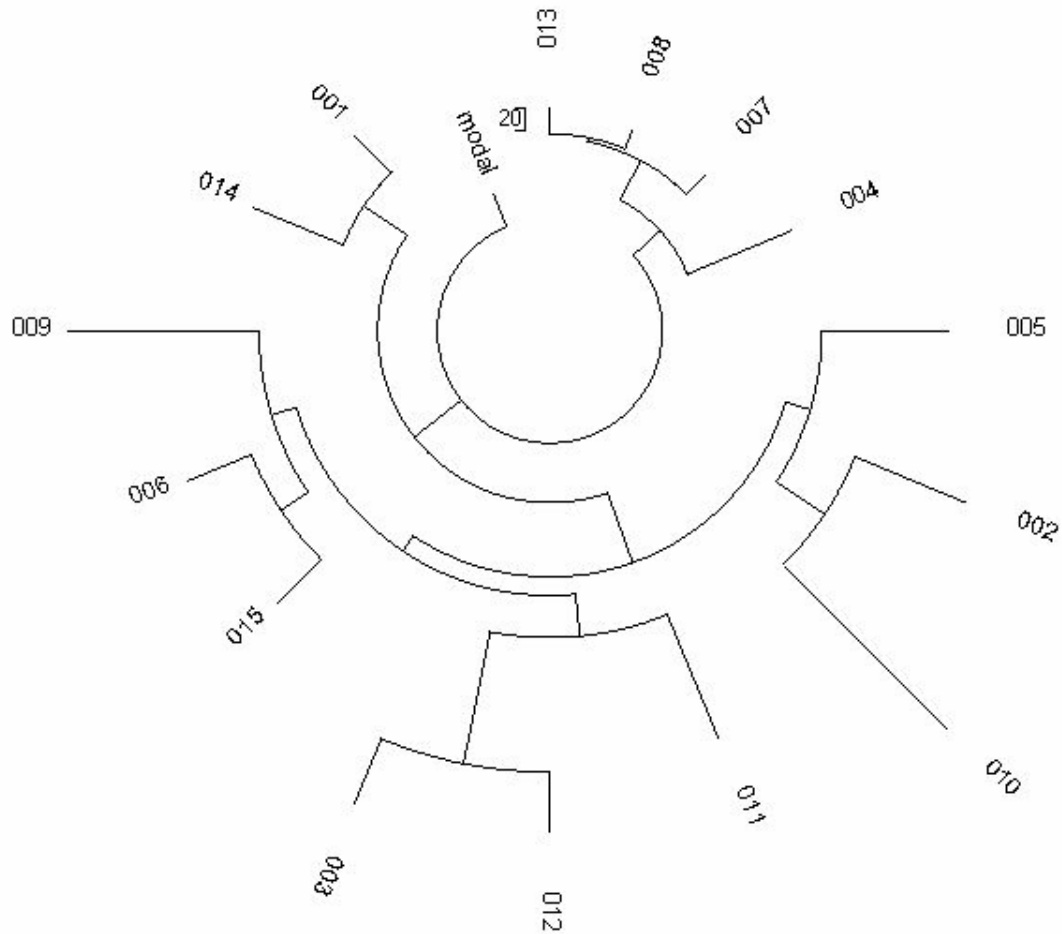


Рис. 4. Дерево 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы В. В выборке – 15 гаплотипов (Клёсов, 2009b). Источник гаплотипов – база данных Ysearch.

При таком «счете по Животовскому» игнорируется, что гаплотипы разной длины имеют разную среднюю скорость мутаций, что нужно вводить поправку на возвратные мутации, которая прогрессивно возрастает с увеличением времени до общего предка, что предок может быть один, или ветвей может быть несколько, что среди них могут быть совсем недавние ветви, и могут быть ветви дочерние от других ветвей самого дерева. Все это игнорируется, и делится на некий постоянный для всех случаев фактор. Он просто призван «удревнить предка», насколько – не важно. Все равно никто не проверит.

Проверили. Оказалось, метод Животовского – одна большая сплошная ошибка. Он ведет «счет» типа как у древних индейских племен: один, два,

три, а что выше – «много». Вот у него и есть «много», а сколько – неважно. Все равно никто не проверит.

Да, но как же «калибровка»? Взглянем, какая там была калибровка.

«Калибровка по Животовскому»

Открываем «часто цитируемую статью» (Zhivotovsky et al, 2004). Читаем для начала резюме статьи. В нем – две фразы. В первой фразе оно сообщает, что «Мы установили эффективную скорость мутации на усредненном тандемном локусе Y-хромосомы 0.00069 в расчете на 25 лет, со стандартным отклонением 0.00057». Для начала неплохо. Правда, в академических статьях цитируют 0.00069, но не цитируют, что стандартное отклонение равно почти 100%, точнее, 83%. То есть в диапазоне от 0.00126 до 0.00012, более чем в десять раз. Величина 0.00126 уже близка к 0.00147 для 6-маркерных гаплотипов, с которыми Животовский в той статье и работал, только 14%разницы. Наверное, эту цифру и получил бы, если бы не манипулировал с гаплотипами по своему произволу. К этому мы еще вернемся.

Вторая фраза в резюме – «Это значение мы использовали для определения времен экспансии африканских банту, дивергенцию полинезийских популяций (маори, островов Кука, и самоанцев), и происхождение популяции цыган из Болгарии».

Посмотрим, как и что они использовали.

Африканские банту

Раздел «Материалы и методы». Смотрим про африканских Банту. Читаем – «анализировали 148 человек гаплогруппы E3a7-M191», перечисляются племена, сообщается, что анализ проводили по 10-маркерным гаплотипам. Раздел «Результаты». Данных по Банту нет, они вообще в данном разделе не упоминаются.

Раздел «Обсуждение». Банту не упоминаются.

Раздел «Применение». Говорится, что применили полученную величину 0.00069 к популяции Банту, чтобы посмотреть, как это коррелирует с археологическими, лингвистическими и историческими данными. Далее говорится, что если усреднить по всем 11 племенам и популяциям,

перечисленным в разделе «Материалы и методы», то получится 3400 ± 1100 лет до «экспансии» Банту в подгруппе со снипом M191. И далее – «археологические и лингвистические данные поддерживают это значение, поскольку показывают присутствие Банту в Западной Африке в неолитические времена, ~ 1000 лет до нашей эры, или даже 2000 лет до нашей эры». И далее – «Величина 3400 лет назад может рассматриваться как нижняя граница для времен экспансии Банту.... Если мы возьмем наиболее частые гаплотипы среди тех 148 хромосом как предковые, и приложим к ним величину 0.00069, то время для M191 получится 14700 лет.... В этом случае, экспансия Банту могла произойти ранее, чем 3500 лет назад». И далее идут долгие рассуждения с неопределенной концовкой.

Если это «калибровка», то что такое НЕ калибровка.

К сожалению, исходные данные (гаплотипы) в статье не приведены, ссылка статьи, что они «в сети», не дает никакого линка. Я могу только заключить, что рассматриваемая популяция Банту молодая, не более 1000-1200 лет до общего предка, как это часто бывает с африканскими популяциями, только недавно прошедшими очередное бутылочное горлышко. Ни к каким археологическим или лингвистическим данным это не имеет никакого отношения. Рассуждения в статье не имеют никакого значения в отношении рассматриваемого вопроса. Никакой «калибровки» не было и близко.

Полинезийцы

В разделе «Материалы и методы» сообщается, что у авторов были 22 гаплотипа маори и 23 гаплотипа с островов Кука, с мутацией M208 гаплогруппы C2, и эти данные действительно приведены в Таблице 1 в статье в виде серии 10-маркерных гаплотипов у всех маори, 10 и 7-маркерные гаплотипов у островитян Кука, и 10-маркерных гаплотипов у четырех самоанцев. Далее, сообщается, что маори прибыли в Новую Зеландию не позднее, чем 800 лет назад, что именно эта величина будет далее использована в статье (то есть 32 поколения назад, поскольку авторы брали 25 лет на поколение).

Применяя квадратичный метод, авторы показали, что среднее число мутаций на маркер у маори и островитян Кука равно 0.00998, при этом самоанцев в расчет не включали, а маори и островитян считали по 7-маркерным гаплотипам. По 10-маркерным расчета (у маори, или маори и самоанцев вместе) не было. На основании этого авторы посчитали, что скорость мутации равна $0.00998/32 = 0.000312$.

Как видно, это вовсе не 0.00069, а даже в два раза медленнее. Далее авторы заключили, что это скорее всего недооценка, и опять пустились в долгие и вязкие рассуждения, почему это может быть недооценкой. На этом «калибровка» этой серии гаплотипов была завершена.

Болгарские цыгане

Авторы сообщили – со ссылками – что цыгане прибыли в Европу 900-1000 лет назад, и что они были зафиксированы в Болгарии ~ 700 лет назад (то есть ~ 28 поколений – АК). Далее они сообщили, что анализировали 179 гаплотипов из 12 цыганских таборов в Болгарии, и что все гаплотипы имели снип M82. Далее, один гаплотип (единственный из табора Даракчи) был исключен, потому что оказался нечетным, и усреднение по всем 8-маркерным гаплотипам дало в среднем 0.01272 мутаций на маркер, и $0.01272/28 = 0.000454$ как средняя скорость мутаций на маркер. Заметим, что это опять заметно ниже, чем якобы «калиброванная» 0.00069. Авторы опять стали обсуждать, что это должна быть «недооценка».

После этого авторы решили пересчитать данные, внося коррективы в исходные серии гаплотипов, а именно внося «веса» в гаплотипы полинезийцев, и сняв ряд гаплотипов цыган. Это привело авторов к «корректировке» средней скорости мутаций в серии полинезийцев от 0.000312 до 0.000705 (!), то есть более чем в два раза. Более того, с учетом погрешности таких поправок величина средней скорости мутации стала равна 0.000705 ± 0.000332 , со стандартным отклонением по маркерам 0.00078, то есть выше, чем сама скорость мутации.

В отношении цыган авторы решили, что один табор – «Музыканты» - очень «гетерогенный», потому что их гаплотипы отличаются на две аллели в шести гаплотипах из 19 от наиболее распространенного гаплотипа. Так что «Музыкантов» сняли со счета, все 19 гаплотипов, и опять ввели «веса» по размеру популяции (что совершенно нельзя делать в случае вполне однородной серии гаплотипов, и нельзя было делать в этом конкретном случае). Получили среднюю скорость мутации 0.000725 ± 0.000187 . То есть сблизили полученные величины для полинезийцев и цыган.

Если это «калибровка», тогда непонятно, что такое «калибровка» в понимании авторов.

Наконец, используя такие же подходы, а именно вводя «веса», авторы посчитали данные для 52 популяций по всему миру, взяв данные из литературы, и получили для средней величины скорости мутации

0.000638±0.000109. Непонятно, как это может рассматриваться как «калибровка», потому что средний возраст 52 популяций в мире определить просто невозможно.

В статье это не пояснено, но описано в общих словах, что это делалось с привлечением аутосомальных данных для трех- и четырех-нуклеотидных повторов, для которых скорости мутации равны, как полагают авторы, 0.00070 и 0.00071, соответственно. Конкретных данных не показано.

Это, конечно, никакая не калибровка. Это – подгонка.

А какие скорости мутаций на самом деле применимы для полинезийцев и цыган, если не изымать гаплотипы и не вводить никаких «весов»? Давайте определим.

Рассмотрение гаплотипов полинезийцев и цыган без всяких «эволюционных» манипуляций

Полинезийцы

У полинезийцев – маори (Новая Зеландия), жителей островов Кука, и самоанцев – в таблице 1 в цитируемой статье суммарно было определено 37 10-маркерных гаплотипов. Дерево гаплотипов приведено на рис. 5.

Из дерева гаплотипов неясно, один предок или несколько. Проверим по критерию сходимости линейного и логарифмического методов.

Базовый гаплотип (в формате FTDNA плюс DYSA72, он же DYS461):

14-20-16-10-X-X-X-15-13-12-12-30 -- 9

от которого все 37 гаплотипов имеют 49 мутаций. Константа скорости мутации для указанных 10-маркерных гаплотипов равна 0.0018 мутаций на маркер на поколение (25 лет) (Klyosov, 2009a). Таким образом общий предок всех 37 гаплотипов жил $49/37/10/0.0018 = 74$ поколения (без поправки на возвратные мутации), или 80 поколений, то есть 2000±350 лет назад (с поправкой).

На дереве – 8 базовых гаплотипов (на вершине верева). Это дает $\ln(37/8)/0.018 = 85$ поколений (без поправки) или 93 поколения, то есть 2325 лет (с поправкой). Это – в пределах погрешности расчетов. На самом деле разница в 16% между логарифмическим и линейным методами может

означать небольшую примесь потомков еще одного общего предка в серии, но погрешность от этого, как мы видели, невелика.

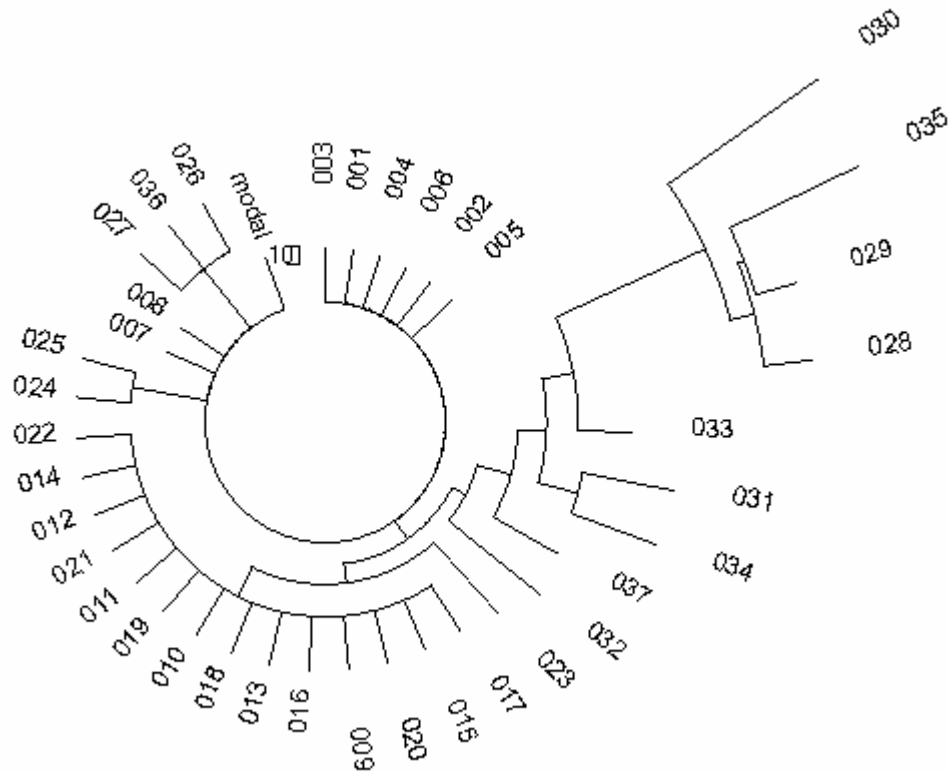


Рис. 5. Дерево 10-маркерных гаплотипов полинезийцев гаплогруппы C2. В выборке – 37 гаплотипов. Источник гаплотипов – статья (Zivotovsky et al, 2004).

Если же попытаться использовать «скорости Животовского» 0.00069 мутаций на маркер на поколение, то получится $49/37/10/0.00069 = 192$ поколения до общего предка, то есть 4800 лет до общего предка рассматриваемой группы гаплотипов. Напомним, что авторы цитируемой статьи использовали время прибытия 800 лет назад. Потому и получили до смешного малую среднюю скорость мутации. Действительно, по данным авторов до введения их манипуляций скорости была равна 0.000312 , то есть в 5.8 раз ниже использованной нами скорости 0.0018 мутаций на маркер, рассчитанной по данным Чандлера и проверенной на многих популяциях, в том числе и на данных классической генеалогии. Использованная ими величина 800 лет до прибытия полинезийцев тоже в 6 раз ниже определенной нами (с их величинами скоростей) 4800 лет до общего предка.

Вот такая цена «калибровки» Л. Животовским. Им была взята неверная величина, и по неверной «откалибровано».

Болгарские цыгане

Гаплотипы цыган были определены у 179 человек из двенадцати болгарских таборов (Zhivotovsky et al, 2004). На удивление, у всех гаплотипы похожи, явно от общего предка. Напрашивается объяснение, что в средние века в Болгарию пришел очень ограниченный контингент цыган, может, всего один табор. Остальные, видимо, не прошли «бутылочное горлышко» популяции, и всего один патриарх дал выжившее потомство. Или патриархами были близкие родственники.

Рассмотрим гаплотипы цыган в 6- и 8-маркерном варианте, чтобы сделать пример еще более наглядным, и проверить воспроизводимость нашего подхода. В цитированной статье были приведены 8-маркерные гаплотипы, но с произвольными удалениями, как показано выше.

6-маркерные гаплотипы

В наиболее многочисленном таборе «Рудари» 62 человека из тестированных 67 имели следующий гаплотип:

15-12-22-10-11-12

Этот же гаплотип имели 12 из 13 человек табора «Кальдераш», 9 из 24 человек табора «Лом», все четверо тестированных из табора «Торговцы», 20 из 29 из табора «Калайджи», 12 из 19 из табора «Музыканты». В остальных гаплотипах мутаций тоже мало. Ясно, что гаплотипы «молодые», и им действительно всего несколько сотен лет.

Всего на 179 гаплотипов тестированных цыган пришлось 34 мутации, что дает $34/179/0.0088 = 22 \pm 4$ поколений до общего предка, то есть 550 ± 100 лет назад. Действительно, средние века.

Сравним с расчетом по остаточным базовым гаплотипам. Их – 146 из всех 179. Это соответствует 23 ± 3 поколению до общего предка ($\ln 179/146$, деленное на 0.0088), или 575 ± 75 лет назад. Практически то же самое время.

Итак, и у цыган нормальная ДНК-генеалогия, при которой имеется весьма жесткое соответствие между числом убывающих базовыми гаплотипов и накоплением мутаций в их производных.

Из независимых источников, присутствие цыган в Болгарии было отмечено 700 лет назад (Zhivotovsky et al, 2004). Однако, эти сведения не обязательно точны, они могут относиться к другим цыганам, не обязательно гаплогруппы H1, потомство у первых цыган могло не выжить, и так далее. Тем не менее, 550-575 лет назад – это вполне удовлетворительное совпадение.

8-маркерные гаплотипы

При переходе к 8-маркерным гаплотипам базовым гаплотипов стал следующий:

15-12-22-10-11-12 -- 14-16

где последние два – маркеры DYS389-1 и 389-2. Они добавили во всех 179 гаплотипах 25 мутаций, то есть стало 59 мутаций. Это дает $59/179/8/0.00163 = 25 \pm 4$ поколений до общего предка, то есть 625 ± 100 лет назад. Практически то же самое, что и для 6-маркерных гаплотипов ($34/179/0.0088 = 22 \pm 4$ поколений до общего предка, то есть 550 ± 100 лет назад).

В 80-маркерной серии – на 20 базовых гаплотипов меньше, чем в 6-маркерной серии, то есть 126. Получаем $\ln(179/126)/0.013 = 27 \pm 4$ поколений до общего предка. Практически та же самая величина, 675 ± 100 лет до общего предка.

Остается только гадать, как Л. Животовский получил примерно такую же величину (700 лет) при величине средней скорости мутации 0.000454, которая после некоторых манипуляций превратилась в 0.000725, а потом и в 0.00069.

Вот такая цена его «калибровкам».

Послесловие

Осталось с интересом перечитать слова Хаммера и самого Животовского в их последней статье (октябрь 2009): «При изучении вариаций в гаплотипах ...в популяциях с документированными непродолжительными хронологиями, они пришли к выводу об эволюционных эффективных скоростях мутации 0.00069 за 25 лет... (Zhivotovsky et al, 2004). ... (то есть эти эффективные скорости были калиброваны за период времени примерно 1000 лет). С 2004 года этот подход был применен исследователями и критически рассмотрен в научной литературе» (например, Arredi et al.

2004; Di Giacomo et al. 2004; Gayden et al. 2007; Sengupta et al. 2006; Xue et al. 2005; Zhivotovsky and Underhill 2005).

Посмотрим, как, например, первый автор в этом списке «критически» рассматривал «метод Животовского». Она рассматривали популяции в Северной Африке, и решили рассчитать время до общего предка. Опять повторив мантру про "effective mutation rate calibrated by historical events (Zhivotovsky et al, 2004)" (мы сейчас знаем, что это была за «калибровка»), они получили для гаплогруппы E3b2 величину 6900 лет до общего предка. Видимо, «критическое рассмотрение» состояло в том, что, не доверяя «методу Животовского», они пересчитали эти данные с помощью метода Кайзера для пар отец-сын, но, чтобы подтянуть данные к «методу Животовского», взяли для результатов «по Кайзеру» уже 30 лет на поколение. Получили 4200 лет до общего предка. Взяли бы 25 лет на поколение, как у Л. Животовского, получили бы 3500 лет для гаплогруппы E3b2, а не 6900 лет. В итоге авторы составили таблицу, в которой дали две колонки цифр – одну «по Животовскому», с поколением в 25 лет, другую «по Кайзеру», с поколением в 30 лет. «По-Животовскому» везде было в два раза выше. Так параллельно и обсуждали, не имея понятия, какие цифры им стоит обсуждать. К заключению о том, какие времена правильнее, так и не пришли. Видимо, это и есть «критическое рассмотрение».

Вот так рождаются басни про «калибровку» и «критическое рассмотрение». Хороший пример манипуляций и подтасовок в академической науке. Хороший пример того, чего нужно сторониться.

В итоге в этой части «академической науки» создалась некая эшелонированная оборона, в которой действует «циклический аргумент» о том, что якобы метод проверен и «калиброван», критически рассмотрен в литературе и таким образом доказан. Поскольку в этой «академической науке» задействованы авторитеты, то мало что понимающие в расчетах, «популяционные генетики» бездумно цитируют дефектный подход, что в свою очередь подается авторитетами как «критическое рассмотрение» и дополнительное обоснование метода. На самом деле не было ни калибровки, ни обоснования, ни критического разбора. Точнее, критический разбор был, и не один (см., например, Klyosov, 2008, Dienekes, 2008). Недавний был озаглавлен «How Y-STR variance accumulates: a comment on Zhivotovsky, Underhill and Feldman (2006)» <http://dienekes.blogspot.com/2008/07/how-y-str-variance-accumulates-comment.html>

Более того, этот подход уже давно служит предметом насмешек среди людей, понимающих в расчетах, например, на Форуме RootsWeb, но

«авторитеты» эти обсуждения игнорируют, продолжая говорить о «калибровке» и «критическом разборе». Мотив простой – эта критика не была опубликована в «академической печати».

Наконец, критика опубликована (Klyosov, 2009b). Ответ авторов «подхода» и тех, кто его применяет, последовал (Hammer, 2009).

Ответ авторов (Hammer et al, 2009b)

Что же в ответе? Восемь положений. Что же посчитали главным авторы ответа?

- 1) Оппонент (то есть я) выступил с критикой слишком быстро, что «не есть в интересах основательного научного процесса».
- 2) В своей критике я ссылаюсь на недоступные и неопубликованные работы (в печати в JoGG)
- 3) Использую нестандартную терминологию, как, например, «логарифмический» и «линейный» методы.
- 4) Я сделал неверный вывод, что гаплотипы образуют «генеалогию» и к ним могут применяться «генеалогические» подходы (то есть не «популяционные».
- 5) Я не учитывал «генетический дрейф» или «никакие другие особенности мутаций в микросателлитах».
- 6) Авторы не знают, насколько мой метод применим к их системе.
- 7) Применяемый метод Животовского правильный, откалиброван и критически рассмотрен в научной печати.
- 8) Применяемые мной «деревья гаплотипов» являются интересными и могут быть в высшей степени полезными, но к ним нужно относиться с «большой осторожностью».

Положение (1), конечно, вызывает смех. Авторы, видимо, не в курсе, что «метод Животовского» уже давно вызывает насмешки, что я его давно и детально разобрал (что и делаю опять в данной статье), и на это описание не нужно времени.

Положение (2) можно было бы принять, если бы не русскоязычные Л. Животовский и Т. Карафет в авторах. Один вопрос мне в частной переписке, если они не умеют пользоваться Интернетом, и я бы дал им ссылки на работы, на которые они легко могли бы взглянуть. Мог бы и выслать. Если бы они хотели. Но желания, явно, не было.

Положение (3) – авторы просто не владеют предметом. Логарифмический метод в химической кинетике существует уже десятки лет. Он подробно и в азбучном варианте изложен в учебнике И.В. Березина и А.А. Клёсова «Практический курс химической и ферментативной кинетики», который уже более 30 лет служит основным учебником по данному предмету для университетов. Опять – короткий вопрос со стороны ЛЖ или ТК, и они узнали бы для себя много нового. Но не захотели.

Положение (4) – авторы просто не поняли, о чем речь. А речь о том, что дерево гаплотипов можно разложить по ветвям, и к каждой ветви приложить «генеалогический подход» и «генеалогическую скорость мутаций». А вот обрабатывать все дерево чохом, как делают авторы, неверно.

Положение (5) – авторы опять не поняли, что разложение дерева по ветвям – это и есть учет «генетического дрейфа».

Положение (6) – в моем «Комментарии» всё описано. Авторы просто не захотели, или не смогли разобраться.

Положение (7) – неверно и подтасовочно. В настоящей статье я это еще более подробно описал.

Положение (8) – наконец-то разумные слова. Следует, правда отметить, что к «методу Животовского» слова про «осторожность», по мнению авторов, видимо, неприменимы. Там осторожность не нужна. Это только к другим авторам относится.

Воистину, двойной стандарт еще и забавен.

Хочу еще раз подчеркнуть, что вклад авторов в биологическую сторону вопроса сомнению не подлежит. Я с большим уважением отношусь к значимости – в большой степени – создания ДНК-генеалогии авторами. Но когда авторы полагают, что они владеют истиной и в отношении количественных методов обработки мутаций в гаплотипах, что определено НЕ их сильная сторона, когда занимаются подтасовками, искажениями и преувеличениями, то мое уважение к ним сильно падает. Хотя авторам есть оправдание – их фактически ввел в заблуждение метод Л. Животовского, которому они просто доверились. Вред, который последний нанес ДНК-генеалогии свои «методом», еще будет оценен, и будет определено оценен как вред немалый.

Литература

Клёсов, А.А. (2008). 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. (2009а) Гаплотипы «африканской» гаплогруппы А. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №5, 896-899.

Клёсов, А.А. (2009b) Гаплотипы «африканской» гаплогруппы В. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №5, 900-901.

Arredi, B., Poloni, E.S., Paracchini, S., Zerjal, T., Fathallah, D.M., Makrelouf, M., Pascali, V.L., Noveletto, A., Tyler-Smith, C. (2004) A predominantly Neolithic origin for Y-chromosomal DNA variation in North Africa. *Am. J. Hum. Genet.*, 75, 338-345.

Athey, W. (2009) Introduction to a special section on alternative methods of analysis for Y-STR clusters and the determination of the time to the most recent common ancestor. *J. Genet. Geneal.* 5, 131-136.

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009a) Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. *Hum. Genet.* , 126, No. 5, 707-717.

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009b) Response. *Hum. Genet.* , 126, No. 5, 725-726.

Klyosov, A.A. (2008) Basic rules of DNA Genealogy (Y chromosome). Mutation rates and their calibration. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy*, 1, 3-53.

Klyosov, A.A. (2009a) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. *J. Genetic Genealogy*, 5, 186-216.

<http://www.jogg.info/52/files/Klyosov1.pdf>

Klyosov, A.A. (2009b) 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.* , 126, No.5, 719-724.

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J. et al (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Eur. J. Human. Genet.*, advance online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194

Zhivotovsky, L.A., Underhill, P.A., Cinnoglu, C., Kayser, M., Morar, B., Kivisild, T., Scozzari, R., Cruciani, F., Destro-Bisol, G., Spedini, G., et al. (2004). The effective mutation rate at Y chromosome short tandem repeats, with application to human population-divergence time. *Am. J. Human Genet.* 74, 50-61.

Произошли ли сейиды от генеалогической линии Пророка Мухаммада, а Пророк, как и евреи - от Авраама?

Анатолий А. Клёсов и Рамазан Г. Лугуев

<http://aklyosov.home.comcast.net>
lekRamzani@yandex.ru

Резюме

Рассмотрение серии 37-маркерных гаплотипов сейидов (по понятиям ислама - прямых потомков генеалогической линии Пророка Мухаммада) гаплогруппы J1 и J1e, арабов гаплогруппы J1e и евреев гаплогруппы J1e показало следующее:

- 1) треть рассмотренных сейидов (8 из 25 человек) имеют общего предка, который жил 1600 ± 380 , 1200 ± 240 и 1300 ± 260 лет назад (расчеты в разных вариантах по 25- и 37-маркерным гаплотипам), что согласуется с их происхождением от ДНК-линии Пророка и Али (годы их жизни 570-632 н.э. и 600-661 н.э., то есть - округленно - между 1350 и 1440 лет назад).
- 2) Еще 11 сейидов (почти половина из рассмотренных) имеют общего предка, жившего несколько ранее, в начале нашей эры (1950 ± 380 и 1975 ± 305 лет назад по 25- и 37-маркерным гаплотипам), но это был совершенно другой предок, его гаплотип отличался от предполагаемого гаплотипа Мухаммада на 4 и 9 мутаций на 25- и 37-маркерных гаплотипах. Это помещает общего предка двух данных линий сейидов на 2900-3000 лет назад.
- 3) Общий предок арабов-сейидов и арабов-не-сейидов из данной серии жил 3000-3200 лет назад.
- 4) Общий предок евреев гаплогруппы J1e данной выборки имел «модальный гаплотип коэнов» и жил 3950 ± 590 и 3800 ± 490 лет назад. Это - времена библейского Авраама (напомним, что время библейского исхода и Египта датируется по времени извержения вулкана Санторин 3630 лет назад, в Египте Иаков и его потомки были 210 лет, а Иаков - по Библии - внук Авраама).
- 5) Общий предок сейидов и евреев гаплогруппы J1e жил 4775 и 4200 лет назад (по 25- и 37-маркерным гаплотипам, соответственно), что в пределах погрешности расчетов не противоречит тому, что он жил во времена библейского Авраама.
- 6) Общий предок арабов и евреев из данной случайной выборки жил 5500 и 4700 лет назад (по 25- и 37-маркерным гаплотипам, соответственно).

Погрешность определения здесь не меньше плюс-минус тысяча лет, и данные не противоречат тому, что общие предки не только сейидов, но и арабов-не-сейидов жили во времена Авраама.

Введение

Начнем с того, что речь в этой статье пойдет не о всех сейидах, как и не о всех евреях. Известно, что еврей – это далеко не обязательно генеалогия, это – вера, образ жизни, представления о мире, зачастую, но далеко не всегда – облик, зачастую, но далеко не всегда – традиции. И тем не менее, за века и тысячелетия относительной религиозной и культурной изоляции евреи выработали свои генеалогические линии, и это, на наш взгляд, хорошо и правильно. Это – преемственность поколений. А преемственность поколений – необходимое условие здорового самосознания. Это – не только генеалогия, это, конечно, и общность культуры и традиций.

То же относится и к арабам. Арабы, как и многие восточные люди, особенно чтят генеалогию, связь поколений. Неприлично, если араб не знает своих предков на много колен вглубь.

Есть одна генеалогическая линия, которую мусульмане чтят особенно. Это – сейиды, или сеиды, потомки Пророка Мухаммада (в «классическом» русском языке был принят галлицизм Магомет, но он, видимо, уже устарел). Сам Пророк по учению ислама – прямой потомок Авраама и его сына Исмаила, что нашло отражение в его полном имени, перечисляющем всех прямых предков (имя Мухаммада здесь записано в виде куньи, когда в имени упоминается имя ребенка, в данном случае Мухаммад отец Касима: *Абу аль-Касим Мухаммад ибн 'Абд Аллах ибн Абд аль-Мутталиб ибн Хашим ибн Абд Манаф ибн Кусаййа ибн Киляб ибн Мурра ибн Кааб ибн Луайи ибн Галиб ибн Фихр-Курайш ибн Малик ибн Ан-Надр ибн Кинана ибн Хузайма ибн Мудрика ибн Ильяс ибн Мудар ибн Низар ибн Маад ибн Аднан ибн Адд ибн Хумайси ибн Саяман ибн Аус ибн Буз ибн Камваль ибн Убайи ибн Аввам ибн Нашид ибн Хаза ибн Бильдас ибн Йадляф ибн Табих ибн Джахим ибн Нахиш ибн Махи ибн Ид ибн Абкар ибн Убайд ибн Даа ибн Хамдан ибн Санбир ибн Йасриби ибн Йахзин ибн Йальхан ибн Аръави ибн Ид ибн Дишан ибн Айсар ибн Афнад ибн Айхам ибн Муксар ибн Нахис ибн Зарих ибн Сами ибн Маззи ибн Ауда ибн Арам ибн Кидар ибн Исмаил ибн Ибрахим.*

Всего 64 колена, 23 колена от Мухаммада до Аднана и 41 колено от Аднана до Авраама. Аднан жил примерно во 2-м веке до нашей эры, и является предком арабов-аднанитов, в основном североарабских племен, к которым и относятся сейиды. Большинство арабов относятся к южноарабским племенам (кахтанитам).

Мухаммад – автор Корана. Точнее, по учению ислама, Коран был ниспослан Мухаммаду Богом через архангела Джабраила-Гавриила. По мусульманскому учению, ислам является логическим продолжением иудаизма и христианства, а Мухаммад – последний в цепи великих посланников Бога: Ной – Авраам – Моисей – Иисус – Мухаммад.

Годы жизни Мухаммада – с 571/570 до 632 гг нашей эры. Произнося имя Мухаммада, исламское учение предписывает произносить – в русском переводе – «Благословит Его Аллах и приветствует». В английском языке это часто заменяют буквами PBUH (Peace Be Upon Him).

У Мухаммада по ряду источников было 13 жен, в том числе и вдовы своих сподвижников, на которых Пророк женился после гибели сподвижников в войнах. Многие бедуинские племена, принимавшие ислам, считали за честь отдать в жены Пророку представительницу своего племени и породниться с ним. Все дети Мухаммада (кроме Ибрахима) были рождены его первой женой Хадиджой (Ибрахим был рожден коптянкой по происхождению Марией), и до смерти Хадиджи Мухаммад повторно не женился. Но мальчики умерли в малом возрасте, и потомками Мухаммада считают детей от его дочери Фатимы, которая была замужем за двоюродным братом Мухаммада по имени Али ибн Аби Талиб (*Али ибн Аби Талиб ибн Абд-аль-Муталлиб ибн Хашим ибн Абд-аль-Манаф*). У Фатимы и Али было два сына – Хассан и Хуссейн (и три дочери). Именно их потомков и называют Сейиды, Шарифы или Алиды (Аливийун) (последние – у шиитов). Время жизни Али 600 – 661 гг.

Поскольку отец Али, Абу Талиб, и отец Мухаммада, Абдаллах ('Абд Аллах), были родными братьями и сыновьями Абд аль-Мутталиба, то родословная сейидов восходит, по учению ислама, к Исмаилу и Аврааму.

Прямыми потомками Хассана и Хуссейна были 11 имамов (двое от Хасана и девять от Хусейна). Они и их потомки неоднократно царствовали в Египте, Западной Африке, Сирии, Испании, но часто были преследуемы, и многие сейиды погибли мученической смертью. С тех пор сейиды – это почетный титул у мусульман, в переводе означает «господин», «вождь», «начальник». У суннитов сейиды – предпочтительные духовные и политические руководители мусульманских общин, у шиитов – ими непременно должны быть алиды. В обоих направлениях ислама, суннитов и шиитов, ожидаемый Имам аль-Махди, 12-й Имам из Рода Пророка, ожидаемый вождь, который изменит мир к лучшему, будет из алидов, он – предтеча второго пришествия Иисуса Христа.

Итак, хронологические и смысловые рамки расставлены. Переходим к ДНК-генеалогии. Теперь понятно, почему в названии этой статьи происхождение сейидов стоит не «от Мухаммада», а от «генеалогической линии» Мухаммада. Для ДНК-генеалогии это не имеет значения. Линия проходит через деда Мухаммада.

ДНК-генеалогия сейидов

В сети есть проект «Сейиды» www.familytreedna.com/public/sharifs/default.aspx. Этот проект по замыслу создателей включает потомков Хассана и Хуссейна, прямой генеалогической линии Пророка (через Али, как описано выше), в первую очередь современных носителей фамилий Alaoui, Allami, Amrani, Bakhadda, Cherif, Djellouli, Djilali, Hachmi, Hamdi, Hashimi, Hassani, Hettani, Husseini, Idrissi, Jilani, Kassimi, Kettani, Mekki, Mnaouer, Msakni, Ouazzani, Quraichi, Sayid, Seghrouchni, Sharif. В списке на ноябрь 2009 года – 61 человек из восьми гаплогрупп (A, E, G, J1, J2, R1a1, R1b, T), и двое «неотнесенных», хотя их гаплогруппы J1 и J1e. Видимо, фамилия Голдштейн смутила организаторов. Гаплогруппа J1 представлена наиболее значимо – 31 человек, или 53% от «отнесенных». Но из этих J1 – 11 человек имеют гаплогруппу J1e, и 16 человек (из них восемь «предсказанных», у которых гаплогруппу не тестировали) – J1, и помимо них, отдельно записаны еще трое J1 (они помечены «другие рода») и один J1d.

Уже понятно, что эти 61 человек, называющих себя сейидами, не могут происходить от одного общего предка даже в пределах десятков тысяч лет (поскольку общий предок этих гаплогрупп не мог жить позже), и уж тем более от Мухаммада, Аднана или Авраама. Поэтому нам в своих поисках надо выбрать более реалистичную и более близкую по времени цель. Наиболее вероятна здесь гаплогруппа J1, к которой в данной выборке относятся более половины сейидов. На втором и третьих местах гаплогруппы E и J2 (10 и 6 человек, соответственно), что делает их менее вероятными претендентами на данную генеалогию. Но и в самой гаплогруппе J1 у сейидов есть носители подгрупп J1 и J1e (по-видимому, гаплогруппа J1 просто «недотипирована» до J1e). Поскольку мы априори не знаем, к какой подгруппе мог относиться Мухаммад и/или Аднан, равно как и Авраам, то мы рассмотрели обе подгруппы, J1 и J1e, и отметили сейидов (индексом s). Для ДНК-генеалогического анализа мы взяли из списка только 37-маркерные гаплотипы, которых у сейидов оказалось 25, и добавили 18 гаплотипов арабов гаплогруппы J1e.

Для того, чтобы понять взаимоотношение сейидов с евреями в рамках ДНК-генеалогии, а именно, увидеть, действительно ли их линии расходятся от времен Авраама, мы объединили список гаплотипов 43 сейидов и других

арабов с гаплотипами 21 евреев гаплогруппы J1e. Дело в том, что большинство коэнов относятся именно к гаплогруппе J1e (Hammer et al, 2009), а коэны, по мнению многих (что не является фактом, но мнением или верой) ведут свою родословную от Аарона и далее от Авраама. Более того, по данным (Klyosov, 2009; Клёсов, 2008b) ДНК-генеалогическая линия евреев и неевреев гаплогруппы J1 расходится 4000±520 лет назад, что можно отнести к временам Авраама. Поскольку арабские гаплотипы в группе неевреев в исследовании (Клёсов, 2008b; Klyosov, 2009) составляли меньшинство (остальные имели гаплогруппу J1, но были самого разного территориального происхождения, от Европы до Южной Америки), то в этой работе представляло интерес напрямую выяснить, когда расходятся ДНК-генеалогические линии именно арабов и евреев.

Гаплотипы евреев гаплогруппы J1e были взяты из базы данных YSearch. Общий список гаплотипов приведен в Приложении.

Гаплотипы преобразовались в следующее дерево (рис. 1):

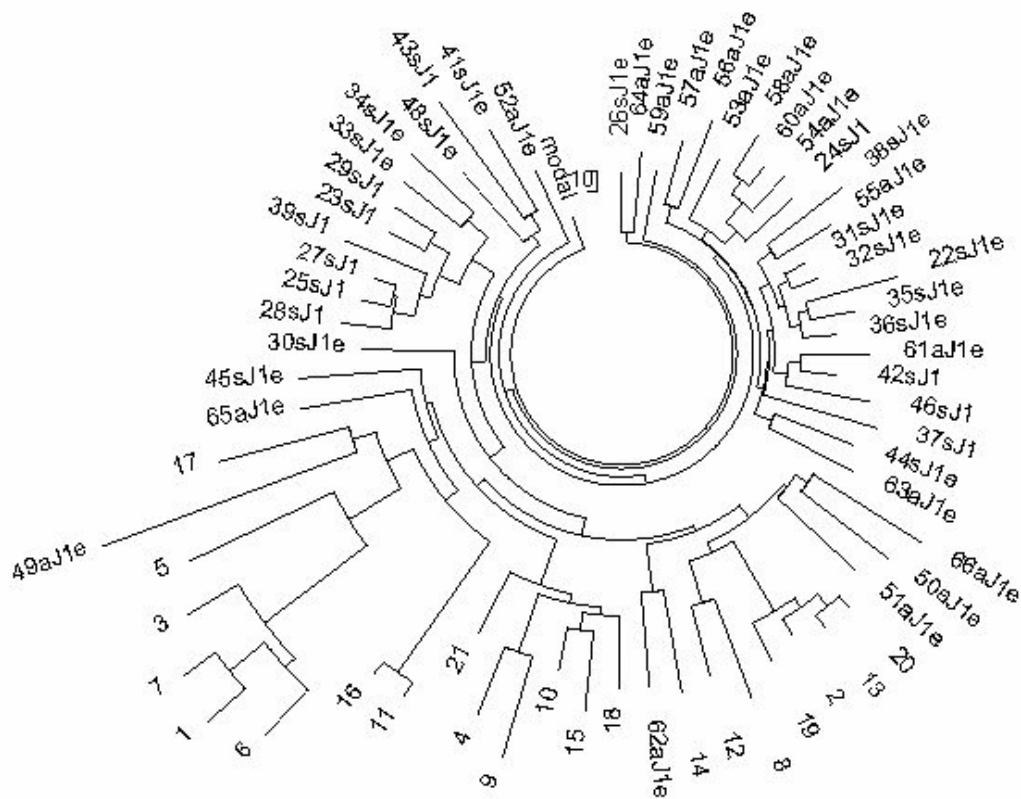


Рис. 1. Дерево 37-маркерных гаплотипов арабов-сейидов (индекс "s"), арабов (индекс "a"), и евреев (цифровая нумерация) гаплогрупп J1 и J1e (все евреи и часть арабов и арабов-сейидов). Всего на дереве 43 гаплотипа арабов (из них 25 сейидов) и 21 гаплотип евреев.

Из рассмотрения дерева сразу следуют два вывода. Вывод первый – гаплотипы арабов и евреев перемешиваются редко, и расходятся по разным частям дерева (арабы слева и справа, евреи внизу).

Вывод второй – еврейская линия (гаплотипов в выборке) значительно старше арабской. Это видно по тому, насколько компактна арабская половина, и «разлохмачена» еврейская. Расстояние группы от «ствола» и «разлохмаченность» обычно указывают на древность общего предка группы (популяции).

И еврейская, и арабская половина дерева состоят в свою очередь из подветвей, подгрупп. Это – нормально, так всегда и бывает и должно быть. Но иногда видно, что некоторые ветви явно выделяются. У арабов это небольшая ветвь из восьми гаплотипов слева вверху (между гаплотипами 34sJ1e и 28sJ1), все восемь – сейиды, и широкая ветвь из 20 гаплотипов справа, в которой 11 сейидов и 9 арабов, не отмеченных как сейиды. Помимо этого, есть несколько малых разбросанных образований из двух-трех гаплотипов, или даже одиночных гаплотипов, которые не являются частью арабской «семьи» в 37-маркерном варианте. Некоторые из них даже примыкают к еврейским гаплотипам, но ни одного сейида среди них нет.

Гаплотипы евреев гаплогруппы J1e расходятся по трем группам. Две из них, как показывает анализ (см. ниже) имеют «модальный гаплотип коэнов» и примерно одинаковый «возраст» (в отношении времени жизни общих предков ветвей), и одна – явно древняя ветвь слева внизу. В последней ветви есть два гаплотипа арабов, что неудивительно, зная, что и евреи и арабы в древности были бедуинами, и разделение произошло по культурно-религиозным понятиям, не по этническим или географическим признакам.

Ветвь сейидов

Ветвь из восьми гаплотипов слева вверху состоит только из гаплотипов сейидов. Только два из них имеют субклад J1e, остальные шесть – гаплогруппу J1, но это явно недостаточно глубокое типирование. Другими словами, тест на субклад J1e у них просто не проводили. Все восемь гаплотипов имеют 22 мутации в 25-маркерном варианте (отмечено в списке ниже) от базового гаплотипа

12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17

Напоминаем, что базовый гаплотип – это тот, от которого меньше всего мутаций, и который составлен из доминирующих аллелей. Поскольку во

всей серии $25 \times 8 = 200$ маркеров, то среднее число мутаций равно $22/200 = 0.11$ мутаций на маркер.

Это число и есть мера древности (или «возраста») общего предка. Даже не зная, как пересчитывать в годах, эта величина – среднее число мутаций на маркер – полезно для сопоставления с другими ветвями дерева гаплотипов, или с другими сериями гаплотипов. Мы это увидим при сравнениях с ветвями евреев.

Чтобы быть совсем корректными, введем показатель погрешности этой величины. Это обратное значение квадратного корня из числа мутаций в серии. В данном случае $\sqrt{22} = 4.69$, и обратная величина равна 0.213. То есть погрешность в определении числа мутаций равна 21.3%, и мы имеем 0.110 ± 0.023 . Это означает, что с 95%-й вероятностью среднее число мутаций на маркер попадет в этот диапазон, даже если у кого-то мутации проскочили «не в ту сторону», или вообще не произошли в данной серии маркеров.

Для 25-маркерных гаплотипов константа скорости мутации равна 0.00183 мутаций на маркер на поколение в 25 лет (Клёсов, 2008а,с). Получаем, что общий предок этой небольшой, но отдельно стоящей серии гаплотипов жил $0.11/0.00183 = 60$ поколений назад. Это – без учета поправки на возвратные мутации. На самом деле поправка (Клёсов, 2008а) добавляет в данном случае всего четыре поколения, и мы имеем 64 поколения до общего предка, то есть 1600 ± 380 лет до общего предка. Здесь погрешность рассчитывалась уже по более сложной формуле (Адамов и Клёсов, 2009), потому что включает и погрешность константы скорости мутации

$$\sqrt{21.3^2 + 10^2} = 23.55\%$$

Опять, с вероятностью 95% общий предок данной ветви из 6 гаплотипов жил в указанном временном интервале. Это – 5-й век плюс-минус четыре столетия.

При переходе к 37-маркерным гаплотипам наблюдается осложнение, что зачастую делает расчеты по таким гаплотипам проблематичным. В предпоследнем маркере (DYS442) у трех гаплотипов из восьми наблюдается явная аномалия - скачок сразу на 6-7 аллелей (выделено), что не может быть в простом статистическом варианте. Подобные аномалии встречаются, хотя и довольно редко, и унаследуются. Явно, аномальные три гаплотипа – потомки относительно недавнего предка, у которого и произошла такая

необычная мутация, и случилось это 225 ± 130 лет назад (три мутации на три 37-маркерных гаплотипа).

23sJ1 12 **22** 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- **18** 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 --
11 10 22 22 14 15 18 **17** 32 36 13 10
25sJ1 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 **29** -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 --
11 10 22 22 14 15 18 16 32 36 **7** 10
27sJ1 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 --
11 10 22 22 14 15 18 16 32 36 **7** 10
28sJ1 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 20 8 9 **12** 11 26 14 20 26 12 14 16 17 --
11 10 22 22 14 15 18 16 32 **37** **7** 10
29sJ1 12 23 14 10 13 18 11 17 11 **14** 11 31 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 --
11 10 22 22 14 15 18 **17** 32 36 13 10
33sJ1e 12 23 14 10 13 **19** 11 17 **12** 13 11 30 -- **19** 8 9 11 11 26 14 20 **27** 12 14 16 17 --
11 10 22 22 14 15 **19** **15** **33** 36 12 10
34sJ1e 12 23 14 10 13 **20** 11 17 11 13 11 **29** -- **24** 8 9 11 11 26 14 **21** **27** 12 14 16 17 --
11 10 22 22 14 15 **19** 16 32 36 12 10
39sJ1 12 23 14 10 **14** 18 11 17 11 13 11 **31** -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 **16** --
12 10 22 22 14 15 18 16 32 **35** 12 10

Если проигнорировать эту аномалию, то к 25-маркерным гаплотипам в 37-маркерном варианте (базовый гаплотип показан ниже) добавится от 11 до максимум 13 мутаций (выделено выше), и время до общего предка всех восьми гаплотипов составит от 1200 ± 240 до 1300 ± 260 лет

12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 --
11 10 22 22 14 15 18 16 32 36 12/13 10

Если бы все сейиды происходили действительно от Хассана и Хуссейна, то их гаплотипы сходились бы к 7-му веку нашей эры. Если точнее – то к 625-му году, около 1380 лет назад (Хасан родился в 624 году, Хусейн в 627 году). Как видно полученные нами три величины расстояния до общего предка ветви сейидов - 1600 ± 380 , 1200 ± 240 и 1300 ± 260 лет – согласуются с тем, что данная ветвь сейидов действительно происходит от ДНК-линии Пророка и Али.

Смешанная ветвь сейидов и арабов

Широкая ветвь из 20 гаплотипов справа имеет базовый гаплотип

12 23 14 **11** 13 **19** 11 17 11 13 11 30 -- **18** 8 9 11 11 26 14 20 **25** 12 14 16 17 --
10 10 22 22 14 **14** 18 **18** 32 35/36 11 10

Он на 5 мутаций отличается от 25-маркерного базового гаплотипа сейидов, и на 10 мутаций – от 37-маркерного. Это – довольно большая дистанция, поэтому соответствующие ветви отстоят друг от друга на дереве гаплотипов. Но самом деле это разница от округленных значений аллелей, а настоящая разница составляет 4 мутации на 25 маркерных гаплотипах, и 9.9 мутаций на 37-маркерных. Это соответствует суммарному расстоянию между их общими предками 2400 и 3075 лет, соответственно. К этим величинам мы еще вернемся, а пока отметим, что вся ветвь содержит 80 мутаций от приведенного базового гаплотипа на 25-маркерных гаплотипах, и 141 мутацию на 37-маркерных. Это соответствует 2400 ± 360 и 2125 ± 280 лет, соответственно, до общего предка данной широкой ветви.

Если бы не столь большая разница между двумя ветвями сейидов и данной ветвью, можно было бы подумать, что широкая ветвь имеет предком Аднана, который жил примерно во 2-м веке до нашей эры. Возможно, это и так. Но тогда ветвь сейидов – не от Али. Потому что Аднан должен быть предком Али, с расстоянием между ними примерно в 800-900 лет. Здесь же разница примерно в 2200-2400 лет. Так когда же жил общий предок ветви сейидов и широкой ветви арабов и сейидов? По 25-маркерным гаплотипам – $(1600+2400+2400)/2 = 3200$ лет назад. По 37-маркерным гаплотипам – $(1200+2125+3075)/2 = 3200$ лет назад. Это – на тысячу лет раньше времени жизни Аднана.

Возможно, общего предка удревяняют арабы – не сейиды этой ветви. Попытаемся рассмотреть только сейидов.

11 гаплотипов сейидов на широкой ветви имеют следующий базовый гаплотип:

12 23 14 10 13 **19** 11 17 11 13 11 30 -- **19** 8 9 11 11 26 14 20 **25** 12 14 16 17 –
10 10 22 22 14 **14** **19** **18** 32 36 **11** 10

и вся ветвь содержит 36 мутаций в 25-маркерном формате и 72 мутации в 37-маркерном. Это дает соответственно 1950 ± 380 и 1975 ± 305 лет до общего предка, начало нашей эры. Среднее количество мутаций на маркер для 25-маркерных гаплотипов здесь равно $36/11/25 = 0.130 \pm 0.022$. Как видно, это немногим больше, чем для молодой ветви сейидов (0.110 ± 0.023 , см. выше). Более того, эта разница может попадать в погрешность расчетов, и общий предок восьми сейидов (ветвь на дереве слева наверху) и 11 сейидов (ветвь справа) мог жить в одно и то же время. Но это были совершенно разные предки.

Хотя арабские (не сейидов) гаплотипы привнесли основное количество мутаций в данную серию, тем не менее, обе ветви, сейидов (8 гаплотипов) и данная ветвь (11 гаплотипов), отстоят весьма далеко, на 3.66 и 8.89 мутаций на 25- и 37-маркерных гаплотипах. Это помещает их общего предка на 2900 и 3000 лет назад, соответственно. Это опять не может быть Андан, и данные указывают, что общий предок арабов и сейидов данной серии жил 3000-3200 лет назад.

Другими словами, мы имеем две «параллельные» генеалогические линии сейидов, которые начались примерно в одно и то же время, в первой половине первого тысячелетия нашей эры, в одной гаплогруппе J1e, но от двух совершенно разных людей. Их общий предок жил 3000-3200 лет назад.

Как будет показано ниже, будущая еврейская и будущая арабская линия (в этой выборке) расщепились еще 9 тысяч лет назад, а евреи и арабы повели свою линию примерно 4 тысячи лет назад, или между 4 и 5 тысяч лет назад.

Ветви евреев

Ветвь прямых потомков бедуинов

У евреев явно выделяется ветвь слева внизу на рис. 1, из 11 гаплотипов, два из которых принадлежат арабам (не сейидам). Базовый гаплотип этой ветви

12 23 14 10 14 17 11 16 11 13 11 29 -- 17 8 9 11 11 26 14 20 26 13 14 15 17 - 11 10 19
22 15 14 18 18 32 37 12 10

От него во всей ветви 119 мутаций на 25-маркерных гаплотипах, и 208 мутаций на 37-маркерных, что дает 0.433 ± 0.040 и 0.511 ± 0.035 мутаций на маркер, и 7725 ± 1050 и 6625 ± 810 лет до общего предка, соответственно. 7 тысяч лет назад ни евреев, ни арабов как таковых не было, были кочевники-бедуины. Это и есть прямые корни данной ветви. Не удивительно, в этой ветви есть как современные арабы, так и евреи.

В этой общей бедуинской ветви выделяется недавняя подветвь из четырех гаплотипов (1, 3, 6 и 7), с базовым гаплотипом

12 25 14 10 16 16 11 16 10 13 13 29 -- 17 8 9 11 11 26 14 20 28 13 14 14 17 -
11 9 19 22 17 14 18 17/18 31/32 37/38 12 11

и 6 мутациях на 25-маркерных гаплотипах и 16 мутациях на 37-маркерных, что помещает их общего предка на 850 ± 360 и 1175 ± 320 лет назад. У этого базового гаплотипа очень характерные мутации, совершенно несвойственные евреям. Эту ветвь была идентифицирована ранее (Klyosov, 2008a) и датирована 1600 ± 200 лет назад (базовый гаплотип №7 в списке, стр. 219 приведенной ссылки). Там он имел вид

12 25 14 10 16 18 11 16 10 13 13 29 -- 17 8 9 11 11 26 14 20 28 13 14 14 17

За исключением одной двойной мутации, эти гаплотипы идентичны на 25 маркерах. Теперь понятно, почему это необычный гаплотип – он ведет свое начало от бедуинов с древних времен, и последний приведенный здесь гаплотип – результат «генетического дрейфа».

Две ветви «модального гаплотипа коэнов»

На рис. 1 видны две совершенно различные ветви евреев, обе в нижней части дерева, из шести и семи гаплотипов. Это расхождение особенно заметно, если эти 13 гаплотипов поместить на отдельное дерево (рис. 2).

Поскольку «веса» обеих ветвей близки, можно рассчитать время жизни их общего предка по всем гаплотипам сразу, используя «усредненный» по обеим ветвям базовый гаплотип, предположительно предковый для всего дерева:

12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 30 -- 17 8 9 11 11 26 14 21 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 15 14 20 17 31 36 12 10

Это - по «научному» 6-маркерному гаплотипу (DYS 19, 388, 390, 391, 392, 393) – «модальный гаплотип коэнов» (МГК):

14-16-23-10-11-12

Обращает на себя внимание, что по этим шести маркерам количество мутаций среди всех 13 гаплотипов минимально, и равно 1, 1, 0, 1, 0, 0. То есть этот МГК очень стабилен. По всем 13 гаплотипам от приведенного базового имеются 81 мутация на 25 маркерах, и 154 мутации на 37 маркерах (0.249 ± 0.028 и 0.320 ± 0.026 мутаций на маркер), что дает 3950 ± 590 лет и 3800 ± 490 лет до общего предка, соответственно. Ранее было показано (Клёсов, 2008b; Klyosov, 2008b) на большой серии 37- и 67-маркерных гаплотипов, что общий предок евреев и неевреев с МГК жил 4000 ± 520 лет назад, что в пределах ошибки совпадает с полученными здесь величинами.

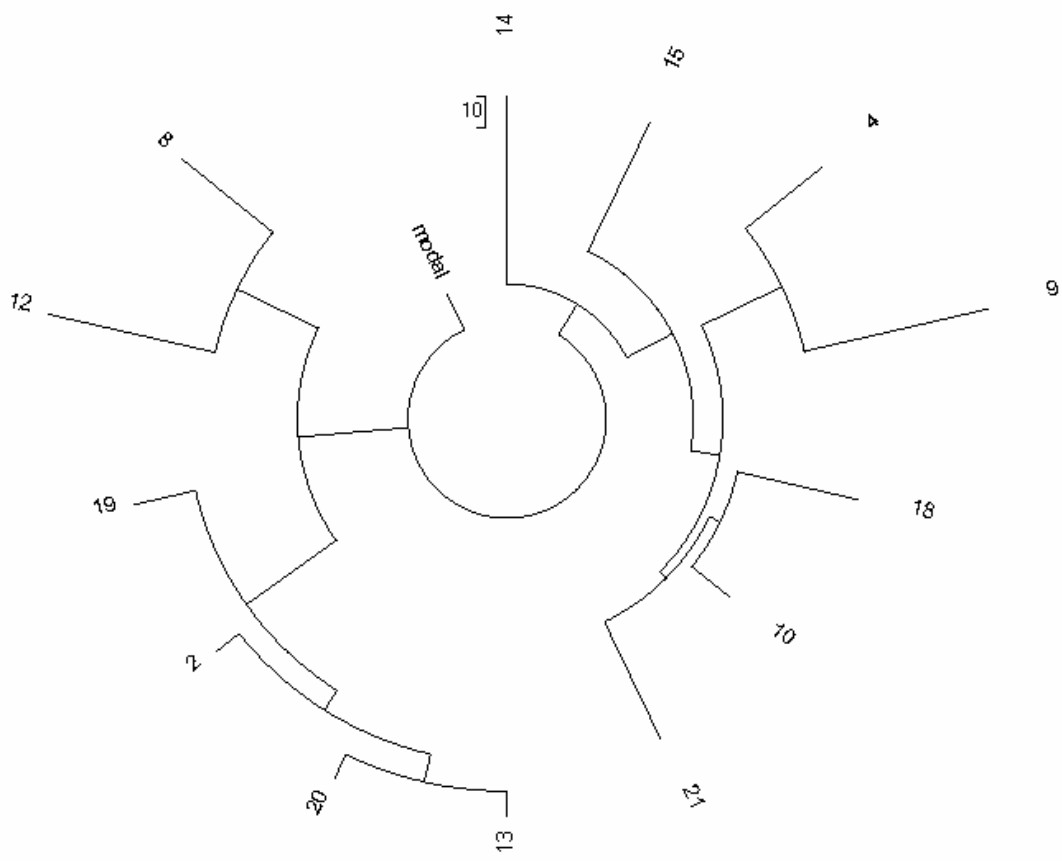


Рис. 2. Дерево 37-маркерных гаплотипов евреев («модальный гаплотип кознов») гаплогруппы J1e. На дереве 13 гаплотипов.

Если же рассмотреть обе ветви отдельно, то их базовые гаплотипы для правой и левой ветвей следующие:

12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 -- 17 8 9 11 11 26 14 21 26 12 14 16 17 -
11 10 22 22 15 14 20 18 31 35 13 10

12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 30 -- 18 8 9 10 11 24 14 20 26 11 14 16 17 -
10 10 22 22 15 13 18 17 32 36 12 10

Они расходятся – в округленном варианте - на 9 мутаций на первых 25 маркерах, и на 17 мутаций на 37 маркерах. При более точном счете, без округлений аллелей, эта разница составляет 7.53 и 16.09 мутаций, соответственно, что дает 4925 и 5450 суммарной дистанции между общими предками двух ветвей для 25-маркерных и 37-маркерных гаплотипов.

Все шесть гаплотипов левой ветви содержат 20 и 31 мутацию в их 25- и 37-маркерных гаплотипах, что дает 1975 ± 480 и 1525 ± 310 лет до общего предка, соответственно.

Все семь гаплотипов правой ветви содержат 22 и 47 мутаций в их 25- и 37-маркерных гаплотипах, что дает 1850 ± 440 и 2025 ± 360 лет до общего предка.

Как видно, обе линии евреев имеют «модальный гаплотип коэнов», и обе происходят от общих предков, которые жили в начале нашей эры, во времена разрушения иерусалимского храма и начала диаспоры. Но оба общих предка – потомки еще более древнего предка, который жил $(4925+1975+1850)/2 = 4375$ лет назад или $(5450+1525+2025)/2 = 4500$ лет назад. Это в пределах погрешности соответствует величинам 3950 ± 590 и 3800 ± 490 лет назад, вычисленной по всему дереву. Последняя величина более точна, так как не включает сопоставлений базовых гаплотипов и соответствующие дополнительные расчеты мутационного расстояния, которые имеют дополнительную погрешность.

Итак, общий предок евреев данной случайной выборки жил примерно 4 тысяч лет назад, во времена библейского Авраама. Это уже было показано ранее, так что данные этой выборки только подтверждают этот вывод.

Если сравнить базовый гаплотип евреев с базовым гаплотипом малой бедуинской ветви, то они имеют 16 мутаций на 25-маркерах. Это – очень большое расстояние, соответствующее суммарным 13200 лет до общего предка. Это помещает общего предка евреев бедуинской ветви и ветви «Авраама» на 9100 лет назад, во времена ранних обитателей Месопотамии и Аравийского полуострова, за пять тысяч лет до времен Авраама. Вот оттуда тянется малая ветвь евреев на дереве справа. К Аврааму они отношения не имеют. Это – бедуины, принявшие религию евреев, и ставшие евреями. Это – тот «разноплеменный народ», присоединившийся к двенадцати коленам израиляевым, по Библии.

Общий предок евреев и арабов-сейидов

Сравним базовые гаплотипы арабов-сейидов

12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 –
11 10 22 22 14 15 18 16 32 36 12/13 10

и евреев

12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 30 -- 17 8 9 11 11 26 14 21 26 12 14 16 17 -
11 10 22 22 15 14 20 17 31 36 12 10

Общий предок первых жил 1600 ± 380 лет назад (по 25-маркерным гаплотипам), и 1200 ± 240 и 1300 ± 260 лет назад (по 37-маркерным). Общий предок вторых жил 3950 ± 590 лет или 3800 ± 490 лет назад, соответственно. Между их базовыми гаплотипами 6/25 и 12/37 мутаций в округленном варианте, и 6.30 и 10.67 при более точном счете. Это помещает общего предка сейидов и евреев на 4775 и 4200 лет назад по 25- и 37-маркерным гаплотипам, что опять не противоречит временам библейского Авраама.

Общий предок евреев и арабов

Наконец, сравним базовый гаплотип широкой ветви арабов и сейидов справа на рис. 1

12 23 14 11 13 19 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -
10 10 22 22 14 14 18 18 32 35/36 11 10

с базовым гаплотипом евреев

12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 30 -- 17 8 9 11 11 26 14 21 26 12 14 16 17 -
11 10 22 22 15 14 20 17 31 36 12 10

Они отличаются на 7 и 14 мутаций на 25- и 37-маркерных гаплотипах, соответственно, в округленном варианте. При более точном расчете там 7.24 и 11.12 мутаций, что соответствует 4675 и 3550 лет суммарной дистанции между их общими предками. Поскольку общие предки соответствующих ветвей жили 2400 ± 360 и 2125 ± 280 лет назад, соответственно, при расчетах по 25 -и 37-маркерным гаплотипам у арабов, и 3950 ± 590 лет и 3800 ± 490 лет назад у евреев, то ИХ общие предки жили 5500 и 4700 лет назад по 25- и 37-маркерным гаплотипам, соответственно. Погрешность определения здесь никак не меньше плюс-минус тысячи лет, и данные не противоречат тому, что общие предки не только сейидов, но и арабов-не-сейидов жили во времена Авраама.

ПРИЛОЖЕНИЕ

Список гаплотипов. Для арабов - источник

<http://www.familytreedna.com/public/sharifs/default.aspx>

Для евреев (цифровая нумерация гаплотипов) - источник YSearch

22sJ1 12 22 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 15 18 17 32 36 13 10

23sJ1 12 22 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 15 18 17 32 36 13 10

24sJ1 12 22 14 11 13 19 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 - 10 10 20
22 14 14 17 18 32 37 11 10

25sJ1 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 29 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 15 18 16 32 36 7 10

26sJ1e 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 25 12 13 16 17 -- 10 10 22
22 14 14 16 18 31 34 12 10

27sJ1 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 15 18 16 32 36 7 10

28sJ1 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 20 8 9 12 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 15 18 16 32 37 7 10

29sJ1 12 23 14 10 13 18 11 17 11 14 11 31 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 15 18 17 32 36 13 10

30sJ1e 12 23 14 10 13 19 11 16 12 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 25 14 20 25 12 14 17 17 -- 10 10 22
22 14 14 19 18 32 36 13 10

31sJ1e 12 23 14 10 13 19 11 17 11 13 11 30 -- 19 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
22 14 14 19 18 32 36 11 10

32sJ1e 12 23 14 10 13 19 11 17 11 13 11 30 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
22 14 14 19 18 32 36 11 10

33sJ1e 12 23 14 10 13 19 11 17 12 13 11 30 -- 19 8 9 11 11 26 14 20 27 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 15 19 15 33 36 12 10

34sJ1e 12 23 14 10 13 20 11 17 11 13 11 29 -- 24 8 9 11 11 26 14 21 27 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 15 19 16 32 36 12 10

35sJ1e 12 23 14 10 13 20 11 17 11 13 11 30 -- 19 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 16 -- 10 10 22
22 14 14 19 17 32 36 11 10

36sJ1e 12 23 14 10 13 20 11 17 11 13 11 30 -- 19 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
22 14 14 20 18 32 36 11 10

37sJ1 12 23 14 10 13 21 11 17 11 13 11 29 -- 18 8 8 11 11 26 14 20 25 12 12 16 16 -- 10 10 22
22 14 14 19 18 32 32 11 10

38sJ1e 12 23 14 10 13 21 11 17 11 13 11 30 -- 19 9 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
22 13 14 20 19 33 35 11 10

39sJ1 12 23 14 10 14 18 11 17 11 13 11 31 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 16 -- 12 10 22
22 14 15 18 16 32 35 12 10

41sJ1e 12 23 14 11 13 18 11 16 11 13 11 29 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 14 13 18 18 34 35 12 10

42sJ1 12 23 14 11 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
22 14 14 18 17 31 35 11 10

43sJ1 12 23 14 11 13 18 11 18 11 13 11 31 -- 19 8 9 11 11 27 14 21 25 12 15 15 16 -- 11 10 22
 22 14 14 19 18 31 35 12 10
 44sJ1e 12 23 14 11 13 19 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 25 14 20 25 12 12 14 16 -- 10 11 22
 22 14 14 15 18 33 35 11 10
 45sJ1e 12 23 14 11 14 19 11 16 11 13 11 31 -- 17 8 9 11 11 22 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
 22 15 14 17 18 35 36 12 10
 46sJ1 12 23 14 12 13 19 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 12 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 14 19 17 31 34 11 10
 48sJ1e 12 24 14 11 13 18 11 16 11 13 11 30 -- 19 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 13 18 18 32 37 11 10
 49aJ1e 12 23 14 10 12 16 11 16 11 13 11 29 -- 17 8 9 10 11 25 14 19 30 13 13 13 16 -- 11 9 19
 20 16 13 16 17 33 36 12 10
 50aJ1e 13 23 14 10 13 20 11 16 11 13 11 29 -- 17 8 8 11 11 25 14 20 26 12 14 16 17 -- 11 10 22
 22 15 14 19 17 32 33 12 10
 51aJ1e 12 23 14 10 13 18 11 15 11 14 11 32 -- 18 8 9 10 11 25 14 20 25 12 14 16 17 -- 11 10 22
 22 15 14 18 17 32 37 12 10
 52aJ1e 12 23 14 10 12 19 11 17 11 13 11 29 -- 20 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 14 18 18 32 34 12 10
 53aJ1e 12 24 14 11 13 19 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 14 19 18 32 35 12 10
 54aJ1e 12 23 14 11 12 19 11 17 12 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 14 17 18 32 37 11 10
 55aJ1e 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 19 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 11 22
 22 13 14 18 18 31 36 11 10
 56aJ1e 12 23 14 11 13 19 11 17 11 13 11 29 -- 19 8 9 11 11 26 14 19 26 12 12 14 16 -- 10 10 22
 22 14 14 18 19 32 35 11 10
 57aJ1e 12 23 14 10 13 20 11 17 11 13 11 31 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 26 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 14 18 19 32 35 12 10
 58aJ1e 13 23 14 11 12 19 11 17 12 13 11 31 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 14 17 18 32 36 11 10
 59aJ1e 12 23 14 11 13 18 11 17 11 13 11 29 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 21
 22 14 14 18 18 33 36 12 10
 60aJ1e 12 23 14 11 12 19 11 17 12 13 11 29 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 14 17 18 32 36 11 10
 61aJ1e 12 23 14 11 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 20 25 14 16 16 17 -- 10 10 22
 22 15 14 17 17 32 35 11 10
 62aJ1e 12 23 14 10 14 17 11 16 12 12 11 29 -- 17 8 9 11 11 25 14 20 26 12 14 16 17 -- 10 10 22
 22 14 15 18 17 33 36 12 10
 63aJ1e 10 23 14 11 13 20 11 17 11 13 11 29 -- 19 8 9 11 11 27 14 20 25 12 14 16 17 -- 10 11 22
 22 14 14 17 18 32 35 11 10
 64aJ1e 12 23 14 10 13 18 11 17 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 27 14 20 25 12 14 16 17 -- 11 11 22
 22 14 14 18 18 33 34 12 10
 65aJ1e 12 23 14 10 14 18 11 15 11 13 11 30 -- 17 8 9 11 11 25 14 20 24 12 14 16 17 -- 11 10 22
 22 15 14 15 19 32 33 13 10
 66aJ1e 13 24 14 10 13 19 11 15 11 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 25 14 20 26 12 14 16 18 -- 12 10 22
 22 15 14 17 17 31 37 12 10

1 12 25 15 10 16 16 11 16 10 13 13 29 -- 16 8 9 11 11 26 14 20 28 13 14 14 17 -- 11 9 19
22 17 14 19 18 31 38 12 11
2 12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 30 -- 18 8 9 10 11 24 14 20 26 11 14 16 17 -- 10 10 22
22 15 13 17 17 32 36 12 10
3 12 25 14 10 16 17 11 15 10 13 13 29 -- 17 8 9 11 11 26 14 20 28 13 14 14 17 -- 11 9 19
22 17 14 18 17 32 37 12 11
4 12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 -- 17 8 9 11 11 26 14 21 26 11 15 16 17 -- 11 10 21
22 15 14 18 18 31 36 13 9
5 13 23 15 10 13 17 11 15 12 13 11 30 -- 19 8 9 11 11 26 14 20 26 13 15 15 17 -- 11 11 19
22 15 14 15 18 31 37 12 11
6 12 25 14 10 16 16 11 16 10 13 13 29 -- 17 8 9 11 11 26 14 20 28 13 14 14 17 -- 11 9 19
22 18 14 18 16 31 37 12 11
7 12 25 15 10 16 18 11 16 10 13 13 29 -- 16 8 9 11 11 26 14 20 28 13 14 14 17 -- 11 9 19
22 17 14 18 18 33 38 12 11
8 12 23 13 10 13 17 11 16 11 13 11 29 -- 17 8 9 11 11 25 14 20 25 12 14 15 17 -- 11 10 22
22 15 12 18 17 33 36 12 11
9 12 23 14 10 13 16 11 16 12 13 11 30 -- 17 8 8 11 11 26 14 21 26 15 15 17 17 -- 11 10 22
22 14 14 17 18 31 31 13 9
10 12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 -- 17 8 9 11 11 26 14 21 27 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 15 14 20 18 31 35 13 10
11 12 23 14 10 14 17 11 17 12 13 11 29 -- 17 8 8 11 11 25 14 20 25 14 14 16 16 -- 11 10 21
22 15 14 18 18 31 31 13 10
12 12 23 14 10 13 17 11 17 11 13 11 29 -- 18 8 9 11 12 25 14 20 25 12 14 15 17 -- 10 10 22
22 15 12 19 17 34 36 12 10
13 12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 31 -- 18 8 9 10 11 24 14 20 26 11 14 16 17 -- 10 10 22
22 15 13 17 17 32 36 12 10
14 12 23 14 10 13 16 11 16 12 14 11 31 -- 17 8 9 11 11 28 14 21 26 12 14 16 17 -- 10 10 22
22 14 14 20 17 30 34 12 10
15 12 23 14 11 13 15 11 16 12 14 11 31 -- 17 8 9 11 11 26 14 21 28 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 15 15 20 18 31 35 12 10
16 12 23 14 10 14 17 11 17 12 13 11 29 -- 17 8 8 11 11 25 14 20 25 14 14 16 16 -- 11 10 21
22 15 14 18 18 31 31 13 10
17 12 23 14 10 13 19 11 15 13 14 11 31 -- 17 8 9 11 11 26 14 20 24 13 15 16 16 -- 11 10 19
22 14 12 16 18 33 38 12 10
18 12 23 14 10 14 15 11 16 13 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 21 27 12 14 16 17 -- 11 10 22
22 15 14 20 18 31 36 13 10
19 12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 31 -- 17 8 9 10 11 24 14 20 26 11 14 16 17 -- 10 10 22
22 15 13 18 17 32 36 12 10
20 12 23 14 10 13 17 11 16 11 13 11 31 -- 18 8 9 10 11 24 14 20 26 11 14 16 17 -- 10 10 22
22 15 13 17 17 32 36 12 10
21 12 23 14 10 13 15 11 16 12 13 11 30 -- 18 8 9 11 11 26 14 21 26 12 14 16 16 -- 11 10 22
22 15 14 19 18 32 35 13 10

Литература

Адамов, Д.С. и Клёсов, А.А. (2009) Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть 2. Погрешности расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, № 1, 93-103.

Клёсов, А.А. (2008a) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №5, 812-835.

Клёсов, А.А. (2008b) Загадки «модального гаплотипа коэнов». Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №3, 490-513.

Клёсов, А.А. (2008с) 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.

Hammer, M.F., Behar, D.M., Karafet, T.M., Mendez, F.L., Hallmark, B., Erez, T., Zhivotovsky, L.A., Rosset, S., Skorecki, K. (2009a) Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish priesthood. *Hum. Genet.*, 126, No. 5, 707-717.

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

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*, 5, 186-216. <http://www.jogg.info/52/files/Klyosov1.pdf>

Субклад R1a1a7-M458 – популяции, география, история

А. Клёсов и И. Рожанский

Резюме

Субклад R1a1a7*-M458 делится почти поровну (в выборке из 56 39-маркерных гаплотипов) или в соотношении 1:2 (в выборке из 218 10-маркерных гаплотипов, по выборкам, опубликованным в работе [Underhill et al, 2009]) на западно-славянскую и центрально-европейскую ветви с возрастом общих предков 2225 ± 290 лет и 2475 ± 305 лет, соответственно (по 39-маркерным гаплотипам). Анализ 21-маркерных гаплотипов из той же выборки дал практически те же величины (2200 ± 330 лет и 2550 ± 360 лет, соответственно), как и анализ более коротких, 10-маркерных гаплотипов. Сам субклад по этим данным возник 3900 ± 300 лет назад. Видно, что от возникновения субклада до начала его расселения по территориям, выявляемым в настоящее время, прошло полторы тысячи лет. Это расселение было частью повторного заселения Европы со стороны Русской равнины в середине 1-го тысячелетия до н.э. В настоящее время носители западно-славянского субклада проживают довольно компактно в бассейне Одера, Вислы и Эльбы (в основном Польша, Чехия и Словакия), центрально-европейского субклада – рассеяны по всему ареалу славянских народов, распространившись, предположительно, из бассейна Дуная.. Предки центрально-европейской и западнославянской ветвей жили в том месте и в то время, где и когда формировались прото-славянские этносы и складывались прото-славянские диалекты. Практически все их потомки вошли в состав славян и, по большей части, продолжают ими оставаться.

ВВЕДЕНИЕ

В ноябре 2009 года вышла статья (Underhill et al, 2009) с авторским коллективом из 34 человек, которая сразу привлекла внимание. У статьи оказалось несколько характерных особенностей. Во-первых, впервые был найден довольно массовый субклад в молодой (на первый взгляд) гаплогруппе R1a1a. Во-вторых, в статье дана подборка из многих сотен гаплотипов гаплогруппы R1a1a* (638 гаплотипов в 10-маркерном формате) и 218 гаплотипов субклада R1a1a7* в 10-маркерном формате, плюс много гаплотипов дополнительно в 12-маркерном формате, и, наконец, 56 гаплотипов субклада R1a1a7* в 39-маркерном формате. В-третьих, данные

статьи обрабатывались совершенно неадекватными методами, и три четверти статьи представляют собой обсуждение полученных неверных результатов, приводя к неверным же выводам, которые мы здесь не будем и приводить. Они не имеют смысла. Но сам основной материал (точнее, его приложение) в виде перечня гаплотипов представляет большую ценность. Его мы и будем рассматривать в настоящей работе.

Субклады R1a и новый субклад M458

В гаплогруппе R1a в настоящее время насчитывают девять субкладов, считая и родительскую гаплогруппу R1a:

R1a*-M420
R1a1a*-M17/M198
R1a1a1
R1a1a2
R1a1a3
R1a1a4
R1a1a5
R1a1a6-M434
R1a1a7-M458

Носителей субклада R1a*, то есть не имеющего описанных к настоящему времени снп-мутаций, обнаружено крайне мало, причем только в западной Азии и на Аравийском полуострове – в Арабских Эмиратах, Омане, Иране, и Турции, всего семь человек, из более чем тысячи тестированных.

Субклады -a1, -a2, и -a3 были рассмотрены в работе (Рожанский и Клёсов, 2009). Субклад R1a1a1 представлен всего десятью гаплотипами в базе данных YSearch, и 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

с возрастом общего предка 4400 ± 740 и 4400 ± 610 лет для 25- и 37-маркерных гаплотипов, соответственно.

По сравнению с базовым (предковым) гаплотипом Русской равнины (он же – центрально-евразийский гаплотип)

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

он отличается на 4.5 мутации (выделены). Это помещает ИХ общего с центрально-евразийским гаплотипом предка на 4500 лет назад, опять на времена либо общего предка Русской равнины, либо на времена исчезновения гаплогруппы R1a1 из Европы.

Субклады R1a1a2 и R1a1a3 практически неразличимы. У них одинаковый 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

одна и та же ветвь на дереве, один и тот же возраст общего предка - 4200±750 лет назад. Это опять – время исчезновения гаплогруппы R1a1 из Европы, и, видимо, начало R1a1a2/R1a1a3 на новом месте. Но базовые гаплотипы этого субклада и центрально-евразийской ветви различаются на 20 мутаций на 25 маркеров (выделены), что означает, что ИХ общий предок жил 13000 лет назад. У этого субклада – характерное отличие, DYS392=13, вместо =11 для R1a1a* .

Это уже показывает, насколько древний общий предок у части гаплотипов R1a1, видимо, только европейской части. В работе (Клёсов, 2009) показано, что общий предок южно-сибирской популяции R1a жил 20 тысяч лет назад.

Субклады R1a1a4 и R1a1a5 в базе данных YSearch пустые, то есть гаплотипов нет.

Субклад R1a1a6-M234 тоже очень редкий, в нем найдено всего 14 гаплотипов, почти все в Пакистане (11), и три в Омане.

Поэтому обнаружение почти трех сотен гаплотипов субклада R1a1a7* стало сенсацией в мире ДНК-генеалогии. Как будет показано в настоящей работе, почти все они принадлежат ветвям центрально-европейской и западно-славянской, в классификации (Рожанский и Клёсов, 2009). В России доля R1a1a7* от всех проанализированных гаплотипов составляет 12-14%, на Украине от 8% (центр) до 23% (Днепропетровск), в Белоруссии от 4% (центр) до 23% (запад, Брест), в Польше от 7% (запад) до 36% (юг). В западной Европе этого субклада почти нет – 0 в Италии, 0 в Дании и Норвегии, 0 на Британских островах, 0 во Франции, 0 в Испании, 0 в Швейцарии, а также 0 на Ближнем Востоке, в Индии, в Пакистане, в Средней Азии, на Алтае.

Время до общего предка субклада M458, и его региональная идентификация

В работе Underhill *et al.* (2009) приведены 56 гаплотипов субклада R1a1a7* в нестандартном 39-маркерном формате: DYS393, DYS390, DYS19, DYS391, DYS385a, DYS385b, DYS426, DYS388, DYS439, DYS389-1, DYS392, DYS389-2, DYS458, DYS459a, DYS459b, DYS455, DYS454, DYS447, DYS437, DYS448, DYS449, DYS460, YCAIIa, YCAIIb, DYS456, DYS442, DYS438, DYS444, DYS446, DYS461, DYS441, DYS445, DYS452, DYS462, DYS463, GGAAT1B07, GATA A10, GATA C4, GATA H4.1.

Поскольку формат нестандартный, мы применили два способа анализа гаплотипов - в обычном 25-маркерном формате, из которого удалили четыре последних маркера DYS464a,b,c,d, пропущенных в работе Андерхилла, и в полном 39-маркерном формате.

Калибровка скоростей мутаций гаплотипов в 21- и 39-маркерном формате

Поскольку 21- и 39-маркерный формат гаплотипов не является стандартным, соответствующие скорости мутаций необходимо поставить в соответствие средним скоростям мутаций 25-маркерных гаплотипов (0.00183 мутаций на маркер на поколение в 25 лет). Последние калибровались по 60 25-маркерным гаплотипам семейства МакДоналдов (май 2008 года) следующим образом. Все 1500 маркеров в 60 гаплотипах показали 69 мутаций от базового гаплотипа, то есть 0.046 мутаций на маркер на 26 поколений до общего предка Джона Лорда островов, который умер в 1386 году. Это дает 0.00177 ± 0.00021 мутаций на маркер на поколение. Поскольку для 12-маркерных гаплотипов наблюдалось 44 мутации на 68 гаплотипов, то средняя скорость мутаций равна $44/68/12/26 = 0.00207 \pm 0.00031$ мутаций на маркер на поколение. Эти обе величины равны друг другу в пределах погрешности эксперимента. И они же равны средней скорости мутаций для 12-маркерных гаплотипов, определенных Чандлером (Chandler, 2006), равной 0.022 мутаций на гаплотип на поколение, то есть 0.00183 ± 0.00027 мутаций на маркер на поколение. Последняя величина и была принята для 12- и 25-маркерных гаплотипов как каноническая.

Последняя сводка гаплотипов семейства Доналдов (декабрь 2009 года) содержала уже 113 гаплотипов, содержащих 170 мутаций в их 25-маркерном варианте (и 149 мутаций в 21-маркерном варианте). Это помещает общего предка всей выборки на $170/113/25/0.00183 = 33$ поколения (без поправки на возвратные мутации), или на 34 поколения (с поправкой). Это не удивительно, так как новый список семейства

МакДоналдов пополнился гаплотипами со многими мутациями, и по сообщениям организаторов сайта, они ведут родословную от Сомерледа. Действительно, 34 поколения – это 850 лет, 12-век. Согласно средневековым хроникам, Сомерлед, гэло-норвежский полководец, основатель и первый правитель королевства Островов на Гебридах и западном побережье Шотландии, правил в 1156-1164 гг. Совпадение практически абсолютное.

Поскольку 113 21-маркерных гаплотипов Доналдов содержат 149 мутаций, то скорость мутации равна $149/113/21/34 = 0.00185 \pm 0.00015$ мутаций на маркер на поколение. То есть скорость такая же, как и 25-маркерных гаплотипов (0.00183) в пределах погрешности эксперимента. Ее и примем, чтобы упростить таблицу скоростей мутаций для гаплотипов разных форматов.

Оказалось, что точно такая же скорость мутаций относится и ко всем 39 маркерам (см. ниже).

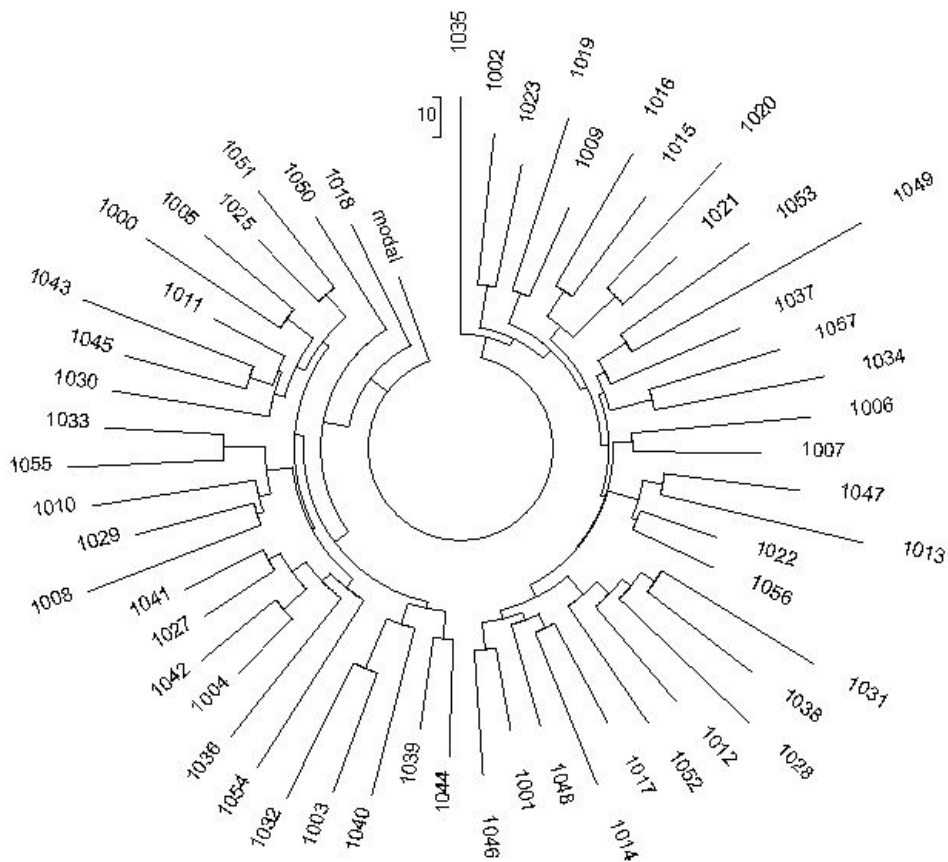


Рис. 1. Дерево 39-маркерных гаплотипов субклада R1a1a7*, по данным [Underhill et al., 2009].

Как видно из рис. 1, дерево гаплотипов R1a1a7* разделилось на две половины, или ветви, которые по числу гаплотипов почти равны друг другу, а именно 26 и 30 гаплотипов для левой и правой ветви, соответственно.

Западно-славянская ветвь

Левая ветвь на 21 маркере показала 80 мутаций, то есть 0.147 ± 0.016 мутаций на маркер, от базового гаплотипа

13-25-17-10-10-14-12-12-10-13-11-30 -- 16-9-10-11-11-23-14-20-31

Этот гаплотип совпадает с базовым гаплотипом ветви западных славян, приведенный ниже в 25-маркерном варианте (Рожанский и Клёсов, 2009); в цитированной статье этот гаплотип дан в 67-маркерном формате.

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

0.147 ± 0.016 мутаций на маркер при скорости мутаций 0.183 мутаций на маркер на поколение дает 2200 ± 330 лет до общего предка.

39-маркерные гаплотипы показали 151 мутацию во всех 26 гаплотипах от базового

13-25-17-10-10-14-12-12-10-13-11-30 -- 16-9-10-11-11-23-14-20-31 -- 11-19-23-16-18-11-14-12-10-14-12-30-11-24-9-16-23-21

что дает 0.149 ± 0.012 мутаций на маркер. Как видим, это одна и та же величина, что и для 21-маркерных гаплотипов, значит, средние скорости мутации 21- и 39-маркерных гаплотипов одинаковы. Это дает практически ту же величину времени до общего предка, 2225 ± 290 лет.

Сравним с соответствующими величинами для 25-маркерных гаплотипов западно-славянской ветви, рассмотренными ранее (Рожанский и Клёсов, 2009). Там 72 гаплотипа имели 307 мутаций, то есть 0.171 ± 0.010 мутаций на маркер, или 2575 ± 300 лет до общего предка. Это – практически та же величина в пределах погрешности расчетов.

В 25-маркерной серии на долю последних четырех маркеров, которых нет в 21-маркерной серии, приходится 75 мутаций, то есть четверть от всех мутаций в серии. Если их вычесть, то остальные 232 мутации на 72 гаплотипах дадут 0.153 ± 0.010 мутаций на маркер, то есть то же самое, что

0.147±0.016 и 0.149±0.012. Это соответствует 2300±275 лет до общего предка. Иначе говоря, возраст западно-славянской ветви, определенный по гаплотипам R1a1a базы данных YSearch, и «западно-славянской ветви» гаплотипов M458 «научной» выборки практически совпал. Видимо, гаплотипы YSearch этой ветви просто «недотипированы», и они все, или в основном, окажутся R1a1a7*-M458.

Центрально-европейская ветвь

Правая ветвь из 30 гаплотипов (рис. 1) на 21 маркере показала 106 мутаций, то есть 0.168±0.016 мутаций на маркер, от базового гаплотипа

13-25-16-10-11-14-12-12-11-13-11-29 -- 16-9-10-11-11-23-14-20-32

Этот гаплотип совпадает с базовым гаплотипом центрально-европейской ветви, приведенный ниже в 25-маркерном варианте (Рожанский и Клёсов, 2009); в цитированной статье этот гаплотип дан в 67-маркерном формате.

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

0.168±0.016 мутаций на маркер при скорости мутаций 0.183 мутаций на маркер на поколение дает 2550±360 лет до общего предка.

39-маркерные гаплотипы показали 192 мутации во всех 30 гаплотипах от базового

13-25-16-10-11-14-12-12-11-13-11-29 -- 16-9-10-11-11-23-14-20-32 -- 11-19-23-17-19-11-14-13-10-14-12-30-11-24-9-16-23-21

что дает 0.164±0.012 мутаций на маркер. Как видим, это одна и та же величина, что и для 21-маркерных гаплотипов (0.168±0.016), значит, подтвердилось, что средние скорости мутации 21- и 39-маркерных гаплотипов одинаковы. Это дает практически ту же величину времени до общего предка, 2475±305 лет. Различие с 21-маркерными гаплотипами – всего на 3%.

Сравним с соответствующими величинами для 25-маркерных гаплотипов центрально-европейской ветви, рассмотренными ранее (Рожанский и Клёсов, 2009). Там 113 гаплотипов имели 509 мутаций, то есть 0.180±0.008 мутаций на маркер, или 2725±300 лет до общего предка. Это – несколько завышенная величина по сравнению M458, хотя и в пределах погрешности расчетов. Причина этой завышенности выяснилась при рассмотрении 25-маркерных гаплотипов. В ней на долю последних четырех маркеров,

которых нет в 21-маркерной серии, приходится 227 мутации (!), то есть почти половина (44%) от всех мутаций в серии. Если их вычесть, то оставшиеся 282 мутации на 113 гаплотипах дадут 0.119 ± 0.007 мутаций на маркер, то есть уже заметно меньше, чем для M458. Это соответствует всего 1725 ± 200 лет до общего предка.

Итак, для центрально-европейской ветви R1a1a возраст определяется в довольно широком пределе, между 1725 и 2725 лет назад, в то время как возраст центрально-европейских M458 составляет 2475 ± 305 лет и 2550 ± 360 лет, то есть в этих пределах. Таким образом, можно считать, что и центрально-европейская ветвь состоит из гаплотипов субклада R1a1a7*.

Между базовыми гаплотипами западно-славянской и центрально-европейской ветви в различающихся маркерах 4.86 мутаций (на 21 маркерах) и 6.24 мутации (на 39 маркерах). При округлении там 5 и 7 мутаций, так что почти точно. Это разводит общих предков западно-славянской и центрально-европейской ветвей M458 на 3625 и 2400 лет, соответственно, и дает время общего предка, то есть, видимо, время возникновения самОй M458 мутации - $(3625 + 2200 + 2550) / 2 = 4200$ лет и $(2400 + 2225 + 2475) / 2 = 3550$ лет, по 21- и 39-маркерным гаплотипам, соответственно, или примерно 3900 ± 300 лет назад. Это времена еще до перезаселения Европы со стороны Русской равнины (Рожанский и Клёсов, 2009), и, видимо, соответствуют гаплотипам Русской равнины, где-то в районе Белоруссии-Польши, как следует из частот распределения субклада R1a1a7* по статье Андерхилла и др. (2009).

На самом деле названия «западно-славянская ветвь» и «центрально-европейская ветвь» довольно условны, поскольку территориально они в значительной степени перекрываются. Но по предковым гаплотипам они различаются. Это не удивительно, так как за прошедшие две с половиной тысячи лет популяции западных славян и центрально-европейцев почти полностью перемешались. С тех пор прошли и галльские войны, и образование Римской империи, и ее распад, и Великое переселение народов, и образование славянских государств, и многочисленные средневековые войны в Европе, создание и распад австро-венгерской империи, две мировые войны и ее колоссальными перемещениями народов. Остается только удивляться тому, что субклад R1a1a7* оставался и остается относительно компактным. Вот примеры его сегодняшнего распределения:

«Центрально-европейская ветвь» (30 гаплотипов)

Германия - 10
Польша - 7
Россия - 4
Чехия - 2
Словакия - 2
Украина - 2
Нидерланды - 2
Дания - 1

«Западно-славянская ветвь» (26 гаплотипов)

Польша - 14
Германия - 4
Чехия - 3
Словения - 2
Россия - 1
Словакия - 1
Австрия - 1

10-маркерные гаплотипы субклада R1a1a7*

10-маркерная серия из 218 гаплотипов субклада R1a1a7*, приведенная в работе Андерхилла (Underhill et al., 2009), проигрывает в длине гаплотипов, но выигрывает в их количестве. Поэтому мы провели расчеты и по этим гаплотипам. Дерево гаплотипов приведено на рис. 2.

Видно, что дерево неоднородное, и расходится на две, или даже несколько ветвей. В нем – 43 базовых гаплотипа и 439 мутаций. Константа скорости мутации для 10-маркерных гаплотипов равна 0.018 мутаций на гаплотип на поколение, и 0.0018 мутаций на маркер на поколение (Klyosov, 2009).

Логарифмический метод дает $[\ln(218/43)]/0.018 = 90$ поколений до общего предка без поправки на возвратные мутации, или 99 поколений с поправкой. Линейный метод дает $439/218/0.018 = 112$ поколений до общего предка без поправки на возвратные мутации, и 126 поколений с поправкой. Уже видно, что подсчеты некорректны, поскольку дерево действительно неоднородно. Если случайно окажется, что веса ветвей равны друг другу, то возраст общего предка всех ветвей, то есть возраст первопредка дерева составит $126 \times 25 = 3150 \pm 350$ лет. Это несколько меньше, чем 3550-4200 лет,

определенные по 21- и 39-маркерным гаплотипам (см. выше), но в принципе попадает в интервал погрешностей.

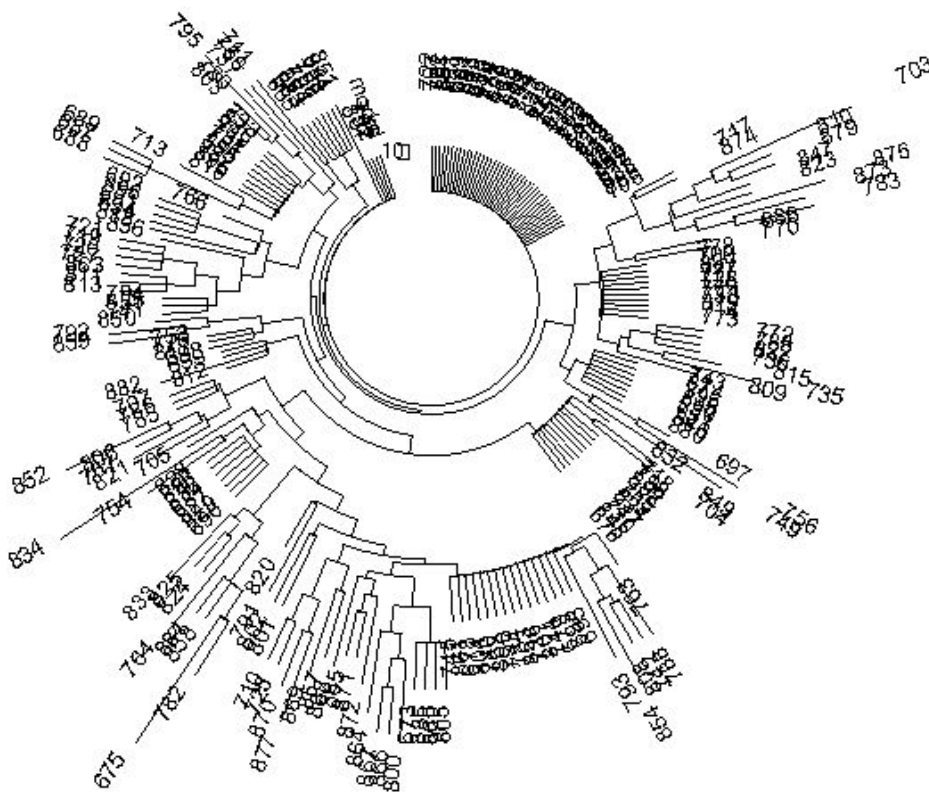


Рис. 2. Дерево 10-маркерных гаплотипов субклада R1a1a7, построено по данным [Underhill et al., 2009].

Рассмотрим отдельную ветвь из 68 гаплотипов, на рис. 2 внизу. Она содержит 16 базовых гаплотипов (показано в формате FTDNA с пропущенными маркерами DYS385a,b и DYS426), и добавленным DYS461)

13-25-17-10-X-X-X-12-10-13-11-30----10

что дает $[\ln(68/16)]/0.018 = 80$ поколений без поправки, или 87 поколений с поправкой на возвратные мутации, то есть 2175 лет до общего предка. Линейный метод дает 2175 ± 310 лет, то есть совпадение абсолютное. Это означает, что ветвь выбрана правильно. Это – западно-славянский базовый гаплотип субклада R1a1a7*, идентифицированный и описанный выше, с возрастом 2200 ± 330 лет до общего предка (по 21- и 39-маркерным гаплотипам). Как видно, совпадение опять практически абсолютное.

Остальные 150 гаплотипов дерева содержат 43 базовых гаплотипа, упомянутые выше:

13-25-16-10-X-X-X-12-11-13-11-29----10.

Это дает $[\ln(150/43)]/0.018 = 69$ поколений без поправки, или 74 поколения с поправкой на возвратные мутации, то есть 1850 лет до общего предка. Линейный метод дает 1975 ± 240 лет, совпадение опять приемлемое. Это – уже известный нам центрально-европейский базовый гаплотип. Его возраст по 21- и 39-маркерным гаплотипам составлял 2475 ± 305 лет и 2550 ± 360 лет, соответственно, то есть несколько больше по сравнению с 10-маркерным, но в пределах погрешности расчетов.

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

Вырисовывается следующая картина. Примерно 5-6 тысяч лет назад носители гаплогруппы R1a1a вышли из Европы на Русскую равнину, и возраст общего предка по современным носителям этой гаплогруппы фиксируется 4750 ± 500 лет назад. В интервале 4500-3500 лет назад, видимо, в ходе заселения Европы носителями гаплогруппы R1b1b2, или по другим причинам, гаплогруппа R1a1a практически исчезает из Европы (как и гаплогруппа I1). Носители R1b1b2, напротив, активно распространяются по всей Европе 4200-3700 лет назад. Между 3600 и 4200 лет назад в западной части ареала R1a1 появляется мутация M458, приводя к образованию субклада R1a1a7*. Носители этой мутации дальше на восток не мигрировали, основная популяция мигрантов уже туда продвигалась, 4200 лет назад закладывая андроновскую археологическую культуру в Северном Казахстане и подходя к Южному Уралу, а 3600 лет назад они уже были на пороге перехода в Индию и Иран. Поэтому по времени носителей субклада R1a1a7* среди них уже не было, и восточнее центральной полосы Среднерусской возвышенности их практически нет и в настоящее время.

2500 лет назад, в середине 1-го тысячелетия до н.э., происходит повторное заселение Центральной Европы, на этот раз носителями субклада R1a1a7*, и 2200 лет назад, в конце 1-го тысячелетия до н.э., заселяется Южная Польша и прилегающие территории, в первую очередь Белоруссии и Украины. Далее на запад распространение этого субклада резко идет на убыль. Его практически нет в Испании, Италии, Франции, Западной Германии, Швейцарии, Англии, Ирландии, Бельгии, Норвегии, Швеции, Дании, Голландии, Словении, Венгрии, Сербии, Албании, Герцоговине, а также – в Азии – среди чувашей, башкир, марийцев, татар, удмуртов, нет в Средней Азии, на Алтае, нет или очень мало на Кавказе (что не удивительно, так как

арии заселили эту территорию уже 4500 лет назад), нет в Анатолии и на Ближнем Востоке (то же самое, арии уже были там примерно 3600-4000 лет назад). Наивысшая доля носителей этого субклада среди R1a1a наблюдается в Чехии (75%), Польше (до 65%), Словакии (до 60%), Украине (до 50%), Белоруссии (до 40%). В России доля этого субклада варьируется от 20 до 50%, или 10 – 15 % по отношению ко всем протестированным гаплогруппам.



Рис. 3. Карта распространения гаплогрупп центрально-европейской (светлые метки) и западно-славянской (серые метки) ветвей, согласно анкетам участников баз данных YSearch и FTDNA

География. Один из важных результатов работы Underhill et al. – установление географии субклада R1a1a7, основанное на большом статистическом материале. Как уже отмечалось выше, отличительной особенностью субклада является его распространенность в Восточной Европе при практически полном отсутствии в Азии и в большей части Центральной и Западной Европы. Пик распространения R1a1a7, согласно компьютерному моделированию, приходится на центр и юго-восток Польши. В Польше было также определено максимальное разнообразие субклада. К сожалению, авторы статьи ограничились чисто

популяционным подходом, не разделяли определенные ими гаплотипы по ветвям и методологически неверно рассчитывали времена расхождения, отчего их карта [Underhill *et al.*, 2009, Figure 2] несет меньше информации, чем она бы того заслуживала.

Чтобы восполнить этот пробел, мы воспользуемся картами центрально-европейской (ЦЕ) и западно-славянской (ЗС) ветвей, составленными по данным анкет участников YSearch (рис. 3). Поскольку эти две ветви целиком, и только они, входят в субклад R1a1a7, такая карта должна быть комплементарна к той, что была составлена в цитируемой статье.

Как и следовало ожидать, карты на рис. 3 и Fig. 2 [Underhill *et al.*, 2009] практически идентичны по общему виду, за исключением обилия точек на северо-западе Германии на рис. 3. Это не должно смущать, потому что мы наносили на карту абсолютные, а не относительные данные по гаплотипам. Поскольку Германия представлена в коммерческих базах данных намного больше стран Восточной Европы, имеется некоторый перекокс. Впрочем, на структуре ветвей и выводах это никак не сказывается.

Относительные данные для четырех репрезентативных регионов еще раз подтверждают, что ветви из выборок А (наши данные) и Б (Underhill *et al.*) практически идентичны (таблица). Небольшие различия в статистике по Польше и Германии только подтверждают закономерность. Более высокий процент ЦЕ гаплотипов в Германии из выборки А – следствие того, что в нее были включены потомки немцев-колонистов из Померании, Восточной Пруссии и Поволжья, среди которых 60% относятся к ЦЕ ветви. Чуть завышенное представительство польских R1a1a7 в выборке Б – из-за недостаточной представленности в ней региона Карпат, где высок процент евразийских ветвей (R1a1a*).

Таблица. Распределение гаплотипов R1a1 в европейских регионах.

Регион	Германия	Чехия	Польша Галиция	Россия Украина Белоруссия
Ветвь (выборка)				
Всего R1a1 на карте (А)	106	41	135	70
Всего R1a1a* + R1a1a7 (Б)	42	10	49	21
Центрально-европейская (А)	36%	32%	16%	24%
Центрально-европейская (Б)	26%	40%	22%	29%
Западно-славянская (А)	6,6%	34%	27%	4,3%
Западно-славянская (Б)	9,5%	30%	35%	4,8%

Из карты (рис. 3) и таблицы также очевидно, что ЗС ветвь сосредоточена в основном в середине ареала R1a1a7 (Польша, Чехия, Словакия), тогда как ЦЕ ветвь рассеяна гораздо шире, и доминирует на окраинах. Очевидно, это отражение различных путей миграций этих двух ветвей, которые, скорее всего, достаточно долгое время развивались изолированно друг от друга и составляли основу разных этносов. Их смешение в одних и тех же регионах должно было произойти в относительно недавнее по историческим меркам время. Иначе трудно объяснить, почему носители ЦЕ гаплотипов, уходя на Русскую равнину или к Северному морю, не взяли с собой собратьев из ЗС ветви. Генетических паспортов тогда еще не изобрели.

Судя по карте, равномернее всего перемешались ЗС ветвь (серые метки на рис. 3) и ЦЕ гаплотипы из двух подветвей (светлые метки с точкой и без точки) на территории Великой Польши (район Познани и Гнезно). Именно этот регион (совершенно закономерно) отмечен в статье Underhill *at al.* как имеющий максимальное разнообразие гаплотипов и самый древний возраст (10600 лет – по неверным скоростям Животовского). Как следствие неверной датировки – полная внутренних противоречий интерпретация носителей субклада R1a1a7 как потомков мезолитического племени, двигавшегося вслед за уходящим ледником.

Из всего сказанного можно сделать следующие выводы относительно «прародины» субклада R1a1a7:

Западно-славянская и центрально-европейская ветви этого субклада берут начало примерно в одну и ту же эпоху (ранний железный век), но в разных, географически изолированных друг от друга регионах.

Если исходить из очевидного принципа «горы разделяют - реки соединяют», то в современном ареале R1a1a7 единственным таким барьером оказывается горная система Карпаты-Татры-Судеты, отделяющая бассейн Дуная от тесно переплетенных бассейнов Эльбы, Одера, Вислы, Немана и Днепра.

Родина западно-славянской ветви с большей вероятностью может быть соотнесена с бассейнами Вислы, Одера или Эльбы. Как варианты, можно назвать Чехию, Верхнюю Саксонию, юг Польши или Прикарпатье.

Методом исключения, родину центрально-европейской ветви имеет смысл искать в бассейне Дуная – в современных Австрии, Словакии, Словении, Венгрии, северной Хорватии, румынской Трансильвании.

Смешение обеих ветвей на территории Польши, Чехии и Германии можно соотнести с довольно поздними миграциями, не ранее начала нашей эры.

Ниже мы дадим наименее противоречивую интерпретацию изложенной модели с точки зрения истории, этнографии и лингвистики.

История. Приведенная выше статистика показывает, что подавляющее большинство носителей субклада R1a1a7 - славяне, преимущественно западные и восточные. По данным Underhill et al., среди неславянских этносов доля R1a1a7 относительно всех R1a1 падает до "фоновых" 10-15 % в Центральной и Восточной Европе, сходя на нет по мере удаления от Польши и Чехии.

Из этой закономерности есть исключения, но весьма показательные. Высокая доля R1a1a7 (35 - 40% от всех R1a1) была найдена у карелов и вепсов - народов, сильно смешавшихся в течение последних веков с окружающими их русскими. По своему гаплогруппному составу они сейчас практически неотличимы от этнических русских из тех же регионов. Ассимиляции, порой взаимной, способствовало отсутствие каких-либо географических, религиозных, бытовых и сословных барьеров между русскими и финноязычными этносами северо-запада России.

В тех регионах, где славянские языки не распространены, а R1a1 не является ведущей (12 - 18% от всех гаплотипов), высокой долей R1a1a7 выделяются Германия (35%), Румыния (32%) и континентальная Греция (37%). Объяснение очевидно - на их территориях в раннем Средневековье компактно жили многочисленные славянские этносы, впоследствии ассимилировавшиеся. Хроники сообщают, к примеру, о мощных племенных союзах ободритов, тиверцев и ринхинов в низовьях Эльбы, по Днестру и на полуострове Халкидика, соответственно. Значительная часть носителей R1a1 у немцев, румын и греков - потомки тех средневековых славян, носителей R1a1a7. Для сравнения, доля R1a1a7 не превышает 15% от всех R1a1 среди народов, в истории которых такие массовые ассимиляции славян неизвестны (например, венгры и литовцы).

Тесная связь субклада R1a1a7 со славянскими народами не означает, однако, знака равенства между ними. Этногенез и история славян (как в генеалогическом, так и в языковом, этнологическом, культурологическом и прочих смыслах) гораздо сложнее, и не могут быть охарактеризованы историей и географией одного субклада одной гаплогруппы. Вывод пока такой - предки центрально-европейской и западнославянской ветвей жили в том месте и в то время, где и когда формировались прото-славянские этносы и складывались прото-славянские диалекты. Практически все их

потомки вошли в состав славян и, по большей части, продолжают ими оставаться.

Новые данные ДНК-генеалогии дают возможность посмотреть свежим взглядом на извечный спор филологов-славистов по трем ключевым вопросам:

- где и когда сформировался язык-родоначальник всех славянских языков?
- существовали ли диалекты в гипотетическом общеславянском языке 6-8 веков нашей эры?
- существовало ли балто-славянское языковое единство, и если да, то в какой форме, когда и как долго?

Строго говоря, сама постановка первого вопроса о «прародине» некорректна – формирование языка не единовременный акт, и не подчиняется театральным законам единства времени, места и действия. Если сопоставить времена жизни предков ЦЕ и ЗС ветвей (не менее 2500 лет назад) с данными глоттохронологии (время расхождения языков - около 1500 лет назад), то очевидно, что прото-славянский язык прошел очень долгий самостоятельный путь, прежде, чем распасться на отдельные языки. Все это время носители гаплотипов R1a1a7, по всей видимости, оставались внутри прото-славянских этносов.

Косавенно об этом пути можно судить, например, по необычно большому количеству изоглосс между славянскими (сатемными) и кельто-италийскими (кентумными) языками. В этимологической базе данных по индоевропейским корням с проекта "Вавилонская Башня" (<http://newstar.rinet.ru/cgi-bin/main.cgi?root=config&morpho=0>) насчитывается 187 изоглосс между кельто-италийскими и балто-славянскими языками против 34 германо-кельто-италийских, 96 германо-балто-славянских и 45 корней, общих для балто-славянских и индо-иранских групп. В счет не брались корни, относящиеся к общеиндоевропейской базовой лексике, что вошли в языки разных ветвей независимо. Большая часть изоглосс с кельто-италийскими языками (если не все) восходит к весьма древним временам, как можно судить из их семантики и фонологии. Попытки объяснить их контактами эпохи позднего Рима выглядят мало убедительными.

Вот слова из современного русского языка, восходящие к тем общим корням:

окунь, овес, боб, борода, борзой, буря, белка, белена, блять, пчела, брюхо, борозда, бревно, дикий, долг, друг, ель, голос, горб, (благо)говеть, гладкий, глядеть (-->глаз), грань, грусть, град (осадки), грач, зерно, жаба, икра

(рыбья), конь/кобыла, кобчик (хищная птица), коса (волосы), (о)котиться, чета, кот/кошка, клен, целый, кремень, крепкий, хвоя, квас, лед, ложка, лицо, лень, лето, мошна, много, мост, мнить, миновать (-->мимо), морочить, сметь (-->смелый), пуп, пескарь, порог, правый, рябой, рушить, рыба, сеть, осока, скоблить, скала, скакать, короб, скрести, крыло, короткий, слабый, слива, слуга, сновать, сноп, пядь, спина, прыгать, ступица, стричь, скать (скалкой), толочь, терпеть, тополь, вина, влага, утроба, ругать.

Судя по этому списку, в состав прото-славян на раннем этапе могли влиться этносы, говорившие на (скорее всего) не дошедших до нас кентумных языках, родственных кельтским и италийским. Они потеряли свой язык, но оставили в славянских много слов, связанных с хозяйством и природой лесной зоны. Реконструируемое время и характер этих языковых контактов хорошо вписывается в сценарий с повторным заселением Центральной и Восточной Европы эпохи раннего железа. Судя по составу субстратной лексики, мало знакомые с бытом лесной зоны жители юга Русской равнины (по-видимому, носители R1a1 из евразийских ветвей, говорившие на сатемных диалектах) ассимилировали остатки "кентумоязычного" местного населения долин Дуная и Вислы.

Литература

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

Рожанский, И., Клёсов А. (2009), Гаплогруппа R1a1: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, №6, 974-1099.

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

Klyosov, A.A. (2009a) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186-216.
<http://www.jogg.info/52/files/Klyosov1.pdf>

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J. et al (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Human. Genet., advance online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194

Еще одно доказательство перехода ариев (гаплогруппа R1a1) в Индию и Иран с Русской равнины

Клёсов, А. А.

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

Резюме

Галотипы этнических русских-украинцев, индийцев и иранцев (гаплогруппа R1a1) полностью перемешаны на древе гаплотипов и определенно имеют одного общего предка. Общие предки русских-украинцев (Русская равнина), иранцев и «индоевропейских» индийцев жили 4750, 4025 и 4050 лет назад, соответственно (имеются еще «неиндоевропейские» ветви индийцев и пакистанцев, с возрастом между 7000 и 12400 лет). Ветви киргизских гаплотипов гаплогруппы R1a1 все происходят от гаплотипов R1a1 Русской равнины, большинство их прошли бутылочные горлышки популяции в 1-м тысячелетии до нашей эры. То, что киргизские гаплотипы гаплогруппы R1a1 тоже полностью перемешаны с русскими и украинскими гаплотипами, показывает, что арии (гаплогруппа R1a1) продвигались в Индию по территории Средней Азии. Данные показывают, что переход ариев в Индию и Иран происходил примерно в одно и то же время.

ВВЕДЕНИЕ

Как обсуждается в предыдущей статье настоящего выпуска Вестника, Underhill et al (2009) опубликовали работу, которая чрезвычайно ценна набором гаплотипов гаплогруппы R1a1 по всему миру, но не представляет ни малейшей ценности в том, чему посвящена большая часть обсуждения в статье. Датировка популяций R1a1 проведена в статье принципиально неверно, и, соответственно, привела к неверным результатам и выводам.

Тем не менее, статья содержит сотни гаплотипов, которые можно обрабатывать и делать свои выводы, полностью игнорируя выводы авторов. Что особенно ценно, статья содержит индийские, иранские и пакистанские гаплотипы. Последние, впрочем, все до одного были опубликованы ранее в

работе Сенгупты (Sengupta et al, 2006), и уже обсуждались нами в недавней работе (Клёсов, 2009).

На какие же вопросы могут ответить индийские, иранские и пакистанские, а также среднеазиатские гаплотипы? В чем их ценность?

На ряд вопросов мы уже ответили ранее. Выяснилось, что арии (гаплогруппа R1a1) продвинулись из Европы (видимо, с Балкан) на территорию Русской равнины 6-5 тысяч лет назад, прошли на восток за последующие 1000-2000 лет до Южного Урала и Южной Сибири, оставив на этом пути андроновскую культуру (Северный Казахстан и Южный Урал, 4000-3000 лет назад), 4000 лет назад вышли на Урал, и примерно 3600 лет назад его покинули и перешли в Индию. Было установлено, что возраст общего предка индийских «индоевропейских» гаплотипов составляет 4050 лет (с учетом погрешности расчетов 4050 ± 500 лет назад), что не противоречит описанной серии событий. Иначе говоря, общий предок индийских «индоевропейских» гаплотипов жил на территории андроновской культуры, или даже еще на Русской равнине. Сами эти гаплотипы практически идентичны гаплотипам Русской равнины (общий предок жил 4750 ± 500 лет назад), что тоже обосновывает последовательность событий, как она представлена выше.

То, что указанные индийские гаплотипы гаплогруппы R1a1 сопровождается примечанием «индоевропейские», не случайно. Выяснилось, что в Индии-Пакистане есть и другие, значительно более древние гаплотипы R1a1, возрастом до 12400 лет (Клёсов, 2009). Они, видимо, прибыли из Южной Сибири-северного Китая, где обнаружены гаплотипы R1a1 с возрастом 21000 ± 3000 лет (Klyosov, 2009).

Однако при всем прогрессе в современном понимании «арийского вопроса», в нем имеется значительный пробел. А именно – наука не знает, когда и каким путем арии перешли в Иран. Было ли это раньше, позже или одновременно с переходом ариев в Индию? Иначе говоря, в терминах ДНК-генеалогии – каков возраст общего предка гаплогруппы R1a1 в Иране? Древнее, чем индийского? Чем R1a1 Русской равнины? Похож ли базовый (предковый) гаплотип R1a1 в Иране на гаплотип Русской равнины, или он другой?

Далее, известно, что общий предок гаплогруппы R1a1 в Анатолии жил 3600 лет назад, то есть заметно позже, чем на Русской равнине (4750 лет назад) и на Кавказе (4500 лет назад) (Klyosov, 2009). Это отражает динамику миграции ариев в 3-2 тысячелетиях до нашей эры в том регионе. А каков возраст общего предка в Иране? Прибыл он из Анатолии (Малой Азии),

или с Русской равнины через Среднюю Азию? Зенд-Авеста повествует, что из Средней Азии, хотя и не упоминает напрямую Русскую равнину. По ней, арии жили в Средней Азии всегда. Это, собственно, и ввело в заблуждение многих исследователей «арийского вопроса», начиная с 19-го века. Они полагали, что арии жили в Средней Азии не менее 10 тысяч лет. Мы сейчас знаем, что это, конечно, не так.

Далее, среднеазиатские гаплотипы R1a1 ценны тем, что они могут внести дополнительную ясность в маршрут ариев. Ранее мы показали, что гаплотипы таджиков и киргизов – типично «индоевропейские», и практически идентичны гаплотипам Русской равнины. Но это были лишь отдельные гаплотипы. Серия среднеазиатских гаплотипов в последней работе Андерхилла с соавт (2009) может внести дополнительную ясность в этот вопрос.

Ответам на эти вопросы и посвящена настоящая работа.

Иранские гаплотипы R1a1 и время жизни общего их предка

В цитированной работе (Underhill et al, 2009) приведены 25 десятимаркерных иранских гаплотипа, базовый гаплотип которых (в формате FTDNA плюс DYS461) имеет вид:

13-25-16-11-X-X-X-12-10-13-11-30 – 10

Это – точно такой же базовый гаплотип R1a1, как и у русских, и у украинцев, по данным той же цитируемой статьи. Все 25 гаплотипов имеют 62 мутации от приведённого базового гаплотипа, что помещает общего предка иранских R1a1 в данной выборке на 4025 ± 650 лет назад. Индийские гаплотипы по данным цитируемой статьи дали точно такой же базовый гаплотип, с общим предком индийцев, иранцев и русских 4250 ± 495 лет назад (276 мутаций на 105 десятимаркерных гаплотипов, из которых 75 были индийскими гаплотипами, 21 иранскими и 10 русскими). Дерево гаплотипов показано на рис. 1. Напомним, что по протяжённым гаплотипам общий предок индийских R1a1 жил 4050 ± 500 лет назад, русских – 4750 ± 500 лет назад.

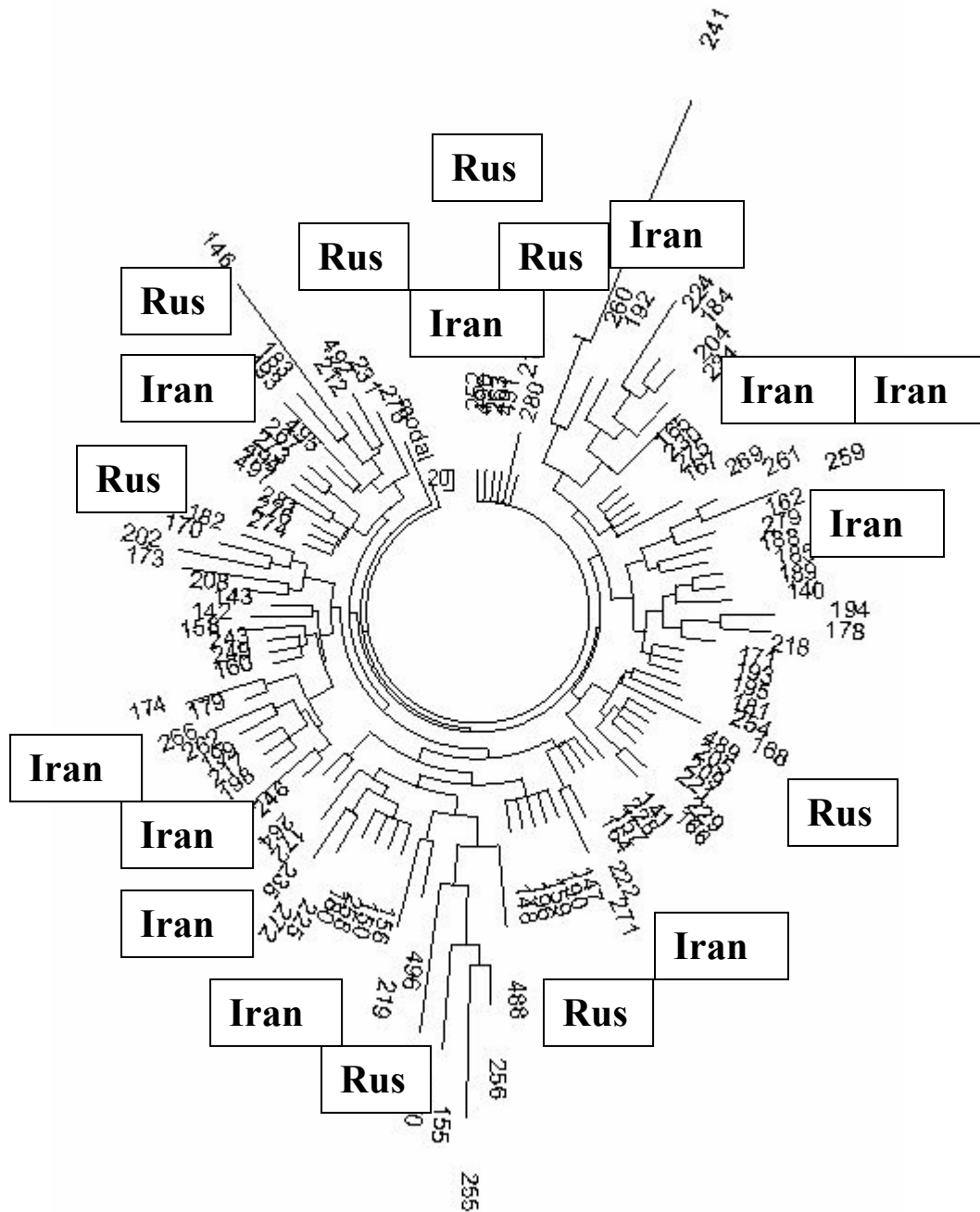


Рис. 1. Дерево из 105 десятимаркерных гаплотипов R1a1 Индии, Ирана и России. Источник гаплотипов – статья (Underhill et al , 2009). Гаплотипы Индии под номерами 140 – 256, Ирана – 258 – 281, России – 488 – 497. Показаны примеры расположения русских (10 гаплотипов) и иранских (21 гаплотип) гаплотипов на фоне 75 индийских гаплотипов. Приведённое дерево представляет древнюю ветвь (справа и внизу) общего дерева индийских, иранских и русских гаплотипов R1a1 (см. рис. 2).

Эти данные показывают, что переход ариев (гаплогруппа R1a1) в Индию и Иран состоялся практически в одно и то же время. Более того, гаплотипы индийцев, русских и иранцев полностью перемешаны на дереве, с одним общим предком, жившим 4250 ± 495 лет назад, на несколько столетий позже общего предка современных русских носителей гаплогруппы R1a1. Эта перемешанность означает, что это родственные гаплотипы, с одной и той же историей, и одних и тех же общих предков на Русской равнине.

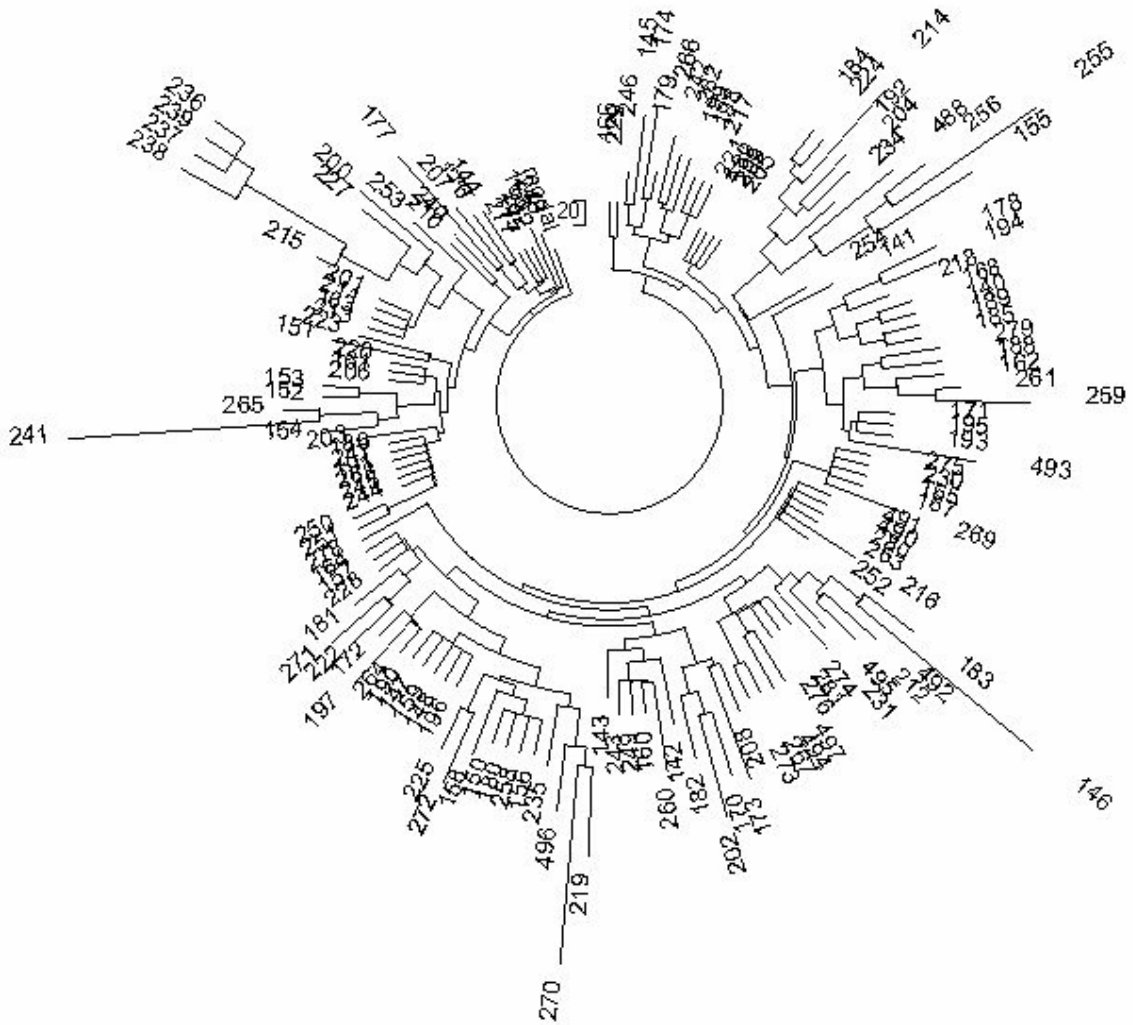


Рис. 2. Дерево из 147 десятимаркерных гаплотипов R1a1 Индии, Ирана и России. Источник гаплотипов – статья (Underhill et al, 2009). Гаплотипы Индии под номерами 140 – 256 (117 гаплотипов), Ирана – 258 – 281 (24 гаплотипа), России – 488 – 497 (10 гаплотипов). Индийские гаплотипы под номерами 236 – 239 (малая ветвь слева вверху) – потомки древнего предка, жившего 10 тысяч лет назад (см. текст).

Следует отметить, что рис. 1 представляет древнюю ветвь общего дерева русских, иранских и индийских гаплотипов (рис. 2). Молодая ветвь на рис. 2 – слева вверху.

Индийские гаплотипы R1a1

Как отмечалось выше, базовые гаплотипы Индии, Ирана и России-Украины идентичны в 10-маркерном формате

13-25-16-11-X-X-X-12-10-13-11-30 – 10

Как было показано ранее (Klyosov, 2009), базовые (предковые) гаплотипы Индии и России-Украины практически идентичны и в 25-маркерном формате. Даже в 67-маркерном формате (доступны только несколько индийских гаплотипов) гаплотипы индийцев сидят на тех же ветвях на дереве гаплотипов, что и гаплотипы этнических русских.

Перейдем к отдельным ветвям на дереве (рис. 2), как правило, производным недавних общих предков.

Молодая ветвь из 42 гаплотипов четко отделяется от общего дерева и состоит из нескольких подветвей. **Русских гаплотипов в ней нет**, и есть только три иранских из 21-го иранских гаплотипов общего дерева. Преимущественно там индийские гаплотипы с базовым

13-25-15-10-X-X-X-12-10-14-11-32 – 10

отличающимся на четыре мутации от древнего индо-ирано-русского предкового гаплотипа. Четыре гаплотипа, все индийские, образуют совсем молодую подветвь с базовым гаплотипом

12-24-15-10-X-X-X-13-11-14-11-31 – 10

в которой всего одна мутация на все четыре гаплотипа. Это помещает их общего предка на 350 ± 350 лет назад. В остальных 38 гаплотипах 67 мутаций, что указывает на общего предка молодой индийской ветви 2725 ± 430 лет назад. **Предки современных русских в этой индийской генеалогии участия не принимали.** Кстати, эти 38 гаплотипов содержат шесть базовых, что показывает их общего предка 2875 лет назад, отклонение всего на 5,5% от линейного метода, основанного на подсчете мутаций. Иначе говоря, эта молодая ветвь имеет одного общего предка, который жил в первой половине 1-го тысячелетия до нашей эры.

Дальнейший анализ показал, что слово «молодые» здесь имеет весьма относительное значение. Оказалось, что это и есть остатки древних индийских и пакистанских гаплотипов, намного старших, чем «индоевропейские», но прошедших «бутылочное горлышко» популяции. Потому в них «индоевропейцы» R1a1 участия не принимали, они пришли в Индию значительно позже.

Откуда такой вывод? А вот откуда. Различие в четыре мутации от «индоевропейского» базового гаплотипа R1a1 (см. выше) на 10 маркерах разводит их общих предков на 7100 лет, и помещает ИХ общего предка минимум на 7 тысяч лет назад. Далее, «совсем молодая подветвь» отличается от гаплотипа Русской равнины на семь (!) мутаций на 10-маркерных базовых гаплотипах. Это помещает их общих предков на суммарную дистанцию 15425 лет друг от друга, то есть ИХ общий предок жил более 10 тысяч лет назад (формальный расчет дает 10300 лет назад). Иначе говоря, этот «молодой» базовый гаплотип на самом деле потомок очень древнего индийского гаплотипа, прошедший недавно бутылочное горлышко. Генетики называют это «генетическим дрейфом».

Обратим внимание на необычные аллели этого древнего гаплотипа

13-25-15-10-X-X-X-12-10-14-11-32 - 10

Они похожи на древний пакистанский базовый гаплотип, приведенный в статье (Клёсов, 2009)

12-24-15-10-X-X-X-12-11-14-11-32 - 10

которому в Пакистане всего 275 ± 275 лет (в Индии - 2725 ± 430 лет). Опять бутылочное горлышко популяции, гаплотип сохранился со сдвигом аллелей. А «молодой» (в Индии) базовый гаплотип (350 ± 350 лет назад)

12-24-15-10-X-X-X-13-11-14-11-31 - 10

тоже похож на тот же пакистанский (275 ± 275 лет назад)

12-24-15-10-X-X-X-12-11-14-11-32 - 10

То есть оба прошли бутылочные горлышки, с несколько разными сдвигами, всего несколько столетий назад.

Пакистанские гаплотипы R1a1

Гаплотипы Пакистана (рис. 3) были рассмотрены в предыдущей работе (Клёсов, 2009), где показано, что общий предок пакистанских гаплотипов R1a1 жил примерно 12400 лет назад. Это - не «индоевропейские», а азиатские гаплотипы, с базовыми гаплотипами основных ветвей (часть из которых приведена выше):

14-25-16-11-X-X-X-12-11-12-11-29	1475±540 лет
13-24-17-11-X-X-X-12-10-13-11-30	2325±570
12-24-15-10-X-X-X-12-11-14-11-32	275±275
13-25-16-10-X-X-X-12-10-13-11-31	4375±800

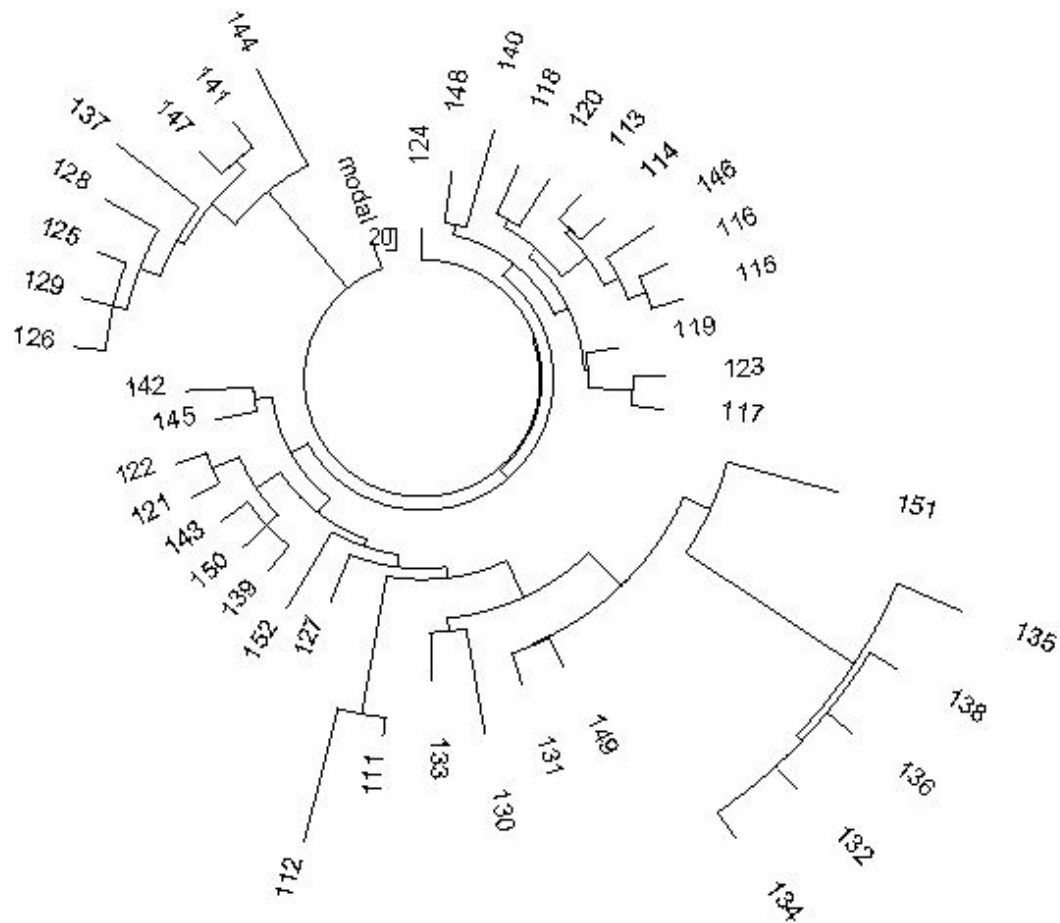


Рис. 3. Дерево из 43 десятимаркерных гаплотипов R1a1 Пакистана. Источник гаплотипов - статья (Sengupta et al, 2006). Из работы (Клёсов, 2009).

В статье Underhill et al (2009) эти гаплотипы просто воспроизведены в общем списке.

Общий формальный расчет дерева по всем 43 гаплотипам показал 175 мутаций, и дал 7250 лет до общего предка. Но такой формальный расчет обычно дает заниженные данные, поскольку не учитывает вес ветвей. Расчет по отдельным ветвям и привел к величине 12400 лет до общего предка пакистанских гаплотипов.

Гаплотипы киргизов гаплогруппы R1a1

Напомним, что гаплотипы России-Украины, и «индоевропейские» гаплотипы Индии и Ирана имеют базовый гаплотип

13-25-16-11-X-X-X-12-10-13-11-30 – 10

Сопоставим его с базовыми гаплотипами киргизов. По какой-то причине гаплотипы киргизов хорошо представлены в статье (Underhill et al, 2009), в количестве 63 гаплотипа, намного больше, чем русских (10 гаплотипов) и украинцев (18 гаплотипов). Дерево гаплотипов киргизов показано на рис. 4.

Видно, что дерево неоднородное, и включает определенно «молодые» ветви (от недавних общих предков) и древние ветви. Нет ни одной ветви с базовым гаплотипом Русской равнины

13-25-16-11-X-X-X-12-10-13-11-30 – 10

Все ветви относительно молодые, и отличаются на одну-две мутации от показанного выше. Рассмотрим их.

На дереве имеется два базовых гаплотипа, оба по 10 единиц. Первый – базовый гаплотип всего дерева

13-25-16-11-X-X-X-12-10-14-11-32 – 10

и он дает $[\ln(63/10)]/0.18 = 102$ поколения без учета возвратных мутаций, или 114 поколений с учетом, то есть 2850 лет. Подсчет мутаций (94 мутации на все 63 гаплотипа) дал 2275 ± 330 лет до общего предка. Как и предполагалось, разница в 25% указывает на неоднородность дерева, хотя и не драматическую. Этот базовый гаплотип отличается на две мутации от базового гаплотипа Русской равнины. Оценка показывает, что его возраст –

примерно 2200 лет, конец прошлой эры, и он – дочерний базового гаплотипа Русской равнины (4750 лет назад).

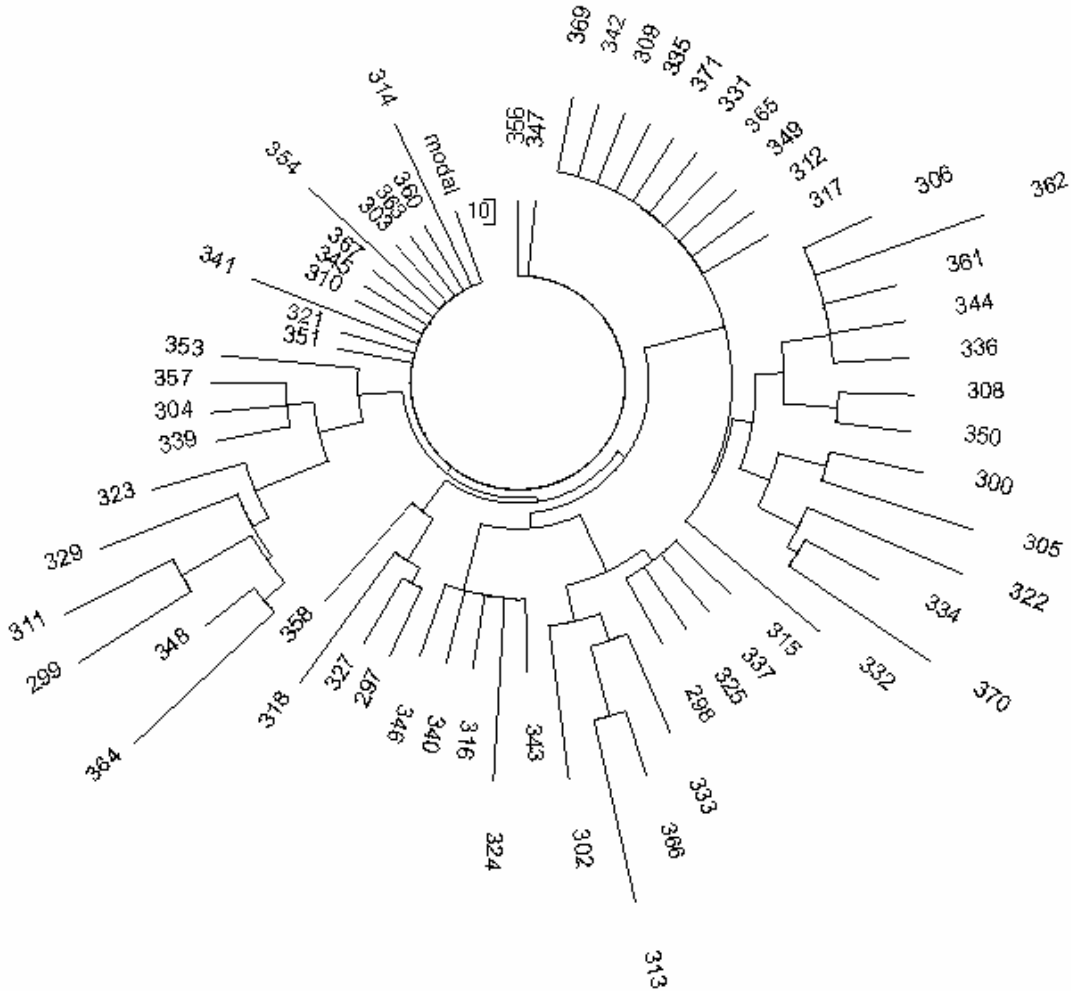


Рис. 4. Дерево из 63 десятимаркерных гаплотипов R1a1 Киргизии. Источник гаплотипов – статья (Underhill et al, 2009).

Еще один базовый гаплотип

13-25-16-11-X-X-X-12-10-13-11-31 – 10

отличается всего одну мутацию от базового гаплотипа Русской равнины. Поскольку этих базовых 10 гаплотипов на ветви из 23 гаплотипов, то возраст этой популяции – примерно 1200 лет.

Другие подветви имеют базовые гаплотипы (выделены отклонения от базового гаплотипа Русской равнины)

13-25-16-10-X-X-X-12-10-14-11-31 - 10

13-25-16-10-X-X-X-12-10-14-11-32 - 10

13-25-16-11-X-X-X-12-10-14-11-31 - 10

13-24-16-11-X-X-X-12-10-14-11-32 - 10

Все они относительно недавние (общие предки жили не раньше начала нашей эры) отклоняются от базового гаплотипа Русской равнины на 1-3 мутации, и являются дочерними гаплотипами последнего. На это указывают следующие простые соотношения: дочерние базовые гаплотипы отклоняются от базового 10-маркерного гаплотипа предка, жившего около 5 тысяч лет назад, на три мутации, если они совсем недавние (в пределах нескольких сотен лет); на две мутации, если их общему предку 1500-2000 лет; и на одну мутацию, если их общему предку примерно 3000-3500 лет. Все подветви киргизских гаплотипов укладываются в эти диапазоны.

Вывод - все киргизские гаплотипы являются наследием ариев (гаплогруппа R1a1) с возрастом общего предка Русской равнины 4750 ± 500 лет, но с тех пор прошедшие серию бутылочных горлышек популяции. Это показывает, что арии в своей миграции в Индию и Иран проходили «северным путем», через Среднюю Азию.

На этот основной вывод указывает и тот факт, что сводное дерево русских, украинских и киргизских гаплотипов (рис. 5) полностью перемешано, но все наиболее далекие от ствола гаплотипы (то есть более мутированные и, соответственно, производные более древнего общего предка) принадлежат русским (номера гаплотипов выше 400) и украинцам (номера выше 600).

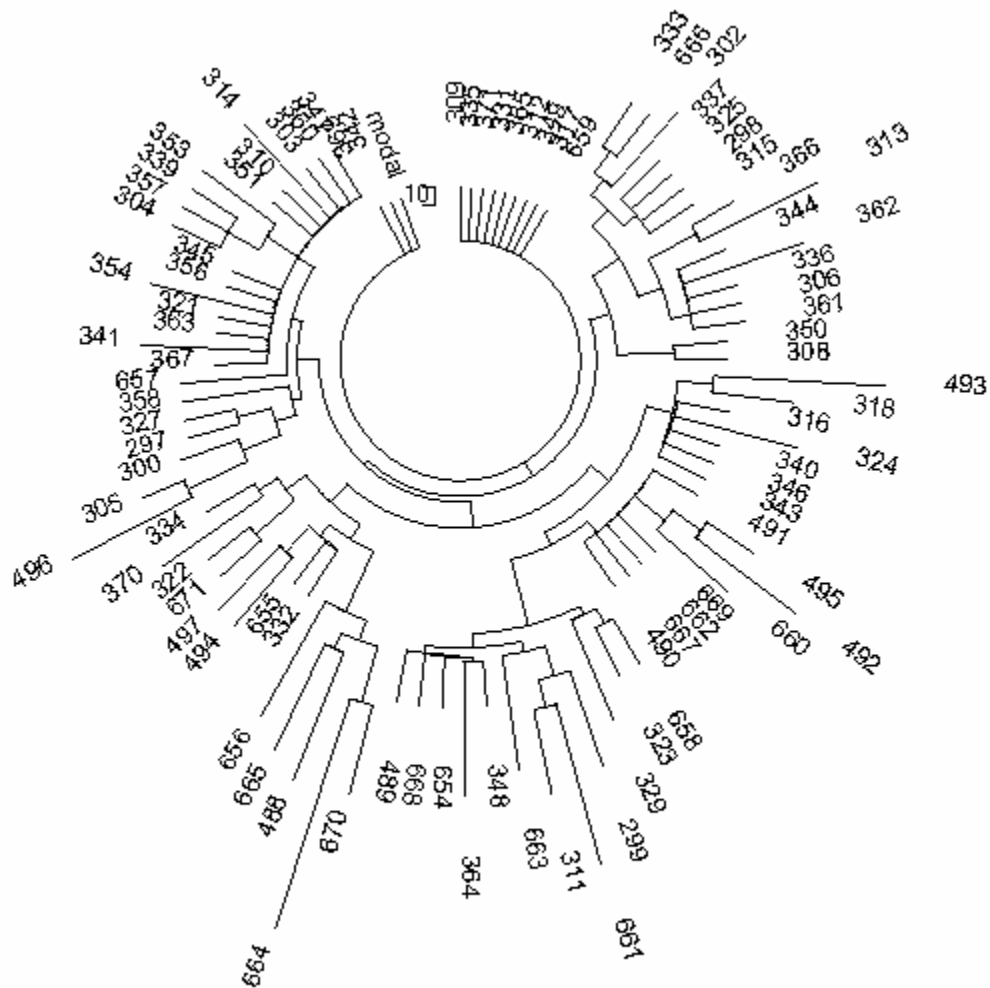


Рис. 5. Дерево из 91 десятимаркерных гаплотипов R1a1 Киргизии, Украины и России. Номера гаплотипов русских 488-497 (10 гаплотипов), украинцев 654-671 (18 гаплотипов). Источник гаплотипов - статья (Underhill et al, 2009).

Литература

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

Klyosov, A.A. (2009). DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. J. Genetic Genealogy, 5, 217-256.

<http://www.jogg.info/52/files/Klyosov2.pdf>

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

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J. et al (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. Eur. J. Human. Genet., advance online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194

**КАК СОЧЕТАЕТСЯ ИНФОРМАЦИЯ В
СЛАВЯНСКИХ ВЕДАХ С ПОСЛЕДНИМИ
ИЗЫСКАНИЯМИ В ОБЛАСТИ ДНК-
ГЕНЕАЛОГИИ?
«ВЕЛЕСОВА КНИГА» - ВЕДЫ СЛАВЯН.**

Часть третья

Период образования Киева на Днепре.

**Гипотеза: Киев на Днепре образован 6217-6200 лет назад
носителями гаплогруппы R1a1 (славянами - ариями)**

Георгий Максименко

*«Вас ждут некоторые потрясения.
Не очень с руки начинать повествование тем,
что автор ожидает от своего исследования
эффекта разорвавшейся бомбы, но что делать,
если так оно и будет?»
(А.Клёсов)*



Изыскания по данной теме являются продолжением исследования путей миграции славян – ариев (гаплогруппа R1a1) и их расселения от Балкан и Карпатских гор примерно 6000 лет назад, изложенных в Вестнике РА ДНК-генеалогии т. 2, №№ 2 и 5 за 2009 г. Третья часть посвящена исследованиям даты образования города Киева. За основу взяты изученные материалы русских летописных источников, первоисточники авторов античных времён, последних исследований в области ДНК –генеалогии по гаплогруппе R1a1 (славян-ариев) информации, почёрпнутой из

славянских вед. А также данных некоторых других наук, проливающих свет на тему исследования.

Поднятая тема, на мой взгляд, является актуальной, в свете последних изысканий в области ДНК-генеалогии. Споры по дате образования Киева до настоящего времени не разрешены окончательно и требуют дополнительных исследований, несмотря на убеждение ряда историков о том, что ничего нового в этой теме уже быть не может в связи с её изученностью со всех сторон. Несмотря на столь пессимистические убеждения, теме этой и будет посвящена третья часть исследований.

I. Предыстория вопроса

По последним данным, опубликованным в т. 2, № 6 (за 28 октября 2009 г.) Вестника Российской Академии ДНК-генеалогии, в соавторстве Игоря Рожанского и Анатолия Клёсова: **«Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география»**, разнообразие гаплотипов R1a на Русской равнине укладывается на дерево гаплотипов с общим предком 4850±500 лет назад (Клёсов, 2008a; Klyosov, 2009b). Из более ранних работ Анатолия Клёсова известно, что выход славян-ариев на Русскую равнину произошёл в более древний период, около 6000 лет назад с территории Карпат и одним из направлений этого продвижения была Приднепровская территория. На самом деле никакого разночтения здесь нет, поскольку по данным тех же авторов гаплогруппа R1a зафиксирована в Европе начиная с 12-10 тысяч лет назад, и пересечения некоторых европейских ветвей R1a дают даты жизни общих предков вокруг 6000 лет назад.

Следуя заданной изначально теме: **«Как сочетается информация в славянских ведах с последними изысканиями в области ДНК-генеалогии? «Велесова книга» - веды славян»** автор настоящей работы тщательно изучил все известные веды, в которых имеется упоминание о городе Киеве и историю его образования. При этом, обратил внимание на тот факт, что данные в ведах не противоречат информации о периоде появления и пребывания предков славян ариев (R1a1) на данной территории и относят дату его образования (по ведам) в глубь истории примерно на 6200 лет назад. Это обстоятельство побудило к изучению данной темы на основе имеющихся сведений.

В предыдущей (второй) части, опубликованной в Вестнике РА ДНК-генеалогии т.2, № 5 за 2009 г, была рассмотрена тема «Период и место образования славянской культуры и веры», где было гипотетически выявлено, что славянская вера возникла не позднее, чем 7500 лет назад на

Балканах, среди носителей гаплогруппы R1a1 (ариев). Сегодня мы рассматриваем более поздний временной период, связанный с историей славян – ариев, поэтому в дальнейшем буду употреблять термин «славяне-арии» вместо общепринятого в ДНК-генеалогии термина «гаплогруппа R1a1», для удобства излагаемого материала. Речь в работе пойдёт о периоде образования города Киева на Днепре-реке.

Смогли бы мы определить период образования Киева через данные археологии, истории и лингвистики, без ДНК-генеалогии, думаю – что нет. Скорее бы увязли в нестыковках и недопонимании высказываемых положений. ДНК-генеалогия сегодня позволяет убрать эти нестыковки и привести их к единому пониманию в истории, служит серьёзным маяком для сверки имеющихся расхождений между историей, археологией, лингвистикой и некоторыми другими соприкасающимися между собой науками. Для обоснования гипотезы приведу сегодня преимущественно выдержки из следующих источников:

- русских летописных первоисточников;
- древних зарубежных первоисточников;
- некоторых учёных, в работах которых затрагивается данная тематика; славянских вед;
- археологических памятников;
- данных ДНК-генеалогии.

II. Обоснование гипотезы.

Когда и кем был образован Киев по данным из летописных источников?

В «Повести временных лет» (ПВЛ) говорится:

Когда Андрей учил в Синопе и прибыл в Корсунь, узнал он, что недалеко от Корсуни устье Днепра, и захотел отправиться в Рим, и проплыл в устье днепровское, и оттуда отправился вверх по Днепру. И случилось так, что он пришел и стал под горами на берегу. И утром встал и сказал бывшим с ним ученикам: "Видите ли горы эти? На этих горах воссияет благодать Божия, будет город великий, и воздвигнет Бог много церквей". И взойдя на горы эти, благословил их, и поставил крест, и помолился Богу, и сошел с горы этой, где впоследствии будет Киев, и пошел вверх по Днепру.

...Поляне же жили в те времена отдельно и управлялись своими родами; ибо и до той братии (о которой речь в дальнейшем) были уже поляне, и жили они все своими родами на своих местах, и каждый управлялся самостоятельно. И были

три брата: один по имени Кий, другой - Щек и третий - Хорив, а сестра их - Лыбедь. Сидел Кий на горе, где ныне подъем Боричев, а Щек сидел на горе, которая ныне зовется Щековица, а Хорив на третьей горе, которая прозвалась по имени его Хоривицей. И построили город в честь старшего своего брата, и называли его Киев. Был вокруг города лес и бор велик, и ловили там зверей, а были те мужи мудры и смыслены, и назывались они полянами, от них поляне и донныне в Киеве.

Из этих строк ПВЛ мы можем извлечь следующее. Апостол Андрей (Первозванный) посетил полян на Днепре в 1 в. когда Киев ещё не существовал, но Новгород на Волхве реке (куда он продвинулся далее) уже был воздвигнут славянами. Далее следует информация о том, что Киев воздвигнут позднее этого срока тремя братьями полянами Кием, Щеком и Хоревом, без указания даты их появления на Днепре и откуда они там появились. Далее говорится о Князе Киевском Михаиле:

В год 6360 (852), индикта 15, когда начал царствовать Михаил, стала прозываться Русская земля. Узнали мы об этом потому, что при этом царе приходила Русь на Царьград, как пишется об этом в летописании греческом. Вот почему с этой поры начнем и числа положим.

Как видим, ПВЛ не даёт нам ответа на вопрос, в какое время воздвигнут Киев град, и в какое время жили братья его основавшие. Давайте посмотрим более древние летописные своды. Например, заглянем в Древнейший Киевский свод 1039 года в редакции 1037 года. Он начинается со слов:

Начало земли Русской.

Были три брата: одному имя Кий, а другому – Щек, а третьему – Хорив; сестра их - Лыбедь. Сидел Кий на горе, где ныне увоз Боричев, а Щек сидел на другой горе, которая ныне зовется Щековица, а Хорив на третьей горе, от него же прозвалась Хоривица. И сотворили город, и нарекли его Киев. Был вокруг города лес и бор велик, и был ловящийся зверь. Были мужи мудры и смыслены, назывались Поляне, от них Поляне Киева и до сего дня.

По этим же годам братья эти притеснялись и обижались Древлянами и иными соседями. А нашли их Козаре (Хазары), сидящими на горах этих в лесах, и сказали Козаре: «Платите нам дань».

Теперь вернёмся к ПВЛ и посмотрим разницу между ними в текстах, выделенных жирным шрифтом:

«По прошествии времени, после смерти братьев этих (Кия, Щека и Хорива), стали притеснять полян древляне и иные окрестные люди. И нашли их хазары сидящими на горах этих в лесах и сказали: "Платите нам дань"»

Как видим, события связанные с братьями Кием, Щеком и Хоревом, уже оттеснены на задний план и события представлены как после их смерти, а не в период их жизни. Но в принципе это нам ничего не даёт, кроме выявленных нестыковок.

Обратимся к **Новгородскому своду 1050 года с продолжениями до 1079 года:**

«Начало земли Русской.

Было три брата ... и были ратны с Древлянами и с Угличами.

В эти же времена Новгородские люди, именуемые Словене, и Кривитчи, и Меря, и Чудь дань давали Варягам ... и ежели те были у них, насилие творили Словенам и Кривичам и Мери и Чуди. И восстали Словене и Кривичи и Меря и Чудь против Варягов, и изгнали их за море, и начали владеть сами собой. Словене свою волость имели; и поставили город и нарекли его Новгород...»

Новгородский свод признаёт начало земли Русской за тремя братьями (Кием, Щеком и Хоревом) и отдаёт по умолчанию «пальму первенства» (по времени образования) - Киеву. Как же тогда мог ходить в 1 веке апостол Павел в Новгород с Днепра, когда Киева ещё по его утверждению не существовало, а Новгород уже стоял. В каком веке, в таком случае, был образован Киев, и жили три брата? Вопрос остаётся открытым и ни один из летописных сводов более древних, чем сама ПВЛ, включая 1-й Печёрский свод, начальный свод 1903 г., Новгородский свод XI в., и другие ответа на данный вопрос не дают.

Всё, что удалось выяснить из русских летописей (включая не приведённые в этой работе), Киев был образован тремя братьями: Кием, Щеком и Хоривом в честь старшего (в некоторых данных - младшего) брата Кия. Образован был на Днепре и по времени был воздвигнут ранее Новгорода, который уже упоминается при жизни апостола Павла, ученика И.Х., т.е. в 1 веке и Киев и Новгород уже существовали и здравствовали. Глубже этого периода русские летописи (в данном вопросе) продвинуться не позволяют.

Когда и кем был образован Киев по данным из других первоисточников?

Затрагивая этот вопрос, хочу пояснить, как можно информационно выйти на более древние упоминания о Киеве. Это возможно сделать через древнегреческий этноним «скифы», под которым подразумевается древний славяно-арийский этноним «Скуфь». Арии прибыли на Днепр будучи

славянами по вере и в последствии преобразовались в славянский этнос, это было уже рассмотрено во второй части заданной тематики (Вестник РА ДНК-генеалогии т. 2, № 5 за 2009 г.) Можно спросить - причём тут «Скуфь» (скифы) и Киев? Чтобы избежать этого вопроса, поясню. Из славянских вед явствует, что Скуфь изначально была связана именно с Киевом, из чего следует простой вывод, что Киев к моменту образования Скуфи Киевской уже существовал, а Скуфь Киевскую славяне – арии творили в один и тот же исторический период, что и Антию.

«С Ури анта якова бенде со нои ниже не опоменемо яко годь соединесе со егуните на нои. Галаре ще северзе од полноце. Егуните о полудне. Ту плакала Руськолане Боруся Елице же егуните обряща годь ту Руссе венздегла сва сыла. Егунитие образиша утвори крае Антов. Скуфь Киеву.» (ВК-7)

(С Ури анта, которая будет с нами, нежели упомянем как годь соединилась с егунами на нас. Галаре еще севернее от полночи. Иегуны на полудне. Тут плакала Руськолань, Борусия, Елица же иегунов обряжала годь, Тут Русса выдвинула свои силы. Егунов отразив, сотворили край Антов. Скуфь Киеву.)

Теперь, когда мы знаем причину появления данного этнонима «Скуфь» - «скифы» в древних первоисточниках, давайте попробуем обратиться к последним.

Древнегреческий историк Гелланик Митиленский (живший в V в. до н.э.):

«Когда проплываешь Боспор, будут синды, выше их - меоты, скифы» ...

Как видим, скифы упоминаются античным историком, жившим в V в. до н.э. Сама история погружена в ещё более древние времена.

Обратимся к археологии. Как давно обитали в Причерноморье и Приазовье арии? Возьмём данные, датируемые 5000 лет назад по г.Краснодару. Краснодар стоит на нескольких археологических культурах, соотносимых с периодами обитания Ариев на Кубани. Кинотеатр «Аврора» расположен на кургане катакомбной культуры, приписываемой Ариям, которые, по мнению самих археологов, мигрировали из Индии. Здесь археологи, как это нередко бывает, путают «индоевропейцев», в свою очередь плод терминологии лингвистов, что вообще относится только к языку, и «индоариев», которые относятся уже к периоду прихода ариев в Индию и после, с самими ариями, носителей гаплогруппы R1a1, древнего рода, которые во времена катакомбной культуры до Индии еще далеко не дошли. Из данных ДНК – генеалогии мы уже знаем, что арии мигрировали не из Индии, а в Индию по прошествии многих веков. Имеются сведения об

археологических памятниках и на территории вокруг КСК (Краснодарский строительный комбинат) – поселение меотов-фатеев, защитивших Кубань от колонизации, на территории парка им. Горького, на территории Медицинской академии, расположенной на месте обитания меотов-сарматов. То есть самому древнему поселению на территории г. Краснодара около 5000 лет. И мы опять же знаем, благодаря исследованиям Анатолия Клёсова, в области ДНК-генеалогии, что продвижение и расселение шло с Карпат, примерно 6000 лет назад. И на Русской равнине они просматриваются в периоде 4800 (± 500) лет назад. Попастъ на данную территорию ариям, минуя Днепр, не сподручно, что косвенно также свидетельствует в пользу раннего появления славян-ариев на Днепре.

Готский историк Иордан сообщает следующее:

В Скифии первыми с запада пребывает народ гепидов, который окружён великими и славнейшими реками: Тисия (совр. Тиса), Данувий (Дунай), Флутавсий впадающий в Истр.

По сведениям Иордана племена, населявшие этот регион, именовали себя преимущественно славянами и антами. Антов он описывает и в районе Понтийского (Чёрного) моря, вплоть до Данапра (Днепра).

Изучая греческие первоисточники, относящиеся к экономической тематике, присутствие славян – ариев в исследуемом районе можно отнести к 4 в. до н.э. По ним не составляет труда проследить развитие земледелия и растениеводства на чернозёмных землях в районе Западного Причерноморья. Анализируя изложенную древними греками информацию, становится ясно, что именно славяне - арии выращивали зерно в 4 веке до н.э., в период греческой колонизации Черноморского побережья. То самое зерно, которое вывозилось в Афины греками. Объём этот, по греческим первоисточникам, был равен 20 800 тысяч литров (в переводе с древнегреческой меры - медимна), половине всего зерна, завозимого в Средиземноморье.

О скифах имеются и другие упоминания. Действия этого народа далеко простирались на юг, север и запад. (Геродот). Сведения о скифах приходили вместе с караванами путешественников и торговцев. По сведениям автора **“Скифы” не является родовым именем этого народа**, об этом пишет и сам Геродот, свидетельствуя - **сами они называли себя сколотами.**

Диодор в своих рассказах упоминает скифский миф про скифа, сына Зевса и Эхидну. Понтийские греки говорят о трёх братьях имеющих отношение к

Геркулесу, побывавшему на этих землях. Истории известны два огромных царства скифов, занимавших значительную часть Азии и почти половину Европы. Персы называли их саками. **Эратостен** утверждает, что скифами прозвали их понтийские греки. При этом напомним, что греческая колонизация Черноморского побережья берёт своё начало примерно в VI веке до н.э. Известны истории и земледельческие скифы - борисфениты, а так же кочующие скифы и т.д. **Плиний** говорит о Великой Скифии, идущей от Дона на восток и север, и о Малой — от Дона к Днепру и далее на запад. **Страбон** упоминает азиатскую Скифию, смешивая их с сарматами. Напомним, что Дарий в 480 году до н.э. также воевал со скифами черноморскими. Римляне нынешние земли России и Придунайские земли называли Скифией. В 400 году до н.э. готы покорили гетов и **скифов** при устье Вислы. Олоферн, военачальник Навуходоносора, вооружался между Гаваем и скифским городом. Имеются упоминания о том, что геты фракийские отняли у скифов земли между Дунаем и Днепром. Стало быть, скифы уже сидели до самого Дуная несколько сот лет до нашей эры. **Адам Бременский** называет Винету скифским городом. **Нестор** пишет, что греки называли Великою Скифией полян, древлян, северян, родимичей, вятичей, хорватов, дулебов, оуличей и тиверцов до самого моря. Примеров из исторических источников по скифам можно приводить множество, мы лишь отметим для себя то обстоятельство, что само понятие «Скуфь» (скифы) прямым и тесным образом связано исторически с образованием Киева на Днепре, которому в последствии и было присвоено имя Скуфь Киевская.

Изучая труды доктора филологических наук, профессора кафедры русского языка Марийского педагогического института, А.Т. Липатова, перу которого принадлежит свыше 250 научных исследований в области славистики, полагаю, не лишнее будет поместить и некоторые результаты его изысканий по данной тематике. Приведу несколько выдержек из его книги «Прикосновение к тайне. Преданья старины глубокой»:

1. ... не лишним будет сослаться на клинописные записи времён ассирийских царей Сенахериба и Езарходона (VIII в. до н.э.). Это при их правлении в течение нескольких десятилетий продолжалась война с коалицией кимвро-скифов «из земли Магога»; при этом на Призме Езарходона (сторона С, колонка 3, линия 47) упоминается имя киммерийского вождя Тушпы. Сопоставив свидетельства Библии и сирийской клинописи, можно утверждать, что скифы уже в VIII веке до н.э. занимали наше Причерноморье, а если верить ещё и сообщениям Геродота, то они, скифы, пришли туда со своим царем Таргитой «ровно на одну тысячу лет до нападения на них Дария». Если учесть, что было это 513 -512 г.г. до н.э., то скифы пришли в Причерноморье не позже 1513-1512 г.г. до н.э. (Геродот «Мельпомена», 5-7);

2. Потому то и молчит Сильвестор о Киеве. У него тот (Кий) всего-то перевозчик, а вовсе не Князь. Но – удивительная вещь – кто-то из поздних переписчиков Сильвесторовской летописи вносит в его текст внушительную поправку, в корне меняющую утверждения Сильвестра: «*аще бо се перевозчикъ, то не ходилъ бы Царю-граду, но се Кии княжеше в роде своемъ... яку велику честь пріялъ*». Есть и ещё одно красноречивое свидетельство Сильвестровой неправды – текст Никоновского летописного свода: в нём тоже говорится «*о походе Кия с силою ратной на Царь-град, о войне его с камскими и волжскими болгарами*». Но Сильвестров канон делал своё дело: даже самый ортодоксальный критик Сильвестровой «*Повести временных лет*», каким был академик А.Шахматов, и тот оказался в плену заблуждений. И вот теперь перед нами тексты дощечек Изембека, повествующие о Кие ...»;

(Позвольте сделать мой комментарий к сказанному. Сам автор приведённых выше строк не подозревает о том, что на самом деле хранит в себе информация из славянских вед ВК, т.к. пользуется недостаточно корректным переводом. Дело в том, что на самом деле в ВК говорится не о том, что князь Кий ходил на Булгар, из чего автор пытается вместе с имеющимися данными Никоновской летописи вычленить его время существования. Там (в ведах) на самом деле сказано о том, что князю Киевскому пришло на ум пойти на булгар. А вот какому князю, на самом деле не сказано. Но то, что это был не Кий, основавший Киев, за много веков до этого, очевидно из самих вед. И самое интересное в том, что современные переводчики ВК не смогли уловить этой разницы в тексте, которая очевидна и читается однозначно. Предположительно, сам летописец Никоновского свода мог тоже иметь перед собой славянские веды, но при попытке их чтения допустил всё ту же ошибку, что и современные переводчики.)

3. Так, судя по началу «*Повести*» Нестора, Русская земля началась с князя Кия, строителя города его имени. У польского хрониста Стрыйковского на основании сведений, взятых из Нестеровской летописи, имеется указание на то, что «*Киев был построен в 430 году*». Перечисляет Нестор далее и всех потомков из рода Кия. А у Сильвестора – совсем другое: Кия он упоминает лишь как основателя Киева – не больше; основоположником же Русской земли Нестор называет Олега Вещего, варяга по происхождению. Заняв Киев, тот и стал первым князем.
4. Если уж мы заговорили о Кие, давайте рядом с дощечками Изембека положим фрагменты текстов, удалённые Сильвестром из изначального Несторова «*Летописца*», и тогда история весомей и зримей встанет перед нами. Собрав воедино все известные отрывки о Кие, о его времени, о создании им державы Русская Земля и расположив их по смыслу и в хронологическом порядке (включая и извлечения из трудов зарубежных

хронистов), мы получим связный и понятный рассказ, хотя и с большими пропусками.

Давайте прислушаемся к мнению авторитетного учёного А.Т. Липатова и посмотрим, о чём нам поведаёт информация, изложенная в славянских ведах Велесовой Книги.

Что мы знаем о Киеве и князе Кие по данным из Велесовой книги?

Начнём по порядку, с вед старых времён. Уже в первой вехе мы имеем упоминание о князе Кие с его братьями и граде Киеве:

ВК-1

«Орей отец идет перед нами. Кий ведет за Рушь, Щеко ведет племена свои. Хорев хорват своих. И земля Бограденц на то. Каковы это мы внушаемые, Богов от его деда, Хорев и Щехо до Ини. Сидим до Карпатских гор. И там будем иные города творить. Мину имеем, соплеменников Ини. И Богов своих имеем много, поэтому враги не лезут на нас, так течем к Киев граду. К Голуни. Таким образом, распространялись огни свои. Палыхающие к Свагре.

Жертвы творятся благодарностью Богам, таковое в нас, это Кий умрет за тридцать лет, владея нами, поэтому был лебедянин, которого звали Славер, живет двадцать лет. После тех был Верен из Великограда, также - двадцать, затем Сережень - десять ...»

Из данного отрывка следует, что действительно жили три брата от одного отца – Ория, кои были наречены: Кием, Щеком и Хоревом. О том нам повествуют и русские летописи. И сидят эти племена на некоей территории до Карпатских гор, от которых и совершили свой исход все трое братьев со своими племенами, очевидно к Днепру, где и основали Киев. Указываются в данной вехе и первые князья, правящие в Киеве после 30-летнего правления в нём князя Кия. Но из нее мы не можем пока определить временные рамки данных исторических событий. Поэтому давайте попробуем за помощью обратиться к последним данным ДНК-генеалогии.

По проведённым исследованиям в области ДНК – генеалогии, профессором Анатолием Клёсовым, опубликованным в своих научных трудах, отражённых в Вестнике РА ДНК-генеалогии «ОТКУДА ПОЯВИЛИСЬ



СЛАВЯНЕ И "ИНДОЕВРОПЕЙЦЫ"? ОТВЕТ ДАЁТ ДНК-ГЕНЕАЛОГИЯ» (ч.1 и ч.2) в сентябре 2008 г. и последовавших за ними работах, мы знаем, что на Карпатах славяне - арии появились с Балкан около 6000 лет назад, откуда и произошло их расселение по всей Европе, с выходом на Русскую равнину и далее, вплоть до Индии и Ирана. Известно также, что часть из них достигла Днепра и появилась на Русской равнине по данным ДНК-генеалогии 4800±500 лет назад. А по данной цитате мы видим, что продвижение с Карпат к Днепру было осуществлено тремя уже известными нам братьями - князьями. Давайте запомним эту дату, она нам может пригодиться чуть позже, при сверке информации из других вед.

Следующую информацию мы находим в более поздней по написанию веде ВК-6, в ней также имеется упоминание об этом историческом событии. Веда эта одна из самых объёмных по своему размеру, и в ней имеется около пяти упоминаний о продвижении славян-ариев с Карпат к Днепру. Разберём некоторые из них, т.к. данная веда может являться неким более поздним сводом изложенных в ней исторических событий:

«Течем до иной земли, в которой течет мед и молоко. И есть та земля такая, ищут все сыны, трое от Ория, были те Кий, Пащек, Горовато, откуда три славных племени истекает, как есть, сыновья были храбрые, водили дружинами, так это сели на коней. Текут дни. За ними едут дружины молодые, скотина, коровы, повозы бычьиные. Овцы, еда, дети, старики, матери, жены, также мареные (больные) люди. Текли так, идя до полудня, к морю, мечом разя врагов, дошли до горы великой, до пути травного, где вечно злаков множество, там это уселся Кий, который был строителем Киева, то был стол русский. Крови стоил тот исход... не береглись злом. Текли как Орей говорил:

Кровь есть своя. Кровь наша просто говорит сама, есть мы русичи, не слушайте врагов, которые лгут, что нет доблести у нас.

От отца Орея идем. То в подробности, это защита нам той, около сказанного так; ждем годы до Диры, за тысяча пятьсот или парады наши до горы Карпатской. Там осели. Живя укладно, то либо роды все правились от отцов родичей. Старейшиной рода был Щеко у ирян, того обучал Паркун, либо нас всех благословлял на то учение. Так все было, жили пятьсот лет. Там отчизна всем, до восходящего солнца.

Идем до Днепра, та либо река есть, до моря течет, то полночь сидела на ней. Всех именовали непрами-припятцами, так как вожди все были там оседлыми.»

В данной веде имена братьев несколько отличаются от указанных в иных ведах, за исключением Кия, но в них (Кий, Пащек и Горовато) не трудно разглядеть и понять, что речь идёт о братьях Кие, Щеке и Хореве. Помимо свидетельства о том, что исход на Днепр был совершен с Карпат, мы так же находим подтверждение тому, что именно Кий основал город Киев. Находим мы в этом отрывке повести и первую датировку о времени исхода

братьев с Карпат, что позволяет назвать и первую дату основания Киева, отражённую в веде.

Из русской летописной истории мы знаем, что Дир (по другим сведениям Дирос) был Князем Киевским. Об этом свидетельствуют и славянские веды, отмечающие, что вступил на престол он сразу после Аскольда. Известно также, что Княжество Киевское распространялось в середине IX в. от Днепра до Дуная. Известна дата смерти Диры. Он был убит вместе с Аскольдом новгородским князем Олегом в 882 году. Берём 882 год, прибавляем к нему 1500 лет (до правления Диры) и 1127 лет после его правления до наших дней. Получаем дату Карпатского исхода Кия со своими братьями на Днепр - 3882 года назад. Но это при условии, что мы имеем в выражении *«ждем годы до Диры, за тысяча пятьсот или парады наши до горы Карпатской»* временной отрезок, а не дату древнего славянского календаря. Что это - временная или календарная дата, в веде чёткого пояснения нет.

Поэтому рассмотрим и второй вариант, исходя из того, что это может быть и примерная календарная дата - 1500 лет. Сегодня по древнеславянскому календарю 7517 год. Следовательно, 1500 год приходится на период - 6017 лет назад, или примерно 6000 лет назад, что вполне вписывается в рамки исследования в области ДНК-генеалогии по расселению славян-ариев с Карпат по всем известным направлениям. Давайте пока просто зафиксируем эти две вероятные даты приблизительно (3900 и 6000 лет назад). Приблизительно потому, что сама цифра 1500 лет является также приблизительной. Возможно, в других ведах нам удастся прояснить, какая из этих цифр окажется точнее.

Смотрим следующий фрагмент 6-й веды:

«пришел варяг. Берет таясь. Она с инога великая Русь, либо творится от полуночи, за это же не имеем может ... в лесах ильмерских утвердиться. Там есть дом Киев, которому дана часть малая, там уселись. Варяги, которые ведь хищники, повесившие Свентояр живых, да увидит зрячий тело того тут боляра, Гордину нашего, который поразил годь со Скотицем. Была тайна славная деяний от прихода Славянских людей на Руси, десять сто третьего года - это нагло. Грабя налезли на нас ...» (ВК-6)

Из данного отрывка можно понять следующее. Великая Русь начала своё творение не от Киева, а с полуночи, т.е. северо-востока (вероятно после продвижения ряда племён на Русскую равнину и к оз. Ильмень, а Киеву была отведена часть этой Руси (малая, или говоря проще - Киевское княжество). Возможно, эти сведения некогда и легли в основу теории

северной прародины по недопониманию выше сказанного. Далее утверждается то, что Русь великой 10103 года – это наглое утверждение варягов. На самом деле меньше. Насколько меньше, в данной веде не указано. В ней также имеется повествование периода греческой колонизации Чёрного моря с упоминанием уже существующего в те времена Киева:

«Русь либо поссорилась на земле той до этого, в том времени шли к Киеву варяги с гостями. Били хазар и хазары обратились к скотичам. На помощь помолились, отверг тайно скотень. Сказали:

- У Боси, поможете сами своим, такое вече Русколуны имелось.

Раздаете колы свои, от этого ворожится сила, идет до земли Воронженца, так как Воронженец был древний, за многие века устроен. И окремлен от налезания по кругу рекой. Та Воряжина идет до Воронженца, поя той, и так усиливалась Русь, огражденная от запада солнца. Шли иные до Сури на полдне, Сурожь - град утверждался, кола у моря, который греки имели там, крепость - град Суражь белояр.» (ВК-6)

Упоминание Киева при жизни князя Буса (Бос, Боус), княжившего на Б.Кавказе опять же выводит нас на период греческой колонизации Черноморского побережья примерно V-VI в. до н.э. Заканчивается история Киева, описанная в 6-й веде IX веком н.э. и незаконным вступлением на престол Аскольда с Диром:

«Ботен есть Сурен, да те Киеву - это утворя неудобная. Зеле либо испорчено было, так тут первые ворензенцы пришли до Руси, Аскольд силою погрозил князю нашему. Потолок его Аскольд. Позже Дир уселся на ней как непрошенный князь. Те то княжить пошли над нами, до Истра будут вождями. ...» (ВК-6)

ВК -7

«Уберегутся ею от новых дней, если и чеху, до заката солнца собственно свои, хорват бери – Я, своих воинов, тогда иначе, и чехи селились за Русью. Так за ними отдельная земля. За ними утворена Русколань, Кий либо уселся в Киеве. Тому сами подлегли. С ним до целого всем Русь строилась. Так будит нас иная сила, идет она с Русью, по неожиданности тайна есть ...»

Кому принадлежит пальма первенства образования Руси Великой, дебаты велись всегда. В данной веде указывается на то, что Киев принимал в её строении непосредственное участие, и, конечно же, не в IX веке н.э., а намного раньше этого срока. Заслуживает внимания ещё одна часть этой веды, в которой говорится об образовании Скуфи Киевской - *«сотворили*

край Антов. Скуфь Киеву.» Т.е. сам Киев к тому времени уже существовал, а само понятие «скифы», описываемое во многих зарубежных первоисточниках пошло от Киева. Т.е. это и есть славяне-арии, которым, в ходе расселения от Киева, и давали то одни, то другие приставки в истории:

«Иная Тора идет за ними, как шла за отцами наша на Ромею, до Трояновой земли. Ведь немо будем, если бы варензи вели наших воинов, на то и акр, сами можем вести, тысячелетие бились от ромеев и годи. С Ури анта, которая будет с нами, нежели упомянем как годь соединилась с егунами на нас. Галаре еще севернее от полуночи. Иегуны на полудне. Тут плакала Руськолань, Борусия, Елица же иегунов обряжала годь, Тут Русса выдвинула свои силы. Егунов отразив, сотворили край Антов. Скуфь Киеву.»

ВК-11

Одиннадцатая веда даёт информацию о Киеве периода расселения славян-ариев от Карпат по Европе вплоть, до Прибалтийских территорий:

«Тогда Киевская Русь творилась Антова. Годь этому страшилась, идти стала вон до своей Рензе, так как вехой своей Рензе ведь две, одна вендов стала, а другая годи. Тут годь прибывала до них. Годь всем усилилась там оттого. Венды стали ослабевать всем, как те до того, потому, что Жеменд была около той. Та была Литавой и это назовется Илмо от нас, ежели назвали ильмеры. То либо Дахом стала и нету, так как стала Глутве.»

Попробуем разобраться в календарных датах. Они указаны в шестнадцатой веде. Сложная веда, но разобраться в ней необходимо.

ВК-16

«Себь погодьсте прие опорощетесе. Русколаниу опьоущете до кие тецещете. Сендетесе до земе о тые таможде и жьдехьция до при стенпоу върияжскоу и себе браницесе од Дона и такьва бя щесе се од лиеты тысенц трисент о Кыиве оце трисенты о Карпаньсте животие и тысенце о Кие грдие и нащасте иде до Голуне. Тамо и стате. Ина о Кие грде и перьва есе Ренсколане и дрга Кые и якожде Сурень цтяе по скотоу ходяеща. Стадя водяеща десенте виесе о земь нашиу себь то Голуне бяще град славень и трысенте градоу сыльна име и Кые градо име меньши о полоудень десенте граде и всы и селя немньго . До цель бо сен быте во ступях веске роди и жытва семенете о полоудень и таква грьцем ода о мень по златоу щепе и кола.»

(На нас погодная пора обрушилась. Русколань обрушила, до которой течет. Уселась на землю в той, там же и осталась до поры степной варяжской и себе бранится от Дона. Таково было время это от лета тысяча трехсотого в Киеве

отцов, триста в Карпатской жизни, и тысяча в Киев-граде, и начало идет до Голуни. Там и стало. Иначе в Киев-граде и первая есть Ренсколанья, другая – Киева и когда Сурень чтили по скотым пастбищам ходя. Стада водили десять веков в землю нашу. Нашей то Голунь была, город славеней и триста городов сильных имели. Киев городов имел меньше, на юге десять городов и все, селений немного. В целом все были в степях, всякие роды. Поля засеивались на юге. Такова грекам ода в обмен по золотой цепи и кругу.)

Что имеем? Календарную дату -1300-х годов, в которые непогода обрушила Русколань. События происходят примерно 6200 лет назад. Похолодания пришли с северо-востока (от Дона). 300 лет пробыли на Карпатах, после чего начались массовые движения и переселения. Часть славян-ариев (во главе с тремя братьями) сразу же в 1300 годы (примерно 6200 лет назад) с Карпат перемещается на Днепр, куда ранее 10 веков (1000 лет) предки водили стада на пастбища. Там, на Днепре Кий со своими братьями закладывает город Киев. Сколько времени могло понадобиться для перехода с Карпат на Днепр. Имея рядом прирученную лошадь, полагаю, не так много.

Учитывая сложность представленной в ведах информации, можно просмотреть и другие варианты, отгалкиваясь от календарной даты, а именно 6200 лет назад, 5900 лет назад, 5200 лет назад, 4900 лет назад.

В любом случае по данным из этой веды Кий мог прийти на Днепр не ранее 6200 лет назад и не позднее 4900 лет назад. Для уточнения требуются возможные датировки из других вед. Я их опубликую в конце. Пока обратимся к следующей веде.

ВК-24

«Это ибо княжеству Киевскому до ума припало ходить на болгар. Ту рать поджидали к полуночи. Ожидали на Вороненце, идут там же с Яи, таковыми были свои воины поляне, обращение имели.

- Это ибо глудь Ись заберут. Голыни град русский отберите, оба те свои. В Донской земле так же те новые края, отобрали и русичами насадили.

Лебедень ибо сидит у града Киева, на горе, когда разумен и умён. Правит оды хорян. Сам то терзает илиньское. Орабов правит в задоре, так как чин имеет.

- Это которые оды вендов, палка своя от врагов и "Камо" болгары не переносили от новых земель, имеете род свой да ищете, это ибо слава ходит притоки Оби свои. Там обитали, в годе пора течет и сила людская. Тужатся в порче и так это земля наша остается в крае до края как Русколань в бытность, это ибо данная Богом определена от Евразии. Так ту держим себе.»



Для чего привёл эту веду? Нет в ней даты основания Киева, но имеется упоминание о Киевском княжестве позднего времени которое можно вычислить и привязать к походу на камских и поволжских булгар. Привёл её для того, чтобы показать как неточный перевод влияет на дату определения жизни Кия и, следовательно, основания Киева, некоторыми исследователями. Они, ссылаясь на неточный перевод ВК, утверждают, что князь Кий ходил на булгар, и привязывают

его к данной дате. А на самом деле, как уже писал выше, в ведах говорится, что не князь Кий ходил на булгар, а княжество Киевское, и в этом кроется большая разница. Описанные булгарские события развивались в IV веке, а сама история этого народа имеет более глубокие корни и просматривается в ведах от Оби.

Посмотрим последнюю информацию, имеющую точную календарную дату об исходе славян-ариев с Карпат к Днепру. Она изложена в 7-й веле ВК:

«Ту бо за тенсец триесты лэты од исхъду Карпенъсте Аскольд злы пренде на нои ...»

(Тут за тысяча трёхсотые годы от исхода Карпатского Аскольд злой придет на нас ...)

Вычисляем: $7517 - 1300 = 6217$ лет назад. Получаем дату осуществления исхода славян-ариев с Карпат на Днепр. Что вполне сочетается с датой из 16 веды:

" время это от лета тысяча триста в Киеве отцов".

Тут уместно вспомнить об упоминании в ведах трёх Аскольдов, о которых я уже сообщал в вестнике РА ДНК-генеалогии (во второй части: «Период и место образования славянской культуры и веры»), во избежание постановки лишних вопросов. По Аскольду я и сориентировал в своё время Карпатский исход, и дату образования Киева, выйдя на цифру 2640 лет назад, зная дату смерти самого Аскольда который пришёл с Диром в Киев. Тот Аскольд был убит князем Олегом в Киеве в 882 г. н.э. От этого я и отталкивался в своих изысканиях, не обращая внимание на имеющуюся точную календарную дату. Когда понял, что календарная дата не вяжется с датой смерти Аскольда, начал искать ошибку. Оказалось, что никакой ошибки в ведах

нет, т.к. там прямым текстом сказано, что в истории славян известен не один Аскольда, а три Аскольда, жившие в разные времена:

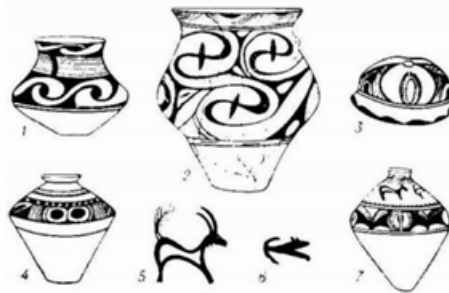
"Старые речи не поведают нам когда пришел на Русь иной Аскольд, так как было три Аскольда врага ..."

Упоминаются Аскольд с Даром (Диросом), Аскольд с Кнудием и некий третий Аскольд.

Получается, что Киев отцов наших был основан опять таки приблизительно 6200 лет назад. Полагаю, этих выдержек из вед вполне достаточно в обоснование гипотезы, дабы не загромождать тему остальной информацией по Киеву.

Археология.

Что нам известно сегодня о встречающихся археологических памятниках на пути миграционных процессов славян-ариев от Балкан на Карпаты и с Карпат на Днепр?



Известна Трипольская культура, «генетически» связанная с неолитическими культурами Балкано-

Дунайского региона, относящаяся к периоду раннего энеолита (Триполье А) во второй половине VI — начало первой половины V тысячелетия до н. э. (то есть 7500-6500 лет назад). Известен её средний этап (Триполье В — С1), относящийся ко второй половине V тысячелетия до н. э. вплоть до 3200 (3150) гг. до н. э. с продвижением в направлении Днепра и других близлежащих территорий (5200 - 5150 лет назад). И третий, более поздний этап — (Триполье С2) относящийся к 3150—2650 до н. э. (5150 - 4650 лет назад), характерный расширением территории трипольской культуры за счёт продвижения племён на север и восток, с появлением курганных захоронений. Отмечается миграционная природа трипольцев, наряду с выдвигаемыми гипотезами исследователей (М. Ю. Видейко), отмечающими культурную и «генетическую» преемственность между населением трипольской культуры и современными украинцами. Но она подвергается жёсткой критике противниками этой гипотезы.

С Трипольской культурой, по исследуемому региону, в некоторой степени соприкасается «Среднестоговская» археологическая культура эпохи энеолита (4500-3500 до н.э), распространённая в степях между Днепром и Доном. Развилась, по мнению археологов, на базе днепро-донецкой культуры и эволюционировала в ямную культуру. Вторая фаза

среднеэпохальной культуры (4000-3500 до н. э., то есть 6000 – 5500 лет назад) характеризуется появлением в захоронениях шнуровой керамики и каменных боевых топоров, что предположительно археологи связывают с индоевропейской (славяно-арийской) экспансией.

На этом археологическом обзоре можно подвести черту, т.к. даёт достаточное представление о миграционных процессах исследуемого нами периода.

ДНК-генеалогия.

Обратимся к последним исследованиям в области ДНК-генеалогии, по славяно-арийской гаплогруппе R1a1, опубликованным Анатолием Клёсовым в Вестнике РА ДНК-генеалогии. Изыскания в этой области описаны следующим образом:

«ДНК наших современников показывают, что самые древние корни ариев, рода R1a1, давностью 12 тысяч лет, находятся на Балканах – в Сербии, Косово, Боснии, Македонии. Через 6 тысяч лет этот род расширится на северо-восток, на Северные Карпаты, образовав праславянскую, трипольскую культуру и положив начало великому переселению народов в четвертом-третьем тысячелетии до нашей эры.
...

Потомки того же предка, с тем же гаплотипом в ДНК, прошли до южного Урала, построили там городища 4000-3800 лет назад, одно из них (открытое в конце 1980-х годов) получило известность как Аркаим, и под именем ариев ушли в Индию, принеся туда 3500 лет назад свои праславянские гаплотипы. В том же 2-м тысячелетии до нашей эры довольно многочисленная группа рода R1a1, тоже называемая себя ариями, перешла из Средней Азии в Иран. Это – единственная, но значимая связка, позволяющая назвать весь род R1a1 родом ариев. Эта же связка приводит к тождеству «индоевропейцев», ариев, и рода R1a1 в рамках ДНК-генеалогии. Она же, эта связка, помещает прародину «индоевропейцев», ариев, праславян на Балканы. Эта же связка приводит в соответствие место балканской прародины, поток миграции ариев-праславян, динамическую цепь археологических культур и соответствующий поток индоевропейских языков, и показывает место и время появления там частицы «индо». Наконец, она же, эта связка, убедительно показывает, что не праславяне говорили на «индоиранских» языках, а наоборот, потомки праславян принесли свои арийские языки в Индию и Иран, причем времена появления этих языков в Индии и Иране, установленные лингвистами, полностью

согласуются со временем прихода туда потомков праславян, временем, записанным в виде мутаций в ДНК наших современников рода R1a1.»

В развитие этой темы во втором томе № 6 за 28 октября 2009 г. Вестника Российской Академии ДНК-генеалогии, как уже упоминалось выше, в соавторстве Игоря Рожанского и Анатолия Клёсова вышел углублённый материал **«Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география»**, в котором имеется свидетельство о том, что разнообразие гаплотипов R1a на Русской равнине укладывается на дерево гаплотипов с общим предком 4850±500 лет назад (Клёсов, 2008a; Klyosov, 2009b).

Завершив обоснование своей гипотезы, сделанной на основе сведений русских летописных первоисточников, зарубежных первоисточников, современных авторов, славянских вед, данных археологии и ДНК-генеалогии, можно перейти к выводам по третьей части нашего исследования «Период образования Киева на Днестре».

III. Выводы:

1. Изученные и приведённые в обосновании русские летописи по заданной тематике носят крайне противоречивый характер, в котором усматривается попытка скрыть, либо занижить исторический период образования города Киева на Днестре, появления там славян-ариев и периода образования Руси Великой. При этом усматривается тенденциозность приравнивания всех этих событий как можно ближе к периоду христианизации Руси и отведению ей роли формирования самой Руси Великой, что не соответствует исторической действительности и справедливости;
2. Зарубежные первоисточники, включающие труды древнегреческих, готских и других историков (и исследователей) разных времён, дают нам более ясную картину по заданной тематике, погружая её в глубь истории на много веков назад, вплоть до XVI века до н.э. Но сведения зарубежных первоисточников, наряду с русскими летописями, носят по славянам -ариям путанный и не всегда правильно распознаваемый характер. Это наглядно показал доктор филологических наук, профессор А.Т.Липатов;
3. Славянские веды, изложенные в Велесовой Книге, несмотря на сложность восприятия древнеславянского текста и временную разность написания отдельных вед, дают наиболее полную и мозаичную картину событий исследуемого периода времени своего народа. А также позволяют в совокупности с другими

- первоисточниками и научными данными в области археологии и ДНК-генеалогии, более точно назвать период основания города Киева;
4. Археологические датировки по Трипольской культуре в совокупности с научными данными в области ДНК-генеалогии позволяют подтвердить сведения (информацию), изложенные в славянских ведах, независимо от имеющегося в научном мире и не завершённого спора, о том где, кем и в какие века была изложена данная информация;
 5. И, наконец, последний вывод, вытекающий из предыдущих, позволяет отнести дату основания Киева к 1300-м годам по древнему славянскому летоисчислению, положившему своё начало 7517 лет назад. Т.е. Киев был основан (заложен) примерно 6217 -6200 лет назад (с учётом времени, затраченного на переход от Карпат к Днепру).

В заключение хочу отметить, что новая наука ДНК-генеалогия, активно развиваясь и прогрессируя быстрыми темпами, столбит всё новые и новые вехи в истории развития человечества, позволяющие выдвигать гипотезы в тех местах истории, которые ранее считались исчерпавшими себя до дна. Это касается и таких наук как археология и лингвистика. Не всю информацию удалось вычерпать и со славянских вед, поэтому тема эта «Как сочетается информация с славянских вед с последними изысканиями в области ДНК-генеалогии?» будет иметь своё продолжение.

Литература

Відейко М. Ю. Черняков І Трипільська цивілізація у спадщині України. Київ, 2007

Відейко М. Ю. Трипільська цивілізація. Київ, 2008

Древняя Русь в свете зарубежных источников. Ред. Мельниковой Е.А., М., 2000

История греческой литературы. т.2. М., 1955.

Клёсов А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, No. 3, Август 2008

Клёсов А.А. Откуда появились славяне и «индоевропейцы» и где их прародина? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, No. 4, Сентябрь 2008

Ковпаненко Г. Т., Рычков Н. А. Курганы эпохи бронзы на юге Киевщины. Археологія, № 1 2004.

Липатов А.Т., Прикосновение к тайне. Преданья старины глубокой. Йошкар –Ола. 2006.

Максименко Г.З. Велесова книга. Веды об укладе жизни и истоке веры славян, НОУ «Академия управления», М., 2008 .

Рожанский И., Клёсов А., Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник РА ДНК-генеалогии, т.2 №6, ноябрь 2009

Телегин Д. Я., Нечитайло А. Л., Потехина И. Д., Панченко Ю. В. Среднестоговская и новоданиловская культуры Азово-Черноморского региона: Археолого-антропологический анализ материалов и каталог памятников. УкрОПИК- Библиогр. Национальная Академия наук Украины №014480

Чайлд Г. Арийцы. Основатели европейской цивилизации. М., Центрполиграф 2005.

Шахматов А.А., Разыскания о русских летописях, академический проект, Шахматов А.А. 1908,1938, Кучково поле 2001.

О предположительном сходстве китайских и монгольских гаплотипов гаплогрупп О и С3 с казахскими

(Ответ на комментарии к рецензии С. Каржавина в Вестнике, №6, 2009).

Жаксылык Сабитов
babasan@yandex.ru

Как известно, любая модель с той или иной степенью достоверности моделирует реальную ситуацию, и проверяется при наличии данных у входа и выхода. По модели (Каржавин, 2009), если у казахов распространен определенный гаплотип, то этот гаплотип (при той же гаплогруппе) должен быть в наличии и у китайцев, и у монголов (южных и халха). Поскольку с периода предположительного воздействия монгольской популяции на казахов через джунгар по историческим меркам прошло не так уж много времени, то и гаплотипы казахов и монголов, носителей гаплогруппы О3 и ее субкладов, должны отличаться не более чем на два шага мутации на 12 маркерных гаплотипах. Это потому, что две мутации соответствуют суммарной дистанции в 2500 лет (суммарной – это от одной популяции до общего предка и зеркально-симметрично до другой популяции), и потому их общий предок при условии эквидистанционности должен жить примерно 1250 лет назад, то есть не ранее, чем в 8-м веке нашей эры. На более близких временах средняя разница в мутациях в 12-маркерном гаплотипе уменьшается до одной и в итоге исчезает.

Рассмотрев гаплотипы китайских монголов (91 вариант гаплотипов у 96 человек) из статьи (Zhu et al, 2005), мы не выявили ни одного гаплотипа, который был идентичен казахским гаплотипам гаплогруппы О3. Единственный близкий гаплотип (под номером 46) отличается на 3 шага на 11 маркерах (DYS 19, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 385a, 385b, 438, 439) от модального гаплотипа найман (МГН) из казахского ДНК-проекта. (www.elim.kz). МГН имеют три из пяти найманов, двое других имеют 28 и 30 в маркере DYS 389-2 соответственно.

МГН 15, 12, 29, 23, 10, 13, 12, 13, 18, 10, 12.

Н46 15, 12, 28, 23, 10, 13, 12, 13, 19, 10, 11.

Для трех оставшихся гаплотипов (жаппас, кипчак и один казах, не знающий рода), родственных гаплотипов (максимум 2 шага мутации на 11 маркерах) выявить не удалось. Т.е. если бы модель правильно описывала вклад монголов и китайцев 18 века в этногенез казахов, то среди монголов как минимум должен быть один гаплотип, идентичный МГН. Этого мы не видим. Минимум три шага мутации на 11 маркерах – в среднем – никак не могут быть приобретены в последние 300 лет.

Чтобы дополнительно проверить модель, возьмем другие гаплотипы монголов гаплогруппы О из других публикаций. Например, 8 монголов из публикации (Hong, 2006), с гаплотипами в формате DYS 388, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 19:

Казахи

1. МГН	12, 12, 29, 23, 10, 13, 12, 15
2. АА	12, 12, 27, 25, 10, 13, 12, 15
3. Жаппас	12, 12, 28, 24, 10, 13, 13, 17
4. Кипчак	10, 13, 29, 24, 10, 14, 13, 14

Монголы

О3а3с2

1	12, 14, 28, 23, 10, 12, 12, 13
5	12, 16, 30, 23, 10, 11, 14, 13

О3а

2	13, 15, 29, 25, 10, 11, 13, 14
4	10, 15, 29, 23, 10, 14, 12, 13
6	12, 15, 29, 22, 10, 9, 14, 13
8	12, 14, 24, 26, 10, 13, 13, 15

О3а5а2 (старая номенклатура)

3	12, 15, 29, 23, 10, 11, 14, 13
7	10, 15, 29, 25, 10, 14, 12, 14

Мы здесь видим, что никаких близких казахским гаплотипов гаплогруппы О у монголов нет.

Наконец, рассмотрим гаплотипы из публикации (Xue et al, 2006). Формат записи: DYS 388, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 425, 426, 434, 435, 436, 437, 438, 439. Ниже ОМ - это монголы внешней Монголии, а ИМ -это монголы внутренней Монголии.

Казахи:

1. МҒН 12, 12, 29, 23, 10, 13, 12, 12, 11, x, x, 12, 15/16, 10, 12
2. АА 12, 12, 27, 25, 10, 13, 12, x, 11, x, x, x, x, 12
3. Жаппас 12, 12, 28, 24, 10, 13, 13, 12, 11, x, x, 12, 14, 10, 12
4. Кипчак 10, 13, 29, 24, 10, 14, 13, 12, 11, x, x, 12, 16, 11, 12

Монголы:

О2

1. IM16 14, 13, 32, 24, 10, 14, 14, 11, 11, 9, 11, 12, 14, 10, 13
2. OM33 12, 13, 29, 24, 10, 13, 14, 12, 11, 9, 12, 12, 14, 10, 11

О3

1. IM3 12, 14, 30, 25, 10, 13, 13, 11, 11, 9, 12, 12, 15, 11, 12
2. IM15 12, 12, 30, 25, 10, 13, 12, 11, 11, 9, 11, 12, 15, 12, 11
3. IM43 12, 14, 31, 25, 11, 13, 12, 11, 11, 9, 11, 12, 15, 10, 12
4. OM39 12, 14, 31, 24, 10, 13, 12, 12, 11, 9, 11, 12, 15, 10, 12
5. OM43 12, 12, 28, 24, 10, 13, 12, 12, 11, 8, 11, 12, 15, 10, 12

О3а3а

1. IM24 12, 12, 28, 25, 10, 11, 13, 12, 11, 9, 11, 12, 14, 10, 10
2. IM27 12, 14, 32, 25, 10, 14, 12, 11, 11, 9, 11, 12, 15, 10, 10
3. OM23 12, 13, 29, 23, 10, 14, 12, 12, 11, 9, 12, 13, 14, 10, 12

О3а3с

1. IM4 12, 12, 30, 23, 10, 12, 12, 12, 11, 9, 12, 12, 14, 10, 11
2. IM22 12, 12, 29, 23, 10, 14, 14, 12, 11, 9, 11, 12, 14, 10, 11
3. IM40 13, 12, 28, 23, 11, 12, 12, 12, 11, 9, 11, 12, 15, 10, 13
4. OM31 12, 13, 28, 22, 10, 12, 12, 12, 11, 9, 11, 12, 15, 10, 12

О3а3с1

1. IM9 10, 12, 27, 24, 10, 14, 12, 12, 11, 9, 11, 12, 15, 11, 11
2. IM18 10, 12, 27, 24, 10, 11, 14, 12, 11, 9, 11, 12, 15, 11, 12
3. IM23 10, 12, 27, 24, 10, 14, 12, 12, 11, 9, 11, 12, 15, 12, 13
4. IM25 10, 12, 29, 24, 10, 13, 12, 12, 11, 9, 11, 12, 15, 11, 10
5. IM33 12, 14, 30, 25, 10, 15, 12, 12, 11, 10, 11, 12, 15, 11, 12
6. OM10 10, 12, 28, 24, 10, 14, 12, 12, 11, 9, 11, 12, 14, 11, 12
7. OM17 10, 13, 27, 23, 10, 14, 12, 12, 11, 9, 11, 12, 15, 11, 12
8. OM36 10, 12, 28, 25, 11, 14, 12, 12, 11, 9, 10, 12, 15, 11, 12

Сравнивая гаплотипы казахов и монгол можно заметить:

1. Отличие гаплотипа OM43 от МГН на 2 шага по 13 маркерам.
2. Отличие гаплотипа OM33 от гаплотипа Жапшаса на 3 шага по 13 маркерам.
3. Остальные гаплотипы монгол отличаются на 4 и более шагов на 13 маркерах.

Из этого следует, что OM43 мог иметь общего предка с казахскими найманами в прошлом, но вряд ли это произошло 300 или менее лет назад, как считал автор модели (С. Каржавин).

Классическая генеалогия и ее противоречия с обсуждаемой моделью

5 найманов, относящихся к трем под родам (Караулжасык, Каракерей, Матай) имеют близкие гаплотипы, указанные выше. Согласно документальной генеалогии, прародителем казахских найман был Бельгибай (он же Укреш). (Найманы. т.3. с.63, 70).

Генеалогия найманов выглядит следующих образом:

- 1.0. Бельгибай-Укреш
 - 1.1. Толегетай
 - 1.1.1 Каракерей (2 человека)
 - 1.1.2. Матай (1 человек)
 - 1.2. Суенши
 - 1.2.1. Отеген
 - 1.2.1.1. Асан
 - 1.2.1.1.1. Караулжасык (2 человека)

Судя по количеству поколений и историческим хроникам (при Абулхаире узбекском укреш-найманы уже существовали), Бельгибай-Укреш жил около 14-го века. На основании того, что три ветви его потомков имеют одинаковый гаплотип (у троих на 12 маркерах гаплотип одинаков, двое отстоят на один шаг от модального гаплотипа), мы можем предположить, что этот гаплотип был гаплотипом Бельгибай-Укреша. Вероятность того, что мужчины-победители из джунгарского народа передали трем независимым линиям найман идентичный гаплотип, крайне мала. В таком случае мы видели бы три различных гаплотипа, а возможно, и три различных гаплогруппы. То, что у всех пяти человек сохранился один гаплотип, говорит о том, что этот гаплотип был гаплотипом их предка, а не был импортирован из Китая через монголов и джунгар.

В дополнение к этому мы рассмотрели 8 гаплотипов гаплогруппы O со стороны казахов (из 55 в базе данных www.elim.kz) и 41 гаплотип монголов

(из 214 гаплотипов монголов из трех опубликованных в литературе статей) в отношении предполагаемого близкого (300-летнего) родства, и обнаружили то, что у казахов и монголов нет таких гаплотипов. Следовательно, модель, которая предполагала бы воздействие китайского генофонда через монголов и джунгар на казахов, показывает, что следов этого воздействия у казахов и монголов не наблюдается. Следовательно, здесь возможны два варианта:

1. Мы еще не обнаружили этих следов (например, слишком малая выборка среди казахов)
2. Модель не верна.

Мы склоняемся ко второй версии. Конечно, при появлении новых гаплотипов монголов и казахов, принадлежащих к гаплогруппе О, можно перепроверить модель, но, по мнению автора, она вряд ли подтвердится.

В отношении позднего распространения С3, по мнению автора модели (С. Каржавин), надо отметить, здесь проверить модель сложнее, так как близкие гаплотипы гаплогруппы С3 наличествуют в обеих популяциях. Однако тот факт, что модель не сработала на гаплотипах гаплогруппы О (см. выше), заставляет относиться скептически к ее возможностям и в отношении гаплогруппы С3. Будущие проверки покажут действительные границы применимости обсуждаемой модели.

Литература

Каржавин, С.П. (2009) Роль калмыков в формировании генетического портрета казахского этноса. Опыт имитационного моделирования исторического развития популяций. Вестник Российской академии ДНК-генеалогии, 2009, №4, с. 670-746.

1. Zhu B., Li X., Wang Z., Wu H., He Y., Zhao J., Liu Y. (2005), Y-STRs haplotypes of Chinese Mongol ethnic group using Y-PLEX 12. Forensic Sci Int 153(2-3), 260-263.

2. Xue Y., Zerjal T., Bao W., Zhu S., Shu Q., Xu J., Du R., Fu S., Li P., Hurles ME., Yang H., Tyler Smith C. (2006) Male demography in East Asia: a north-south contrast in human population expansion times. Genetics 172(4), 2431-2439.

3. Hong Shi, Yong-li Dong, Bo Wen, Chun-Jie Xiao, Peter A. Underhill, Pei-dong Shen, Ranajit Chakraborty, Li Jin, and Bing Su (2005) Y-Chromosome evidence of Southern origin of the East Asian - specific haplogroup O3-M122. Am. J. Human

Genetics, 77, No. 3, 408-419.

4. Найманы. Том. 3. Алматы. 2008.

5. База данных www.elim.kz

Понятия и определения ДНК-генеалогии

А. А. Клёсов

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

ДНК, дезоксирибонуклеиновая кислота, сохраняет и реализует генетическую программу развития и функционирования организма человека (в контексте настоящего рассмотрения). Находится в ядре клетки в составе 46 хромосом, одна из которых, самая маленькая по размеру – мужская половая хромосома, или Y-хромосома. В ней содержится примерно 50 миллионов нуклеотидов, повторяющихся структурных единиц ДНК – аденина, гуанина, тимина и цитозина. Все 46 хромосом в совокупности состоят из трёх миллиардов нуклеотидов, и в их составе примерно 30 тысяч генов, в среднем по 652 гена на хромосому. В Y-хромосоме всего 27 генов, остальная часть – некодирующая, «никчёмная», как её часто называют. В ней находится много повторов нуклеотидных цепочек, часть которых генетики и выбрали в качестве гаплотипов для ДНК-генеалогии. Копирование, или репликацию ДНК выполняет ДНК-зависимая ДНК-полимераза (в составе большого комплекса, реплисомы), которая иногда допускает ошибки, называемые *мутациями*.

Y-ХРОМОСОМА, мужская половая хромосома (см. ДНК).

МАРКЕР, или локус, сегмент, участок Y-хромосомы (в контексте данного рассмотрения), выбранный для определения числа повторов нуклеотидов для целей ДНК-генеалогии. Число повторов нуклеотидов в локусе называют «аллель». Маркеры нумеруют и присваивают им индексы, например, *DYS19*, то есть «DNA Y Segment, локус номер 19». В этом конкретном локусе повторяется четвёрка (квадруплет) ТАГА, то есть тимин-аденин-гуанин-аденин, причём повторяется у разных людей от 11 до 19 раз подряд. Число повторов – индивидуальная характеристика человека, и при увеличении числа маркеров эта характеристика становится всё более индивидуальной. В ранних научных исследованиях типировали (то есть определяли последовательности) от 5 до 9 маркеров, в современных – от 10 до 22 маркеров, в коммерческих работах обычно типировуют от 12 до 67 маркеров (стандартные варианты – 12, 17, 25, 37, 43 и 67 маркеров).

АЛЛЕЛЬ, число тандемных повторов определенных блоков нуклеотидов в маркерах (см. Гаплотип).

ГАПЛОТИП, совокупность аллелей, то есть наборов повторов в локусах, или маркерах. Гаплотип записывается в виде набора чисел, которые и отражают число аллелей в каждом маркере. Например, типичный гаплотип среди славян Русской равнины в 12-маркерном формате (формате FTDNA)

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

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

(здесь поставлено тире между первой и второй панелью маркеров, точнее – аллелей),

в 37-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 – 11 11 19
23 16 16 18 19 34 39 13 11

в 67-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 – 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

ФОРМАТ FTDNA – форма записи гаплотипов, принятая компанией Family Tree DNA (США). Порядок маркеров в 12-, 25-, 37- и 67-маркерных гаплотипах следующий (в верхней строке – порядковый номер маркера, в нижней – номер маркера, или локуса DYS):

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
393	390	19	391	385a	385b	426	388	439	389-1

11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
392	389-2	458	459a	459b	455	454	447	437	448

21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
449	464a	464b	464c	464d	460	GATA H4	YCA IIa	YCA IIb	456

31	32	33	34	35	36	37	38	39	40
607	576	570	CDY _a	CDY _b	442	438	531	578	395S1 _a

41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
395S1 _b	590	537	641	472	406S1	511	425	413 _a	413 _b

51	52	53	54	55	56	57	58	59	60
557	594	436	490	534	450	444	481	520	446

61	62	63	64	65	66	67
617	568	487	572	640	492	565

ДЕРЕВО ГАПЛОТИПОВ, серия гаплотипов, рассортированная с помощью специальной компьютерной программы и представленная в виде круговой или линейной диаграммы. Эта диаграмма группирует гаплотипы по динамике их мутаций во всех маркерах, и таким образом представляет дерево в виде совокупности ветвей гаплотипов, соответствующих их предполагаемым ДНК-генеалогическим линиям. Например, среди гаплотипов гаплогруппы R1a1 встречаются гаплотипы с «типовой» мутацией, в которой маркер DYS388=12 заменён на DYS=10. Это отдельная (и древняя) ДНК-генеалогическая линия, потому что и многие остальные мутации более присущи этой линии «10», по сравнениям с мутациями для линии «12». Действительно, на дереве гаплотипов линия «10» выделяется в отдельную, которую следует анализировать отдельно. В большинстве статей в данном Вестнике деревья гаплотипов строятся с помощью программы PHYLIP (Felsenstein, 2005), подробное объяснение дается в работе (Klyosov, 2009).

ГАПЛОГРУППА, совокупность гаплотипов, объединённая «групповой» необратимой мутацией, присущей определённому человеческому роду, то есть потомков одного «патриарха», как правило, тысячелетия назад. Эти мутации («снипы») выбирают по определённым критериям. Гаплогруппой также называют сам род в таких выражениях, как «гаплогруппа мигрировала шесть тысяч лет назад на восток», понимая, естественно, что мигрировали носители данной гаплогруппы. В настоящее время классификация включает 20 основных гаплогрупп, от А до Т в алфавитном порядке, и сотни «нисходящих» гаплогрупп и субкладов. Индекс гаплогруппы с надстрочным * (например, I*) показывает, что «нисходящих» мутаций у их носителей в классификации нет. Это – прямые потомки данной гаплогруппы или субклада.

СУБКЛАД, подчинённая, «нижестоящая» гаплогруппа, ДНК-генеалогическая ветвь в пределах той же гаплогруппы, все члены которой имеют не только мутацию основной гаплогруппы, но и дополнительную мутацию, общую только для данной ветви. Например, гаплогруппа R имеет «подчинённые», или «дочерние» гаплогруппы R1 и R2; R1, в свою очередь, имеет R1a и R1b и так далее. R1b в настоящее время (2009 год) имеет 35 «официальных» субкладов, утвержденных Международным обществом генетической генеалогии.

МУТАЦИЯ, в ДНК-генеалогии ошибка при копировании последовательности Y-хромосомальной ДНК, в результате которой (ошибки) или меняется число аллелей в определённом локусе (STR мутации, от Short Tandem Repeats), или происходит модификация гаплогруппы (SNP мутации, от Single Nucleotide Polymorphism).

МУТАЦИЯ В ГАПЛОТИПЕ, ТАНДЕМНАЯ МУТАЦИЯ, изменение числа аллелей в маркере. Происходит в среднем примерно раз в 500 поколений, хотя для каждого маркера своя скорость мутаций, которая для первых 37 маркеров варьируется от одного раза в 1100 поколений (примерно 28 тысяч лет) до одного раза в 28 поколений (примерно 700 лет).

СРЕДНЕЕ ЧИСЛО МУТАЦИЙ НА МАРКЕР, важнейшая величина в ДНК-генеалогии, она напрямую связана с гаплотипом прямого предка, от значения аллелей которого и отсчитываются мутации. В серии гаплотипов современников, потомков одного общего предка (то есть принадлежащих одной ДНК-генеалогической линии) насчитывается определённое суммарное количество мутаций. Чем больше прошло времени от общего предка серии гаплотипов (популяции), тем больше суммарное количество мутаций в рассматриваемой серии гаплотипов. Таким образом, отношение этого суммарного количества мутаций во всех маркерах (от всех аллелей) к общему числу маркеров есть мера того, как давно жил общий предок. Это есть базовое положение ДНК-генеалогии. Это отношение можно откалибровать в поколениях или годах по абсолютной шкале времени при наличии хронологических «реперных точек».

Например, в серии из 110 25-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 на постсоветском пространстве (в основном тестированы этнические русские и украинцы) имеется 804 мутации, то есть среднее число мутаций на маркер составляет $804/110/25 = 0.292$. Для сравнения, среднее число мутаций у индийцев той же гаплогруппы R1a1 (то есть того же рода) равно $191/30/25 = 0.255$. Из этого уже следует, что общий предок рассматриваемой популяции индийцев жил позже, чем общий предок рассматриваемой популяции славян. Ещё пример – среднее число мутаций для западно- и

центральноевропейских гаплотипов гаплогруппы R1b1b2 равно $1340/197/25 = 0.272$, то есть общий предок славян, живущих в настоящее время на постсоветском пространстве, заметно древнее, чем общий предок современных западноевропейцев указанной гаплогруппы (наиболее распространенной в Европе).

ОБЩАЯ ОТНОСИТЕЛЬНАЯ ПОГРЕШНОСТЬ, важная величина, указывающая на доверительный интервал, или надежность определения среднего числа мутаций на маркер (см. выше) или рассчитываемого времени жизни общего предка рассматриваемой популяции. Для среднего числа мутаций на маркер упрощённая величина погрешности при 95%-ном доверительном интервале равна обратной величине квадратного корня из общего числа мутаций в выборке (здесь пренебрегается симметричностью мутаций в гаплотипах, учёт которой часто требует лишь несущественной поправки). Например, для трёх примеров выше погрешности средних величин числа мутаций на маркер равны 3,53% (для 110 гаплотипов славян), 7,24% (для 30 гаплотипов индийцев) и 2,73% (для 197 гаплотипов западноевропейцев), и сами величины равны 0.292 ± 0.010 , 0.255 ± 0.018 и 0.272 ± 0.007 мутаций на маркер, соответственно, при 95%-ном доверительном интервале. Для 5%-ной погрешности в определении средних скоростей мутации общая относительная погрешность (одна сигма) для рассматриваемых случаев равна $\sqrt{3.53^2 + 5^2} = 6.1\%$, $\sqrt{7.24^2 + 5^2} = 8.8\%$ и $\sqrt{2.73^2 + 5^2} = 5.7\%$.

Часто берут удвоенную величину погрешности для средней скорости мутации, то есть величину «два сигма», чтобы получить погрешности при 95%-ном доверительном интервале. Для примеров выше это дает $\sqrt{3.53^2 + 10^2} = 10.6\%$, $\sqrt{7.24^2 + 10^2} = 12.35\%$ и $\sqrt{2.73^2 + 10^2} = 10.4\%$. Применяя величину средней скорости мутации для 25-маркерных гаплотипов, равную 0.00183 (см. ниже) и вводя поправку на возвратные мутации, получим для трёх рассматриваемых случаев 4725 ± 500 , 4050 ± 500 и 4375 ± 450 лет до общих предков соответствующих популяций восточных славян (R1a1), индийцев (R1a1) и западноевропейцев (R1b1b2). Это означает, что общие предки указанных популяций жили в пределах данных временных интервалов с вероятностью 95%.

СНИП, «гаплогруппо-образующая мутация», от английского сокращения SNP (Single Nucleotide Polymorphism), практически необратима, происходит, как правило, на одном нуклеотиде, превращая один нуклеотид в другой. Это приводит к появлению своеобразной «метки», которая практически навсегда наследуется потомками. Именно поэтому каждый род (в понятиях ДНК-генеалогии) носит характерную метку и может быть

надёжно и количественно отличим один от другого. Снимы обозначают индексами, например, M17 (это – «входная» мутация гаплогруппы R1a1), P25 («входная» мутация в гаплогруппу R1b1), L21, то же самое S145 (мутация, определяющая субклад R1b1b2a1a2f) и так далее. Первая буква снипа показывает, в каком научном коллективе снип идентифицирован:

- **M**, лаборатория под руководством Peter Underhill, Stanford University (США);
- **P**, лаборатория, руководимая Michael Hammer, University of Arizona (США);
- **S**, лаборатория, руководимая James F. Wilson, Edinburgh University (Шотландия);
- **L**, исследовательский центр под названием Family Tree DNA's Genomics Research Center под руководством Thomas Krahn (США).
- **U**, университет центральной Флориды (Lynn M. Sims и Jack Ballantyne) и университет Gonzaga (Dennis Garvey);
- **V**, университет La Sapienza, Rosaria Scozzari and Fulvio Cruciani (Рим, Италия);
- **N**, лаборатория биоинформатики, Институт биофизики КАН, Пекин (Китай).

СКОРОСТЬ МУТАЦИИ, средняя частота изменения числа повторов в локусе, или маркере, обычно измеряется в числе мутаций на поколение. Средняя скорость мутаций составляет 0.00183 на маркер на поколение для первых 12-ти и первых 25-ти маркеров в стандартном формате гаплотипов (см. выше). Для первых 37-и маркеров средняя скорость мутаций составляет 0.00243 на маркер на поколение, для первых 67-ти маркеров – 0.00216 на маркер на поколение. В неопределённых ситуациях часто принимается в виде «канонической» величины 0.002 мутаций на маркер на поколение.

СРЕДНЯЯ СКОРОСТЬ МУТАЦИИ НА ГАПЛОТИП, для первых 6-ти маркеров в «научном формате», DYS19, 388, 390, 391, 393, 393 – 0.088 мутаций на гаплотип на поколение, для первых 12-ти маркеров (первая панель маркеров в формате FTDNA) – 0.022 мутации на гаплотип на поколение, для первых 25-ти маркеров – 0.046 мутаций на гаплотип на поколение, для первых 37-ти маркеров – 0.09 мутаций на гаплотип на поколение, для 67-ми маркеров – 0.145 мутаций на гаплотип на поколение. Отсюда сразу можно заключить, что если два 67-маркерных гаплотипа отличаются, например, на 6 мутаций, то они разошлись от общего предка, который жил $6/2/0.145 = 21$ поколение назад, или 525 лет назад. Однако для таких расчётов надо знать, что оба гаплотипа относятся к одной гаплогруппе, и понимать, что для двух гаплотипов и столь немногих мутаций подобные расчёты могут быть только оценочными. Например, в

данном конкретном случае оценка равна 525 ± 220 лет с 95%-ной надёжностью.

«БУТЫЛОЧНОЕ ГОРЛЫШКО» ПОПУЛЯЦИИ, резкое или медленное сокращение популяции до критического, после чего популяция либо выживает, либо терминируется. Причинами «бутылочного горлышка» могут быть события, катастрофические в отношении популяции (природные катаклизмы, эпидемии, войны), либо медленное вымирание популяции. Обычно выжившая популяция «обнуляет» набор своих мутаций в гаплотипах до гаплотипа выжившего члена популяции, и он становится «общим предком» для потомков. Исследования показывают, что многие популяции в прошлом имели пульсирующий характер и многие популяции терминировались, не проходя «бутылочное горлышко». Многие древние популяции остались во «фрагментах», в серии относительно недавних популяций, «кластеров», которые очень значительно отличаются друг от друга по гаплотипам, оставаясь внутри одной и той же гаплогруппы. Примеры – гаплотипы американских индейцев, африканские гаплотипы, гаплотипы Русской равнины, ряд европейских гаплотипов.

ОБЩИЙ ПРЕДОК ПОПУЛЯЦИИ, предполагаемый носитель «базового», или «предкового» гаплотипа. Время жизни общего предка популяции вычисляется по совокупности гаплотипов его потомков, принимая во внимание число мутаций, накопившееся в популяции, нормированное на гаплотип или на маркер, и константу скорости мутации, или частоту мутации в расчёте на поколение. Расчёты времён жизни общих предков популяций позволяют делать предположения о времени и направлениях миграций популяций в древности, о передвижениях популяций. Поскольку, передвигаясь, популяции оставляли следы в виде материальных признаков, ресурсов, это позволяет проводить интерпретацию археологических данных в отношении носителей этих признаков, их принадлежности к определённым родам и племенам, связанных родственными взаимоотношениями. Аналогично, популяции, передвигаясь, приводили к перемещению языков, диалектов, и определение общих предков и времён их жизни даёт возможность проследить динамику языков в отношении соответствующих родов и племён, связанных родственными взаимоотношениями.

Общие принципы ДНК-генеалогии

(новая редакция)

А.А. Клёсов

Введение

В данной статье речь пойдет о роли, которую ДНК-генеалогия может играть в понимании происхождения, динамики и миграции человеческих родов, племен, генеалогических линий, а также языков человечества – в пространстве и во времени. В отличие от антропологии, истории, археологии, которые оперируют памятниками прошлого, ДНК-генеалогия имеет дело с молекулами, извлекаемыми из нашего организма. Путем серии нехитрых физико-химических операций, доступных грамотному технику-лаборанту, и почти полностью автоматизированных, исследователь получает сведения о мутациях, накопившихся в определенных участках ДНК, и может сравнивать характер (рисунок) этих мутаций у конкретных людей или их коллективов, популяций, этнических групп, народов. Это позволяет получать сведения о передвижениях предков современных (и ископаемых) носителей анализируемых молекул ДНК, опять же в пространстве и во времени, вплоть до времен 50-80 тысяч лет назад и на любой территории. На самом деле, вплоть до любых времен жизни предков человека, до сотен тысяч и миллионов лет назад, но наука на таких временах пока имеет слишком малую базу.

Помимо того, любая человеческая популяция в определенные моменты времени проходила то, что генетики называют «бутылочным горлышком» популяции. Это означает, что популяция, будь то род, племя, или просто группа родственников, сокращается в размере настолько, что или прекращает свое существование, генеалогическая линия прерывается (не прошли «бутылочное горлышко»), или сокращается до нескольких, или буквально до одного человека, потомство которого в итоге выживает и увеличивается в числе. В таких случаях этот человек и оказывается «общим предком» выжившей популяции. Методы расчета времени жизни общего предка данной, выжившей популяции ведут именно к тому человеку, картина мутаций в ДНК его потомков сводится именно к нему, потому что «разбег» мутаций в ДНК потомков отсчитывается именно этого, выжившего предка. Он становится, в рамках понятий ДНК-генеалогии, общим предком данной популяции.

«Буквально до одного человека» здесь – это в понятия ДНК-генеалогии, то есть скорее «до одного гаплотипа». Людей, оставшихся в данной популяции, могло быть несколько, это могли быть отец и сын, или братья, группа родственников, у которых и гаплотип мог и не различаться, или различаться несколькими мутациями, но в итоге выжил только один гаплотип, и именно от него пошел «разбег мутаций» у потомков.

Методы ДНК-генеалогии позволяют узнать, когда жил общий предок, и значит – когда имело место «бутылочное горлышко» популяции на абсолютной шкале времени. При этом при наличии умеренной статистики, а именно при рассмотрении всего нескольких десятков или (лучше) сотен образцов ДНК потомков, можно идентифицировать времена жизни общих предков с точностью до 10% при 95%-ной достоверности полученных абсолютных значений времени. Иначе говоря, если общий предок данной популяции жил 5000 лет назад, то при наличии (путем тестирования) сотни «гаплотипов» (так называемых «25-маркерных гаплотипов»), то есть определенных фрагментов Y-хромосомы современников, потомков данного общего предка, время жизни общего предка определится с точностью 5000 ± 530 лет до настоящего времени. Это означает, что время жизни общего предка данной популяции попадает в указанный интервал времени, между 4470 и 5530 лет назад, с надежностью 95%.

Такая точность вызвана тем, что в сотне 25-маркерных гаплотипов (то есть когда в каждом гаплотипе имеется по 25 олигонуклеотидных маркеров, и каждый мутирует с определенной средней скоростью на протяжении этих тысяч лет), в распоряжении исследователя есть 2500 «экспериментальных точек», в которых на протяжении 5000 ± 530 лет произойдет, как исследователь знает, примерно 770 мутаций. Эта величина довольно жестко завязана на среднюю скорость мутаций, установленную и калиброванную. Если мутаций меньше, то общий предок жил более недавно, и опять можно вполне надежно установить, когда он жил. Например, при рассмотрении 750 19-маркерных гаплотипов жителей Пиренейского полуострова, род (гаплогруппа) R1b1b2, оказалось, что все они содержат 2796 мутаций от гаплотипа, равноудаленного от всех (это и есть предковый гаплотип, так как мутации происходят в большинстве совершенно неупорядоченно, со степенью симметрии 0.5 в любую сторону, «вверх» или «вниз» по значению аллелей). Это означает, что общий предок всех 750 человек жил 3625 ± 370 лет назад.

Можно вообще не обращать внимания на число мутаций, и просто посчитать, сколько среди этих 750 гаплотипов есть «равноудаленных», причем идентичных друг другу. Это и есть предковые гаплотипы, и их число задается законами химической кинетики, то есть физической химии.

Примерно такими же законами задается скорость радиоактивного распада, хотя после превращения стабильный изотоп не может стать обратно радиоактивным нуклидом, эти процессы необратимы. Мутация же может вернуться обратно, потому что мутации, как мы отмечали, полностью неупорядочены. Иначе говоря, мутированному гаплотипу все равно, в какую сторону мутировать в следующий раз, мутации обратимы. Это вносит усложнения в расчеты по сравнению с простыми процессами радиоактивного распада, но проблема с успехом решается.

Так вот, среди 750 гаплотипов (см. выше) 16 оказались предковыми. То есть за прошедшие 3625 ± 370 лет в полном соответствии с теорией вероятности 16 гаплотипов из 750 так и остались предковыми. Они не успели мутировать, они – «на хвосте» кривой вероятностного распределения мутаций. Если бы считать по законам радиоактивного распада (физико-химии говорят – по законам кинетики первого порядка), то из 750 гаплотипов 16 останутся неизменными за $\ln(750/16)/0.0285 = 135$ поколений, прошедших со времени жизни общего предка, то есть за 3375 лет (продолжительность поколения в 25 лет заложена в константу скорости мутации 0.0285 мутаций на гаплотип на поколение). Но при этом расчете, как мы отмечали, не учитывалась обратимость мутаций. Учет этой обратимости, опять в строгом соответствии с теорией вероятности, сдвигает число поколений со 135 до 156, то есть до 3900 лет до общего предка. Для введения подобных поправок есть детальные таблицы расчетов (Клёсов, 2008с; Klyosov, 2009a). Как мы видим, эта величина, 3900 лет, попадает в интервал 95%-ной надежности расчетов 3625 ± 370 лет до общего предка.

Очевидно, что считать мутации, или считать предковые гаплотипы (если от времени жизни общего предка прошло не так много лет) – не имеет большого значения или большой разницы. Величины получаются примерно те же самые, если расчет ведется правильно, и используются надежные константы скоростей мутации, подтвержденные экспериментально, то есть с учетом известных генеалогий или известных исторических событий. Эта работа проведена, и в недавней работе (Klyosov, 2009a) приведены значения констант скоростей мутаций для 28 типичных гаплотипов, применяемых в ДНК-генеалогии, от 5-маркерного до 67-маркерного. Приведенная ниже таблица расширена до 30 типичных гаплотипов.

Чтобы показать, насколько массивными бывают расчеты, насколько точными получаются данные, приведем еще один пример – выборку из 857 25-маркерных гаплотипов Англии, род I1 (определение рода дано ниже), то есть 21425 «экспериментальных точек» (Klyosov, 2009a). Эти гаплотипы содержали 4868 мутаций от предкового гаплотипа, который в ДНК-

генеалогии часто называют «базовым». Такое название принято потому, что во многих случаях нет полной уверенности, особенно с очень древними гаплотипами, что «равноудаленный» - это непременно предковый гаплотип. Это может быть хорошее приближение, но не более того. Назвать его «предковым» было бы натяжкой. Поэтому - «базовый». Так вот, такое число мутаций позволяет определять среднее число мутаций на маркер (а именно это среднее число фактически используется для расчета времени жизни общего предка) с точностью до 1-2% с 95%-ной надежностью. Это потому, что для несимметричных мутаций точность расчетов (среднеквадратичное отклонение) средней величины мутаций на маркер задается обратной величиной квадратного корня из числа мутаций, а для симметричных отличается лишь немногим (Адамов и Клёсов, 2008а; Klyosov, 2009а). Для 4868 мутаций это отклонение - с 95%-ной надежностью - составляет 1.43%. Но поскольку точность средних скоростей мутаций в гаплотипах принимается за 5%, то для 95%-ной надежности расчетов времени жизни общего предка предельной точностью может быть только плюс-минус 5%, то есть 10%-ный интервал. Поэтому для английских гаплотипов определено, что общий предок всех 857 человек в данной выборке жил 3425 ± 350 лет назад. Это - относительно недавнее время, относительно молодые европейские популяции. Хотя для некоторых европейских родов общие предки - по данным ДНК-генеалогии - жили 16-18 тысяч лет назад. Как будет показано ниже, для ряда азиатских родов общий предок рода жил 16-20 тысяч лет назад, для африканских родов - 28-37 тысяч лет назад.

Эти примеры здесь даются для того, чтобы читатель осознал, что ДНК-генеалогия - это не просто нарождающаяся наука с зыбким фундаментом, что характерно для новых областей наук. За последние несколько лет ДНК-генеалогия практически закончила формировать расчетный базис, платформу, и временные расчеты проводятся теперь с достаточной надежностью. Было экспериментально показано, с использованием геномов многих популяций людей, а также геномов шимпанзе, что мутации представляют собой действительно «молекулярные часы», скорость которых в ДНК неизменна на протяжении по меньшей мере последних двух миллионов лет (Sun et al, 2009). Было экспериментально показано на тысячах пар «отец-сын», что мутации в гаплотипах действительно равновероятны по «направлению», и тандемные, повторяющиеся блоки нуклеотидов, называемые в ДНК-генеалогии маркерами, могут укорачиваться или удлиняться на блок (то есть менять число аллелей) с одинаковой вероятностью. На этих системах было показано что «двойные» или более мутации в гаплотипах (маркерах) происходят редко, на уровне единиц процентов, и практически не влияют на получаемые расчеты времен до общих предков популяций, или серий гаплотипов.

Сложнее с географической привязкой, с выявлением того, где именно жил общий предок, так как время его жизни (то есть сколько поколений или лет назад он жил) о географии не говорит. Для выявления того, где, на каких территориях жили общие предки популяции, приходится привлекать независимые данные археологии, антропологии, лингвистики, понимая частую условность их сведений, поскольку о том, что те ископаемые предки действительно дожили в потомках до наших дней, приходится только гадать.

Именно потому союз антропологии, археологии, лингвистики с ДНК-генеалогией так важен. ДНК-генеалогия предоставляет в их распоряжение жесткую привязку в виде «метки» рода, определенную и однозначно определяемую мутацию в Y-хромосоме ДНК, мутацию под названием «снип» (SNP = Single Nucleotide Polymorphism), которая всегда сопровождает каждого члена рода. Эта мутация не ассимилируется в популяциях, как ассимилируются языки, культуры, религии, физические черты, антропологические показатели, эта мутация, снип, одна и та же в смешанных популяциях, она позволяет отличить члена рода через тысячи и десятки тысяч лет. Она позволяет проследить миграции родов и отдельных представителей рода, она позволяет понять, останки представителей каких родов находятся в археологических раскопах, и как археологические культуры связаны друг с другом – не только через материальные, культурообразующие носители, но и через людей, через конкретные рода, понять генезис, динамику археологических культур, добавить важнейшую компоненту к динамике человеческих популяций и их материальных носителей.

Определение снипа, то есть конкретной родовой принадлежности останков в Костенках и Сунгирях немедленно и надежно позволило бы определить, есть ли их потомки среди нас, среди современного человечества. Если снип окажется совершенно незнакомым, каких среди современных людей нет, то потомки этих культур, увы, не выжили. По крайней мере в мужском населении планеты. Но поскольку женщины имеют свои гаплогруппы и гаплотипы, в митохондриальных ДНК, то аналогичные тесты позволили бы однозначно установить, есть ли потомки женщин древних Костенок и Сунгирей среди женщин Земли в настоящее время. Можно выдвинуть и частично обосновать гипотезу, что потомки обитателей тех древних стоянок 45-50 тысяч лет назад действительно дожили до настоящего времени, но она, гипотеза, может быть верифицирована только путем анализа ДНК ископаемых останков. Технически это возможно секвенированием, то есть определением нуклеотидной последовательности фрагментов костной ДНК, глубоко упрятанных в костях и частично

пережившей тысячелетия, и (немногочисленные) примеры таких исследований и их результаты приведены в литературе. Эти исследования немногочисленны, фактически единичны, работа трудна и дорогостояща.

Следует еще раз подчеркнуть – ДНК-генеалогия наших современников «докапывается» только до бутылочных горлышек популяций, родов, племен, генеалогических линий, связывающих современников с их предками. «Бутылочное горлышко» - это далеко не обязательно результат мора, эпидемий, войн, природных катаклизмов в прошлом, хотя все эти факторы непременно имели место и оказали влияние на состав современных популяций. Трудно представить, насколько чума середины 14-го века, которая выкосила четверть европейцев, терминировала генеалогические линии, гаплотипы, и, возможно, целые гаплогруппы, рода. Много генеалогических линий начинаются именно в середине 14-го века. Это – выжившие люди, поведшие линию популяции опять сначала, ставшие «общими предками многочисленных групп наших современников.

Геноцид – худший враг ДНК-генеалогии, не говоря о всем человечестве. Сколько генеалогических линий прервала резня в Армении второго десятилетия прошлого века – об этом можно только догадываться. Да и любая война вносит необратимый вклад в уничтожение генетического «материала». Галльские войны Юлия Цезаря, по данным Плутарха, привели к гибели более миллиона жителей Центральной Европы, и еще миллион был угнан в рабство. Опять, можно только гадать, как это изменило ландшафт гаплотипов и гаплогрупп в Европе.

Но не только войны и эпидемии создают «бутылочные горлышки», но и переезд, переход, миграция носителя гаплогруппы и гаплотипа на новое место. Если миграция массовая, или даже нескольких человек, то они «переносят» мутации своего общего предка на новое место, и с точки зрения ДНК-генеалогии общий предок мигрантов как был тысячелетия назад, так и остался. Так, например, общий предок англичан в Англии и в США – один и тот же. Как и русских, восточных славян, например. Это вовсе не означает, что восточные славяне жили в Северной Америке 4800 лет назад, как на территории современной России. Тем не менее, подобные заключения – типичная ошибка ДНК-генеалогии. Исландия была заселена только в 9-м веке нашей эры, а общий предок исландцев практически по всем родам – тысячелетия назад, как и в континентальной Европе.

С другой стороны – общий предок гаплогруппы R1b1 по расчетам ДНК-генеалогии (по мутациям в гаплотипах) жил в Центральной (Средней) Азии 16 тысяч лет назад; на территории современной России, среди этнических русских – 6775 лет назад; на Ближнем Востоке (в частности, среди евреев, а

также в Ливане) 5200-5500 лет назад, в Северной Африке – 3875 лет назад, на Пиренеях – 3625 лет назад, в Ирландии – 3800-3400 лет назад. Вот такой шлейф дает обоснованное представление о временах и направлении миграций рода R1b1, более того – дает основания связать этот род с курганной культурой (точнее, серией культур, горизонтом). Более того, он показывает истоки этой культуры в Евразии, дает материал для интерпретаций в области языкознания. Показывает, что вряд ли гаплогруппа, род R1b1 может рассматриваться в качестве «прото-индоевропейского» в отношении языка, и отдает это место роду R1a1, который мигрировал на Русскую равнину из Европы и имеет общего предка на Русской равнине 4800 лет назад, то есть намного позже, чем «курганники» (R1b1). Носители гаплогруппы R1a1 продвинулись на восток, основали, среди прочих, андроновскую культуру (с ископаемыми R1a1 с датировкой 3800-3400 лет назад), с последующими тагарской и таштыкской культурами (ископаемые гаплогруппы практически исключительно R1a1), и примерно 3500 лет назад продвинулись в Индию, вся северная часть которой в настоящее время преимущественно R1a1. Вот и корни индоевропейской семьи языков, корни санскрита, свидетельства прибытия туда носителей гаплогруппы R1a1, преобладающей по доле гаплогруппы в современной России (в среднем 48% среди этнических русских, при второй по численности гаплогруппы только 15%, тоже, кстати, европейской гаплогруппы I2, которой много у сербов и болгар; в южной части России – Белгородская, Орловская области и прилегающие территории – доля гаплогруппы R1a1 доходит до 62%).

Кстати, эта «курганная» гаплогруппа (хотя курганная археологическая культура – всего эпизод в истории гаплогруппы) сейчас является наиболее распространенной в центральной и западной Европе и на Британских островах, достигая до 95% у ирландцев и до 93% у жителей Пиренейского полуострова.

Отсюда и новый термин – молекулярная история, то есть создание исторических реконструкций, исходя из молекулярных характеристик ДНК потомков, а порой и (ископаемых) предков. Поскольку далекие предки, передвигаясь, несли в новые края языки, то, прослеживая миграции предков, происходившие сотни, тысячи и десятки тысяч лет назад, можно получать сведения о миграции языков во времена столь глубокой древности. Сопоставление этих реконструкций с данными лингвистики, полученными принципиально другими методами, может позволить получать более обоснованные сведения в области языкознания, проверять существующие концепции и приходиться к новым, совершенно неожиданным концепциям и идеям.

Теперь дадим несколько определений, и уточним некоторые положения, приведенные выше. Потом перейдем к систематическому рассмотрению некоторых принципов и методов ДНК-генеалогии.

Мы будем здесь рассматривать ту область ДНК-генеалогии, которая оперирует картиной мутаций в Y-хромосоме, то есть мужской половой хромосоме. Женскую ДНК-генеалогия, основанную на мутациях в митохондриальной ДНК, мы здесь рассматривать не будем. Совокупность картин мутаций прилагается к популяциям, выбранным для рассмотрения. Здесь термин «популяция» относится к любой группе мужчин, ДНК которых была извлечена (из слюны или крови) и протестирована по определенной методике, результатом чего явился набор цифр, характерных для каждого субъекта данной популяции. Эти цифры можно сопоставить по аналогии с серией и номером паспорта человека. «Серия паспорта» – это род, к которому относится данный человек. Род – это совокупность людей, имеющих общего (для всех) прямого предка (рода). Все члены рода имеют характерную метку, то есть мутацию в ДНК, которую не имеют представители других родов. Эта мутация, как уже было отмечено, называется в ДНК-генеалогии «снип», и была дана расшифровка этого понятия. Эта мутация в каждом роду необратима, и передается из поколения в поколение, начиная со времени возникновения данной мутации, обычно тысячи или десятки тысяч лет назад. Таким образом, возраст родов исчисляется в тысячах, а то и в десятках тысяч лет. Возраст ДНК-генеалогических линий, ветвей рода, исчисляется порой всего в сотнях лет, опять же исходя из картины мутаций в ДНК тестируемых людей (Клёсов, 2008а; Klyosov, 2009 b,c).

В задачи данного рассмотрения не входит давать исчерпывающий обзор истории создания и развития ДНК-генеалогии, хотя для справедливости следует отметить, что ДНК-генеалогия вырастает из дисциплины под названием популяционная генетика, которая была заложена трудами многих специалистов. Приложение популяционной генетики к ДНК человека в 1990-х годах – заслуга в первую очередь таких имен (хотя в данном списке, безусловно, отражаются личные предпочтения авторов), как Cavalli-Sforza L.L., Feldman M.W., Goldstein D.B., Hammer M.F., Jobling M.A., Kayser M., de Knijff P., Nebel A., Nei M., Oppenheim A., Semino O, Stoneking M., Thomas M., Underhill P., Walsh B., Wells R.S., Л.А. Животовский, Т. М. Карафет, и многих других, которые здесь поместить просто невозможно (см., например, Cordaux et al, 2004; Goldstein et al., 1995; Hammer et al., 2000; Heyer et al., 1997; Jobling & Tyler-Smith, 1995; Karafet et al., 1999; Kayser et al., 2000; Nebel et al., 2000, 2001; Nei, 1995; Semino et al., 2000; Takezaki & Nei, 1996; Underhill et al., 2000; Walsh, 2001; Wells, 2001; Zhivotovsky & Feldman, 1995)

Трудами этих и десятков других исследователей были проведены тщательные отнесения снипов к принципиальным родам человечества и их подчиненным родам и отдельным генеалогическим линиям рода, имеющим свои мутационные метки в ДНК), называемым субкладами. Снипы тщательно идентифицируют и выбирают для классификации, так, чтобы рода (в терминах ДНК-генеалогии) были максимально четко дифференцированы. Всего на Земле насчитывают 20 родов (их именуют по буквам латинского алфавита, от А до Т), хотя снипов, применяемых в ДНК-генеалогии, известно уже несколько сотен. Они в большинстве своем и относятся к подчиненным родам, субкладам. Наиболее изучен так называемый «западноевропейский» род R1b1b2, в котором в свою очередь выделяют 35 субкладов, и число их с каждым годом растет (в 2008 году в нем насчитывали 22 субклада). Для сравнения, в «восточноевропейском» роде R1a1, к которому принадлежит в среднем 48% этнических русских, насчитывают всего восемь субкладов, из которых два пусты, то есть имеют скорее теоретический характер, в четырех насчитывают всего два десятка человек из более чем двух тысяч тестированных, и только в одном, субкладе R1a1a7, насчитывают около трехсот человек. Остальные – в «тупиковом» (пока) субкладе R1a1a* (Underhill et al, 2009).

Носителей одного и того же снипа относят к одной и той же гаплогруппе. Иначе говоря, гаплогруппа – это и есть род в понятиях ДНК-генеалогии.

Надо сказать, что есть по меньшей мере две причины, по которым в гаплогруппе R1a1 так мало субкладов. Первая – то, что примерно 4500 лет назад что-то произошло с гаплогруппой R1a1 в Европе, она практически «обнулилась», не прошла бутылочное горлышко популяции. Это мог быть некий грандиозный природный катаклизм, мор, эпидемии, или что-то, почти уничтожившее носителей гаплогруппы R1a1 в Европе, и, похоже, не только их. Выжили только перешедшие к тому времени на Русскую равнину, они и возродили популяцию R1a1, которая частью вернулась в Европу. Потому расселение гаплогруппы R1a1 резко падает от Восточной Европы к центральной Европе и далее к Атлантике. На большей части Британских островов доля R1a1 составляет 2-5%, а в России, Польше, Украине – в среднем до 50%, порой и до 70% по территориям. В среднем по Европейской части России доля R1a1 составляет 48%, падая от 70-80% за счет заметной доли N1с в северных районах. То, что R1a1 в Европе значительно более древняя, по оценкам не менее 10-12 тысяч лет, выявляется по одиночным современным гаплотипам случайно выживших древних ДНК-генеалогических линий (Рожанский и Клёсов, 2009).

Вторая причина – весьма прозаична. Основные центры исследований ДНК-генеалогии – на Западе, где значительно преобладают гаплогруппы R1b1 и

I1-I2, и где крайне мало R1a1. На первые и направлены усилия исследователей и финансирование. Выше уже было упомянуто, что в гаплогруппе R1b1b2 идентифицировано 35 субкладов, добавим, что в гаплогруппе I – 34 субклада. В гаплогруппе R1a1 – практически два, сама гаплогруппа и субклад R1a1a7*. Но в недавней статье (Рожанский и Клёсов, 2009) было показано наличие четырнадцати ДНК-генеалогических ветвей в гаплогруппе R1a1, две из которых относятся к тому самому, недавно идентифицированному субкладу R1a1a7*.

Число и расположение мутаций в выбранных для анализа участках ДНК, так называемых гаплотипах, можно сопоставить с «номером паспорта». Это – индивидуальная характеристика человека. Гаплотипы можно определять на коротких участках ДНК, можно на более протяженных участках, что увеличивает разрешение, информативность исследования. Длину участка ДНК, то есть протяженность гаплотипов, измеряют в числе маркеров. Маркер – это участок ДНК, специально охарактеризованный и «откалиброванный» числом нуклеотидов, которые образуют повторяющиеся, или «тандемные» последовательности. Наиболее распространенными при исследованиях являются гаплотипы в 12, 17, 25, 37 или 67 маркеров. Чем протяженнее гаплотип, чем больше в нем маркеров, тем он более уникален, более точно описывает «паспорт» человека. Вот как выглядят 12-маркерные гаплотипы всех четырех человек в редкой гаплогруппе R1a1a1, упомянутой выше как один из пяти субкладов в «восточноевропейском» роде R1a1a:

13-23-14-11-11-14-12-14-12-13-13-16
13-24-14-10-11-15-12-12-12-14-13-16
13-24-14-10-11-14-12-12-11-13-13-17
13-24-14-11-11-15-12-12-12-13-13-16

Этот род иногда называют «восточноевропейским», так как гаплогруппа R1a1, как отмечалось выше, наиболее распространена в Восточной Европе. Но в данном случае носители гаплогруппы R1a1a1 указали на своих наиболее ранних им известных предков (как правило, живших не ранее 19-го века) в Канаде, Шотландии, Ирландии, Испании. Вполне возможно, что их более далекие предки действительно были восточноевропейцами, например, обитателями Балкан. Может быть, жили и в других регионах Европы, мы этого пока не знаем. Приведенные выше четыре гаплотипа различаются между собой на 10 мутаций (считая только отклонения от преобладающих, «базовых», или «предковых» значений маркеров). Чем больше число отклонений (мутаций), тем раньше жил общий предок рассматриваемой группы людей.

Одна мутация в 12-маркерных гаплотипах происходит в среднем примерно в тысячу лет, точнее, раз в 1140 лет (Klyosov, 2009a), с точностью определения, зависящей от числа мутаций в гаплотипе. Чем больше мутаций, тем точнее определение средней частоты мутаций. 10 мутаций на четыре 12-маркерных гаплотипа, то есть на 48 маркеров – это в среднем 0.208 мутаций на маркер, что при расчетах дает 3200 ± 1100 лет до общего предка всех четырех человек данного рода R1a1a1. Расчеты обычно проводятся по формулам или по таблицам (Klyosov, 2009a; Клёсов, 2008с).

Более точно расчеты проводятся по 25-маркерным гаплотипам. Они определены всего для трех человек данной группы R1a1b (YSearch, май 2009):

13-23-14-11-11-14-12-14-12-13-13-16-18-9-10-11-11-24-15-19-29-15-16-16-19

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

13-24-14-10-11-14-12-12-11-13-13-17 -18-9- 9-11-11-25-15-19-31-15-15-17-18

Между всеми тремя гаплотипами – 19 мутаций. На все 75 маркеров это дает в среднем 0.253 мутации на маркер, что приводит к времени жизни общего предка для всех трех человек 4000 ± 1000 лет назад. В пределах ошибки эти величины перекрываются для 25- и 12-маркерных гаплотипов, и видно, что величины в принципе довольно близкие, причем вторая величина, рассчитанная для почти вдвое большего количества маркеров, должна быть точнее.

Для 37-маркерных гаплотипов имеем:

13-23-14-11-11-14-12-14-12-13-13-16-18-9-10-11-11-24-15-19-29-15-16-16-19-11-11-19-23-16-15-17-17-36-38-13-12

13-24-14-10-11-15-12-12-12-14-13-16-16- 9- 9-11-11-25-15-18-30-15-15-17-17-11-10-19-23-16-15-17-18-39-40-11-12

13-24-14-10-11-14-12-12-11-13-13-17 -18-9- 9-11-11-25-15-19-31-15-15-17-18-11-12-19-24-15-15-18-17-36-36-12-12

Это добавило еще 15 мутаций, доведя общее число до 34 мутаций на 111 маркеров, или в среднем 0.306 мутаций на маркер. Скорости мутаций для 37-маркерных гаплотипов на треть выше, чем для 12- и 25-маркерных гаплотипов, поэтому и мутаций больше. Расчеты дают, что общий предок трех человек данной гаплогруппы жил 3600 ± 700 лет назад. Как видно, 12-, 25- и 37-маркерные гаплотипы дают примерно один и тот же возраст общего предка, в пределах ошибки расчетов.

Естественно, для такого малого числа гаплотипов подобные расчеты обычно не делают, и здесь они приведены просто для иллюстрации принципа расчетов. Именно из-за малого числа гаплотипов и мутаций в них ошибка расчетов составила от 30 до 20%. Обычно для больших серий, порой в сотни, а то и тысячи гаплотипов (Klyosov, 2009a; 2009b; Адамов и Клёсов, 2009d) ошибки расчетов уменьшаются, приближаясь к 10%, как было описано выше, при 95%-ном доверительном интервале, и к 5% при 68%-ном доверительном интервале. Большей точности обычно не бывает, поскольку лимитирует уже точность определения скоростей мутаций.

Систематическое рассмотрение основ и принципов ДНК-генеалогии

Для начала определимся, что такое «род», поскольку будем часто пользоваться этим понятием. В контексте ДНК-генеалогии, да пожалуй и вообще – это группа людей, в которой каждый человек связан с общим предком прямой наследственной линией. Этот род может быть очень древним, или относительно - или совсем - недавний, и относиться к любому прямому предку. В этом смысле как вы, так и брат вашего отца, то есть ваш дядя, ведете род от вашего дедушки. Как правило, «ведете род» - это понятие коллективное, и объединяет вас, как уже было сказано, с определенным кругом родственников, связанных прямыми наследственными линиями с одним общим предком. Чем предок глубже по времени, тем шире круг этих современных родственников. Все они принадлежат одному роду, более того, все несут в своих ДНК мутацию их БЛИЖАЙШЕГО общего предка.

Итак, в ДНК-генеалогии эта принадлежность к одному роду идентифицируется по наличию у каждого члена рода характерного признака – определенной «метки» в ДНК. Причем не просто в ДНК, а в нерекомбинируемой части ДНК, которая не перетасовывается с материнской ДНК, но передается по наследству как есть. Это делает ее исключительно ценной для ДНК-генеалогии, потому что нерекомбинируемая часть ДНК – единственная, которая не смешивается с материнскими хромосомами. Эта нерекомбинируемая часть ДНК находится в Y-хромосоме, мужской половой хромосоме. Потому и не рекомбинируется с женской половой хромосомой, а передается мужчинам целиком и полностью от отца.

Таким образом, если говорить о любой относительно стабильной и многочисленной общности людей, которые идентифицируют себя как относящиеся к этой общности, то они подразделяются на несколько

доминирующих родовых групп. Однородными в этом смысле были бы только те общности, которые в течение тысяч и десятков тысяч лет жили бы в полной изоляции в пределах своего рода. Но так обычно не бывает.

В соответствии с этими понятиями любое вторжение – речь, естественно, о половых вторжениях – представителя другого рода, которое приводит к рождению мальчика, в свою очередь дающего мужское потомство, означает, что это потомство ведет наследственные нити уже к тому, другому роду. У этого потомства уже другой характерный рисунок в мужской хромосоме, другие молекулярные метки. Естественно, при таком вторжении приобретаются и гены отца, а с ними и масса других наследственных признаков, но гены по ходу поколений постепенно разбавляются другими, опять своего рода, «вымывая» генетику «чужака». А вот Y-хромосома не вымывается, остается той же. Точнее, почти той же, за исключением накопленных мутаций. Об этом речь ниже.

В итоге потомки часто и понятия не имеют, что они – прямые потомки другого рода. Язык, образ жизни, традиции, религия, даже характерные черты внешности, «возвращенные» генетическим вымыванием – все говорит о том, что никаких вторжений не было. Собственно, даже и мысли об этом обычно нет. И – самоидентификация со своим родом на месте, что обычно самое главное для сознания человека в этом отношении.

И только данные по «меткам» в Y-хромосоме могут показывать, что на самом деле прямые потомки в отдалении – близком или далеком – принадлежали вовсе другому роду.

Важно это знать или нет? Кому как. Многим совершенно не важно, и они по-своему правы. В конце концов, в жизни масса других приоритетов, чем интересоваться предками. Другим важно, иначе не было бы огромного количества людей, интересующихся генеалогией своих предков. А это фактически то же самое, только методология другая и другие диапазоны времени.

Видимо, важно это и третьим, которые применяют генеалогию как аргумент в политических спорах или даже физических действиях. И вот здесь сходятся непримиримые позиции, когда на кону или выживание и расцвет нации, или ее притеснение, вплоть до физического истребления, геноцида. И аргументы здесь тоже по сути дела генеалогические, в какой бы форме они ни выражались.

Как вынесено в заголовок, мы будем оперировать понятиями ДНК-генеалогии. Напомним основные положения этой новой дисциплины, поскольку материал нуждается в изложении понятийного аппарата.

Основные положения ДНК-генеалогии

Первое – к генетике наше повествование отношения не имеет (хотя в определенной части ДНК-генеалогии рассматривают и гены, но здесь этого не будет). ДНК – это не только гены. Гены вообще занимают только 1.9% последовательности ДНК. Остальные 98.1% – длинные участки, так называемые «никчемные». Генов там нет. Есть длинные последовательности нуклеотидов, которые детально копируются при передаче наследственной информации от отца к сыну. Мы специально пишем «от отца к сыну», потому что у нас речь пойдет только о «мужской» наследственной информации, передаваемой с мужской половой Y-хромосомой. У женщин её, этой хромосомы, нет.

«Никчемными» эти негенные последовательности ДНК назвали по незнанию, и это название уже уходит в прошлое. Оказалось, что эти последовательности хранят массу информации, и не только «генеалогического» характера. Более того, оказалось, что они, эти «никчемные» участки, содержат сотни, если не тысячи крошечных генов РНК, кодирующих так называемые микро-РНК, длиной всего пару десятков нуклеотидов каждый, и которые регулируют синтез белков. Но об этом – в другой раз.

А сейчас – о том, что эти негенные участки ДНК в мужской Y-хромосоме, одной из 23 хромосом, которые доставляются сперматозоидом в организм будущей матери, копируются от отца к сыну, поколение за поколением. Поскольку у матери такой хромосомы нет, то сын наследует ее только от отца. Остальные хромосомы сплетаются с материнской и образуют новую комбинированную молекулу ДНК, в которой хромосомы отца и матери перетасовываются. Перетасовываются все, кроме мужской Y-хромосомы.

Так и получается, что отец передает сыну эту Y-хромосому интактной, строго скопированной со своей. А свою Y-хромосому он получил от своего отца. Тот – от своего. И так далее, на тысячи и десятки тысяч лет вглубь, назад, к далеким предкам современных людей, и к предкам тех далеких предков.

Здесь – важное примечание. В антропологии принято считать, в соответствии с базовыми понятиями, парадигмой антропологии, что сотни тысяч лет назад людей не было, во всяком случае на большей части земной

территории. Были палеонтропы, архантропы, неандертальцы, эректусы, другие гоминиды. Но дело в том, что наши предки были, как их ни называть. Они были и десятки, и сотни тысяч лет назад, и миллионы лет назад. От них, приматов, мы и наследуем гаплотипы и гаплогруппы, пусть в значительной степени измененные, мутированные. Но наследуем. Значит, предки. Таким образом, аргументы, что тогда-то давно не было предков современного человека, в принципе неверны. Они были, но просто или не обнаружены антропологами (что вполне возможно), хотя и были на рассматриваемой территории, или они были минорной долей гоминидов и прочих приматов, и при изучении последних просто не встречались, проскочили сито антропологов, весьма крупноячееистое, или определение, используемое антропологами, слишком жесткое, и не отражает значительно более сложной истории происхождения человечества. Это же относится в полной мере и к Африке, поэтому типичный аргумент антропологов, что там 40-200 лет назад были только палеоантропы и архантропы, не есть на самом деле значимый аргумент.

Если бы Y-хромосома так и передавалась из поколения в поколение действительно неизменной, толку для генеалогии от нее было бы мало. Но неизменного ничего в мире нет, особенно когда речь о копировании. Копирования без ошибок не бывает. В том числе и копирование Y-хромосомы.

Итак, **второе положение** – время от времени при копировании Y-хромосомы (а сейчас только о ней речь) в копии проскакивают ошибки. Фермент под названием ДНК-полимераза, а на самом деле вместе с целым набором молекулярных инструментов, или просто ошибается, и делает некоторые участки ДНК короче или длиннее, удлинняя или сокращая повторы нуклеотидов, или «ремонтирует» поврежденные участки, и в ходе «ремонта» удаляет повреждение (эта операция называется «делеция») или «вшивает» новый нуклеотид (называется «вставка», или «инсерт»).

Поэтому мутации, которые интересуют ДНК-генеалогию, бывают двух типов – или изменение числа повторов, тандемов, или «точечные», однонуклеотидные.

Оказалось, что многие повторы нуклеотидов находятся у разных людей в одних и тех же участках Y-хромосомы. Эти участки уже биохимиками пронумерованы, классифицированы, сведены в списки. Они получили название «маркеры». Набор маркеров, точнее, повторов в них, называется «гаплотип». Уже известных маркеров – многие сотни. И они, как правило, одни и те же у всех людей на Земле. Они отличаются только числом повторов, что вызвано теми самыми ошибками ферментов при

копировании из поколения в поколение. Внимательное рассмотрение маркеров и гаплотипов позволило сделать вывод, что все люди на Земле произошли от одного предка. Иначе говоря, все люди – родственники. Пока не удалось найти ни одного человека, у которого маркеры и гаплотипы были бы принципиально другие, которые не удалось бы вывести (по мутациям на временной шкале) из других жителей Земли в пределах последней сотни тысяч лет. И это – серьезный (если не последний) аргумент против «теории мультирегиональности», согласно которой люди произошли от разных племянников современного человека, включая неандертальцев, синантропов и прочих гоминидов. То, что эти кузены человека существовали, сомнению не подвергается, но то, что выжившего потомства они не оставили – это, так сказать, экспериментальный факт. Пока не опровергнутый, но с каждым новым определением гаплотипа подтверждаемый.

Строго говоря, приведенное выше рассуждение не отвергает теорию мультирегиональности в отношении жизни на Земле в ПРОШЛОМ потомков различных родов и видов, но отвергает наличие нескольких разных предков у СОВРЕМЕННЫХ людей. Иначе говоря, если даже разнообразные люди были, в полном соответствии с теорией мультирегиональности, они не прошли «бутылочные горлышки» популяций, не выжили. Выжила всего одна генеалогическая линия, от нее и произошло современное человечество. К настоящему времени образцы ДНК взяты у представителей практически всех популяций, и все сводятся к одному общему предку. Время жизни этого предка определяется разными исследователями в интервале между 100 и 200 тысяч лет, порой и глубже во времени, вплоть до 800 тысяч лет назад (хотя это – верхняя грань большой погрешности расчетов), поскольку разные исследователи используют разные значения скоростей мутаций, и эти данные пока в должной мере не упорядочены. Тем не менее, между ведущими исследователями имеется консенсус, что этот предок жил в Африке.

Итак, **положение третье** – все люди происходят от одного предка, который жил – по разным расчетам – от 100 до 200 тысяч лет назад. Примерно такое время понадобилось, чтобы получить то расхождение гаплотипов по мутациям, какое наблюдается у всех живущих ныне людей.

Положение четвертое – гаплотипы изображают в виде числа тандемов, или повторов, по каждому маркеру, выбранному из десятков и сотен. В англоязычной литературе их называют STR, или Short Tandem Repeats. Самый простой и короткий гаплотип из тех, которые рассматривает ДНК-генеалогия, состоит из пяти или шести маркеров. Например, у восточных славян, к которым относится от 50% до 80% жителей старинных русских

городов, городков и селений, базовый (или предковый) 6-маркерный гаплотип, в той записи, в которой обычно приводят в научных публикациях, такой

16-12-25-11-11-13

Он показывает число повторов нуклеотидных участков в маркерах, которые обозначают соответствующими индексами 19, 388, 390, 391, 392 и 393. В первом маркере (номер 19) было найдено 16 повторов определенной последовательности нуклеотидов. Во втором – 12 повторов уже другой последовательности, и так далее. При передаче этого гаплотипа от отца сыну с вероятностью примерно одна сотая (то есть в среднем у одного на сто рождений) может произойти мутация, например, такая:

16-12-24-11-11-13

(в третьем маркере, выделена). Именно такая мутация есть у автора, поскольку она произошла у его предка. Остается неизвестным, когда она произошла – может, тысячелетия назад, может – автор такой в его генеалогической линии первый. И узнать это можно только изучая ДНК прямых предков, или самых ближайших родственников. Например, если у родного брата такая же мутация – тогда автор точно не первый. Надо посмотреть ДНК у дедушки или у брата дедушки, и так далее по генеалогической цепочке. Но это не имеет большого практического значения. Что есть, то есть. Хотя любознательность порой наказуема, и у родного (по документам) брата может оказаться вообще другой гаплотип, да и другой род. Такое в ДНК-генеалогии бывает, и чаще, чем хотелось бы. Например, случилось с Рюриковичами, которые принадлежат как к славянскому, так и норманскому родам, в лингвистических категориях – угро-финскому. А фронт случился несколько сот лет назад, на уровне Владимира Мономаха, плюс-минус одно поколение.

Возвращаясь к нашему примеру, мутация могла произойти и в первом маркере:

15-12-25-11-11-13

или могла произойти любая другая мутация (как правило, одношаговая) в этих или любом другом маркере этого гаплотипа.

Например, еврейский ближневосточный гаплотип («гаплотип двенадцати колен израилевых», «гаплотип коэнов» - оба названия условные, а во

втором случае и просто неверное, но принятое в литературе, о чем речь пойдет ниже), записанный в таком же 6-маркерном виде, такой:

14-16-23-10-11-12

Между восточно-славянским и ближневосточным еврейским гаплотипами – 9 одношаговых мутаций, или в среднем 1.5 мутации на маркер. Это отражает долгий путь, который славяне и евреи эволюционно (в отношении гаплотипов) прошли, отделившись от общего предка. 9 мутаций на 6-маркерном гаплотипе означают, дистанция между двумя гаплотипами равна 86 тысяч лет, или что общий для славян и евреев общий предок жил огромное время назад, не менее 40 тысяч лет тому (точнее, 43 тысячи лет назад). Как эти дистанции считать – об этом позже.

Часто рассматривают 12-маркерные гаплотипы. Например, у восточных славян базовый гаплотип такой (здесь запись уже по стандартам наиболее известных баз данных):

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

Здесь маркеры по порядку следующие: 393, 390, 19, 391, 385a, 385b, 426, 388, 439, 389-1, 392, 389-2.

В 25-маркерном варианте восточно-славянский гаплотип записывается так:

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

У ближневосточных евреев часто встречается такой 12-маркерный гаплотип («недавний гаплотип коэнов»):

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

У него с восточно-славянским уже 16 мутаций-расхождений, то есть в среднем 1.33 мутаций на маркер. Чем длиннее гаплотип, тем лучше статистика, тем точнее расчеты.

У ближневосточных евреев часто наблюдается следующий 25-маркерный гаплотип:

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

Это дает 31 мутацию на 25-маркерном гаплотипе, или в среднем 1.24 мутации на маркер. По скоростям мутаций это примерно соответствует 1.35

мутации на маркер для 12-маркерного гаплотипа. Так что статистика работает, и данные в целом вполне соответствуют друг другу на гаплотипах разной длины. Опять же, чем длиннее, тем точнее.

А вот пример 37-маркерного гаплотипа, который в данном случае принадлежит потомку человека по фамилии Коэн, который жил полтора века назад в Санкт-Петербурге:

12-23-14-10-13-15-11-16-12-13-11-30-17-8-9-11-11-26-14-21-27-12-14-16-17-11-10-22-22-15-14-21-18-31-35-13-10

Естественно, чем длиннее гаплотип, тем больше вероятность найти своего близкого предка в наше время. Заметьте, кстати, что на первых 25 маркерах этот гаплотип в точности совпадает с базовым, предковым, приведенным выше. А ведь предок жил 1350 лет назад, в 7-м веке нашей эры. Вот насколько стабильными могут быть гаплотипы и их маркеры.

Еще пример, не столько стабильного гаплотипа. Статистика есть статистика.

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

Жирным шрифтом выделена одна мутация в 12-маркерном гаплотипе по сравнению с базовым «гаплотипом коэнов», приведенным выше. Этот гаплотип принадлежит еврею, живущему сейчас в Англии, и предок которого родился много поколений назад, в 1799 году, там же, в Англии. А обладатель 37-маркерного гаплотипа, приведенного выше, как уже упомянуто, родился на 50 лет позже в России. Различаются всего на одну мутацию на 12 маркерах.

А на 37 маркерах? Приведем гаплотип еврея-англичанина более детально:

12-23-14-10-13-15-11-16-11-13-11-30-17-8-9-11-11-26-14-21-27-12-14-16-16-11-10-22-22-15-14-17-17-31-35-14-10

По сравнению с петербургским Коэном добавились еще семь мутаций, всего восемь: 12→11, 17→16, 21→17, 18→17, 13→14. Восемь, потому что одна мутация четырехшаговая, она могла проходить шаг за шагом на протяжении длительного времени.

То, что данные примеры относятся к евреям, объясняется двумя причинами. Одна – потому что автор много занимался ДНК-генеалогией евреев. За три с лишним тысячи лет относительной изоляции (по

религиозным и прочим причинам) евреев от «гоев» у евреев выработались характерные ДНК-генеалогические линии, порой четко отличающие евреев от неевреев. Поэтому наблюдается парадокс – сами евреи порой не могут дать четкого определения евреев, которого и в самом деле нет, но ДНК-генеалогические линии часто выявляют определенные ДНК-популяции евреев и почти безошибочно идентифицируют их носителей как евреев, независимо от их религиозной принадлежности, гражданства, или места жительства. Вторая причина – потому, что евреи более других (и это «экспериментальный факт») интересуются своей ДНК-генеалогией, своими корнями. Это в свою очередь объясняется трагичной историей еврейского народа, постоянным передвижением по миру, часто вынужденным, часто – бегством, отсюда – потерей родовых, предковых связей. Сейчас, с помощью ДНК-генеалогии, эти связи восстанавливаются. И вовсе не нужно рассматривать интерес к ДНК-генеалогии евреев как вторжение в их приватность, как попытки их «выявить и обмерить». Доказательством тому – многочисленные перепечатки работ автора в еврейских изданиях и награды и дипломы автору от еврейских коллективов, в том числе и золотая медаль от Международного общества коэнов (коханам) за вклад в изучение истории евреев.

Это – к тому, что по мнению немалого количества малообразованных и негативно настроенных людей, ДНК-генеалогия, да и антропология – это попытки разделить людей на «высших и низших». Нет ничего более далекого от истины. Это – попытки понять наше прошлое, а значит – и будущее. Как раз единство общих предков показывает, что все люди – в буквальном смысле родственники.

Возвращаясь к последнему примеру выше, сообщим, что восемь мутаций у пары 37-маркерных гаплотипов соответствуют дистанции примерно в 98 поколений между ними, или примерно 2450 лет разницы во времени. То есть их условный общий предок жил на половине этого временного срока, или примерно 1225 лет назад. Кстати, одна мутация на 12 маркерах соответствует примерно 1200 лет, как будет упомянуто чуть ниже. Так что здесь неплохое сходство во времени.

Но здесь это совпадение просто случайное. Потому что надо привести **положение пятое**: нельзя сравнивать мутации в парах гаплотипов. Мутации – дело статистическое, и их можно количественно (и часто полуколичественно) рассчитывать только на больших выборках. Чем выборка меньше – тем результат расчета менее точный. А на двух гаплотипах мутация-другая могла добавиться буквально в предыдущем или нынешнем поколении. Это может сразу привести к прибавлению-

отнятию тысячи лет «в одном поколении». А в большой выборке разница относительно нивелируется статистикой.

Подходы теории вероятности могут оценить погрешности расчетов в парах гаплотипах (или в любом их количестве), принадлежащих одному роду (одной гаплогруппе). Если два гаплотипа различаются на одну мутацию, то в 6-маркерных гаплотипах их общий предок жил 1600 ± 1600 лет назад с надежностью 95%. Как видно, информативность такой информации близка к нулю. Если два 67-маркерных гаплотипа различаются на одну мутацию, то их общий предок жил 75 ± 75 лет назад, с той же 95%-ной надежностью. Иначе говоря, общий предок этих двух человек с 95%-ной вероятностью попадает в интервал времени от 150 лет назад до настоящего времени. В общем случае, одна мутация – это $\pm 100\%$ -й интервал погрешности для любого гаплотипа.

Две мутации – это $\pm 71\%$ -й интервал погрешности, с той же 95%-ной надежностью. Пять мутаций в серии гаплотипов – 46%-й интервал погрешности. 10 мутаций – 33% погрешности. 100 мутаций – 14% погрешности. 1000 мутаций – 10.5% погрешности. То есть мы вплотную приблизились к предельной, минимальной погрешности, когда уже лимитирует точность константы скорости мутаций в гаплотипах. Точнее уже не будет, если не доказать, что константа определяется с погрешностью меньше, чем 5%. Естественно, 1000 мутаций могут быть только в больших сериях гаплотипов, причем не происходящих от недавнего предка. В тех мутаций мало. В любом случае, чем больше гаплотипов в выборке, тем больше в них мутаций, тем точнее расчет времен жизни общего предка.

А как часто происходят мутации в гаплотипах? Для ответа на этот вопрос надо вернуться к тому, что мутации бывают двух разных типов – тандемные и точечные. Для тандемных мутаций средняя скорость мутации в 6-маркерном гаплотипе равна 0.0088 мутаций на гаплотип в поколение, то есть одна мутация в гаплотипе происходит в среднем примерно за 114 поколений, или за 2850 лет, если считать поколение за 25 лет (а именно это часто заложено в ДНК-генеалогические расчеты). На самом деле, это будет не 114 поколений, а 129, то есть 3225 лет, если принять в расчет возвратные мутации, как будет пояснено ниже.

В 12-маркерном гаплотипе средняя скорость тандемных мутаций равна 0.022 на гаплотип в поколение, то есть одна мутация в 12-маркерном гаплотипе происходит в среднем примерно за 48 поколений, или примерно раз в 1200 лет. А точечные мутации происходят раз и навсегда. Они и являются метками гаплогрупп.

В 17-маркерном гаплотипе одна мутация происходит раз в 740 лет, в 19-маркерном – раз в 880 лет, в 25-маркерном – раз в 540 лет, в 37-маркерном – раз в 280 лет, и в 67-маркерном гаплотипе – раз в 170 лет. Это дает общее представление, как часто происходят мутации в гаплотипах.

То есть имеем **положение шестое** – по числу tandemных мутаций в гаплотипах можно определять возраст гаплотипа.

А от чего, или от кого считать? От того предка, кто имел такой гаплотип. Поскольку его сыновья сохраняют гаплотип отца, переданный по наследству, и мутации в этом гаплотипе проскакивают в среднем только раз примерно в 3225 лет (6-маркерный гаплотип) или раз в 1200 лет (12-маркерный гаплотип), то даже через 5000 лет у потомков сохранится 23% исходного 6-маркерного гаплотипа, без изменений. То есть в списке из 100 гаплотипов потомков – 23 гаплотипа будут такими же, какой был у предка 5000 лет назад. Это если рассматривать 6-маркерные гаплотипы. При рассмотрении 12-маркерных гаплотипов те же 23% гаплотипов предка сохранятся через 72 поколения, или 1800 лет.

Так что и через тысячелетия можно определить гаплотип предка. И по его виду можно узнать, из каких краев предок пришел.

К этому ведет **положение седьмое** – гаплотипы в немалой степени (но не всегда) связаны с определенными территориями.

Но как такое может быть? А вот как. В древности большинство людей передвигались племенами, родами. Род, по определению, это группа людей, связанных родством. То есть гаплотипы у них одинаковые или близкие. Помните – одна мутация в среднем происходит за тысячелетия? Проходили тысячелетия, численность родов порой сокращалась до минимума (бутылочное горлышко популяции), и если выживший имел некоторую мутацию в гаплотипе, то его потомки уже «стартовали» с этой новой мутацией. Некоторые люди покидали род по своей или чужой воле – плен, бегство, путешествия, военные походы, и выжившие начинали новый род на новом месте. В итоге карта мира с точки зрения ДНК-генеалогии получилась пятнистой, и каждое пятно порой имеет свой преобладающий гаплотип, гаплотип рода. Такой наиболее популярный гаплотип на определенной территории называют «модальным». Часто он и есть гаплотип предка, начавшего род на данной территории.

Но есть еще один тип мутации – помните? Точечные мутации, однонуклеотидные. Они – практически вечные. Раз появившись, они уже не исчезают. Теоретически, в том же нуклеотиде может произойти другая

мутация, изменив первую. Но нуклеотидов – миллионы, и вероятность такого события крайне мала. Всего в хромосомах насчитали более трех миллионов точечных мутаций (The International HapMap Consortium, 2007), и ДНК-генеалоги нашли применение нескольким сотням, которые, как уже было пояснено, называют «снипы», что и расшифровывается (в переводе с английского языка) примерно как «единичная нуклеотидная мутация». Так вот, те, кто в древности покинул свой род по своей или чужой воле, всегда имели в своей Y-хромосоме эти самые снипы, причем во множестве. Все они передавались сыновьям, в результате того самого копирования ДНК от отца к сыну. Так что все мы имеем и тандемные мутации, и снипы. Из нескольких сотен снипов, которым ДНК-генеалоги нашли применение, около двухсот оказались удачными метками определенных популяций на Земле. Эти популяции и есть те самые рода, о чем речь шла выше, в самом начале. Их, эти рода, потомки которых несут соответствующие метки в ДНК, назвали «гаплогруппы», и присвоили им буквенные обозначения от А до Т, в хронологическом порядке появления соответствующего рода на планете. Или по крайней мере в том порядке, как ученые полагают эти рода появились. Хотя ревизий на этот счет предстоит еще много.

Итак, **положение восьмое** – людей можно классифицировать по древним родам не только (и не столько) по виду гаплотипов, но и по наличию определенных снипов. Например, гаплогруппы А и В – исконно африканские и самые древние; гаплогруппа С – монголоидная (и значительной части американских индейцев, потомков монголоидов), а также австралоидная; гаплогруппа J – исходно Ближний Восток, причем J1 – в основном евреи и арабы, гаплогруппа J2 – в основном жители Средиземноморья (хотя и часть евреев тоже); гаплогруппа N – многие жители Китая, Сибири, севера России и части Скандинавии, куда и прибыли носители гаплогруппы N тысячелетия назад. Гаплогруппа R – происхождение неясно, отцы-основатели ДНК-генеалогии определили ее происхождение как азиатское, но тогда трудно объяснить ее «европеоидность», как очевидно, глядя на большинство носителей гаплогрупп R1a1 и R1b1b2. Весьма вероятно, что гаплогруппа R появилась на Русской равнине 50-40 тысяч лет назад, вместе с гаплогруппами I и N, тоже в основном европеоидными, и затем гаплогруппа I в своей части перешла в Европу 45-35 тысяч лет назад, став кроманьонцами и граветтами, а гаплогруппа R (или R1) перешла в Азию, дав далее гаплогруппы R1a и R1b. Подгруппа R1b – преобладающая подгруппа Западной Европы, доля которой превышает 90% в некоторых регионах Испании и Ирландии), и R1a – преобладающая в Восточной Европе, России, Украине, а также имеющая значительное представительство в Индии (более 100 млн человек, не менее 16% от мужской популяции, но по некоторым данным и 30%), куда эта гаплогруппа (R1a1) была принесена из Восточной Европы и Русской

равнины. Гаплогруппой R1a1 отмечены и довольно резко очерчены территории Средней Азии (в Киргизии и Таджикистане), куда снип, образующий R1a1, был принесен его обладателями – ариями – по дороге в Индию и Китай. Интересно, что эти довольно резкие очертания границ гаплогруппы R1a1 в Средней Азии в ряде случаев, возможно, воспроизводят маршрут похода обладателей R1a1. А на переходе из горной долины Памира в Индостан, в самой теснине перехода, по которому шли предки, целая малая народность так и донесла до современности этот европейский снип, образующий R1a1, в 80 процентов состава этой народности, под названием ишкашим. Гаплогруппа R1a1 представлена и в Восточном Иране, что, видимо, отражает арийский период этого региона в первом тысячелетии до нашей эры, примерно в то же самое время, что и переход в Индию (см. статью в этом выпуске Вестника).

Итак, данное положение сводится к тому, что у каждого мужчины есть снип из определенного набора, по которому можно сразу отнести носителя к определенному древнему роду. Времена появления снипов, обычно применяемых в ДНК-генеалогии, относятся к диапазону от 25-40 тысяч лет для «старых» снипов до 10-15 тысяч лет и менее – для «молодых». Снип гаплогруппы R1a1, преобладающей в России, образовался примерно 20 тысяч лет назад, как будет изложено ниже. Снип M458 субклада R1a1a7* образовался примерно 3900±300 лет назад (см. статью А. Клёсова и И. Рожанского в данном выпуске Вестника).

Положение девятое – гаплогруппы не просто соответствуют определенным родам, но образуют определенную последовательность, лестницу гаплогрупп, показывающих их иерархию, последовательный, ступенчатый переход от древнейшей гаплогруппы А до самой недавней гаплогруппы R (технически самыми последними гаплогруппами являются недавно введенные в номенклатуру гаплогруппы S и T, но они ведут свое начало от промежуточной по положению гаплогруппы K). Эта последовательность называется «филогенетическое дерево гаплогрупп Y-хромосомы». Для его построения необходимо выполнение двух основных критериев – снип, образующий гаплогруппу, должен происходить со скоростью, не превышающей 5×10^{-7} мутаций/поколение, и что снип должен происходить не более двух раз за всю историю человечества.

Чтобы пояснить эти два положения, напомним, что снип – это определенная мутация в определенном нуклеотиде (или в нескольких нуклеотидах одновременно). Например, гаплогруппа R1a1 определяется как имеющая мутацию M17 с идентификационным индексом rs3908, которая превратила четырехнуклеотидный прогон в трехнуклеотидный GGGG→GGG в Y- хромосомном участке под номером 68 и в позиции под

номером 20192556. Носители той же гаплогруппы имеют также мутацию M198 с идентификационным индексом rs2020857, которая превратила цитозин в тимин (C→T) в Y- хромосомном участке под номером 45 и в позиции под номером 13540146. Вышестоящей гаплогруппой является R1a, с определяющей мутацией SRY_{10831.2} с идентификационным индексом rs2534636, которая превратила гуанин в аденин (G→A) в Y- хромосомном участке под номером 135 и в позиции под номером 2717176. Это – необычная мутация, поскольку ровно обратная ей есть у всех людей, потомков вышедших из Африки (по представлениям современной ДНК-генеалогии), и именно сводной гаплогруппы BR (то есть включающей в древние времена все гаплогруппы от B до R, поскольку их снипы тогда еще не образовались). Так вот, переход от древнейшей гаплогруппы A в ту сводную BR произошел посредством мутации SRY_{10831.1} с тем же идентификационным индексом rs2534636, только там, наоборот, аденин прератился в гуанин (A→G) в том же самом Y- хромосомном участке под номером 135 и в позиции под номером 2717176. Другими словами, гаплогруппа R1a вернулась к гаплогруппе A, но с новыми дополнительными мутациями, которые набежали за десятки тысяч лет. Но вот той самой мутации, которая есть у всех неафриканцев на планете, в нас, восточных славянах, нет. Она вроде как заросла. Такие возвратные мутации называются у генетиков рекуррентными. Они редко, но бывают.

Конечно, соблазнительно было бы объявить, что мы, восточные славяне, и есть самые первые люди на Земле, поскольку только у двух гаплогрупп, африканской A и восточнославянской R1a, нет этой самой мутации, как нет ее и у приматов, а у других она появилась позже, начиная со сводной гаплогруппы BR – но к этому у нас нет оснований. Потому что в братской гаплогруппе R1b, которая составляет большинство западноевропейцев, эта мутация есть. Как и другие мутации, роднящие нас с «вышестоящими» гаплогруппами R1 и R. Так что получается, что в гаплогруппе R1a, «восточнославянской» (на территории России), эта мутация просто «закрылась», гуанин вернулся в аденин. Бывает.

Возвращаемся к двум основным критериям вхождения в дерево гаплогрупп отдельной самостоятельной гаплогруппой. Максимально допустимая скорость «сниповой» мутации 5×10^{-7} на поколение означает, что мутация в любой генеалогической линии должна происходить реже, чем раз в два миллиона поколений, то есть раз примерно за 50 миллионов лет. То есть она действительно должна быть практически необратимой. Это и делает человеческие рода, основанные на классификации по снипам, совершенно стабильными. Потому они и не ассоциируются за практически бесконечное время, не говоря от каких-то десятках тысяч лет. Но мутации – дело статистическое, и все может случиться и за более короткое время. Поэтому –

второй критерий: если сниповая мутация и случится чаще, чем ожидается, то уж во всяком случае не чаще, чем два раза за историю человечества. Если случилась три раза – она из списка снипов вычеркивается как ненадежная, способная «взбрыкивать». Вот в R1a она произошла уже два раза, ситуация на пределе. Если в ближайшие пару миллионов лет произойдет еще раз, придется ее вычеркнуть.

Есть еще важный критерий – все гаплогруппы должны включать снипы «вышестоящих» гаплогрупп. То есть принцип «лесенки» должен выполняться. Преемственность узловых родов человечества должны соблюдаться.

Все это делает филогенетическое дерево гаплотипов достаточно прочной и обоснованной структурой. У него есть только одно слабое место – само дерево, ее филогения не показывает, на каком континенте зародилось человечество, откуда пошли гаплогруппы, начиная с первой, гаплогруппы А. Говоря языком филогении, дерево гаплогрупп не «укоренено». Укоренение дерева – результат интерпретаций наблюдений и доступных экспериментальных данных. К этому мы еще вернемся, а пока – как же представляется укоренение и последующее развитие дерева гаплотипов в пространстве и во времени? Как, откуда и куда шли миграции родов человечества? Это и есть центральный вопрос ДНК-генеалогии. Ниже – результат консенсуса специалистов в том виде, как он изложен в программном документе Международного общества генетической генеалогии (ISOGG) за 2009 год, хотя определенные положения там определенно не доработаны.

В целом у специалистов-генетиков и биологов за последние 15 лет сложилось убеждение, что человечество вышло из Африки. На этом основании было построено филогенетическое дерево гаплогрупп, начинающееся от африканской гаплогруппы А, и продолжающееся до самой молодой, заключительной гаплогруппы R (недавно, как уже упоминалось, были добавлены еще две гаплогруппы, S и T, но они ведут свое начало от более ранней гаплогруппы К). По этим представлениям, гаплогруппа А образовалась примерно 60-80 тысяч лет назад. До этого рода человечества как рода (гаплогруппы) не рассматриваются. Здесь не нужно путать понятие «рода» (tribe – англ.) в ДНК-генеалогии с понятием «рода» (genus – лат.) в биологии.

Возможно, это найдет полное понимание у антропологов, поскольку до этого, то есть до образования гаплогруппы А (60-80 тысяч лет назад) и до образования анатомически современного человека, *Homo sapiens*, 100-200 тысяч лет назад, понятие «человечества» стоит на шаткой базе. Предки

определенно были, но не от «человечества». Это могли быть «продвинутые» неандертальцы, гейдельберги, архантропы, палеоантропы, эректусы и прочие гоминиды (здесь мы умышленно смешиваем разные номенклатуры рода *Homo* семейства гоминид). Относительно немного представителей гаплогруппы А осталось в Африке, в частности, в Эфиопии и Судане, и среди популяций с щелкающими языками. Популяции с этой гаплогруппой разбросаны по всему континенту «пятнами». Похоже, что это все, что осталось от самой древней гаплогруппы. Расчеты времен жизни общего предка с помощью реальных гаплотипов гаплогруппы А проведены в статье (Клёсов, 2009а). У этой гаплогруппы есть свои подгруппы с более недавними снипами, такие, как подгруппы А2, А3b1, А3b2 (снипы М6, М51 и М13, соответственно). А2 и А3b1 живут преимущественно в южной Африке, причем А3b1 – почти исключительно койзанская популяция. 1.1% чернокожих африканского происхождения в США имеют гаплогруппу А3b2.

Сводная (в те времена) гаплогруппа ВТ образовалась из гаплогруппы А 55 тысяч лет назад, в северо-восточной Африке, и гаплогруппа В оформилась примерно 50 тысяч лет назад. Расчеты времен жизни общего предка с помощью реальных гаплотипов гаплогруппы В проведены в статье (Клёсов, 2009b). Территория и частота встречаемости примерно та же, что и гаплогруппы А, но добавляются центральноафриканские пигмеи и южноафриканские койзаны (гаплогруппа В2b). Язык банту распространен во многом среди носителей гаплогруппы В2а. К гаплогруппе В относятся 2.3% американских чернокожих (афро-американцев).

От гаплогруппы В отделилась сводная гаплогруппа CF, которая и мигрировала из Африки. Это произошло в интервале 31-55 тысяч лет назад. От этой сводной гаплогруппы 50 тысяч лет назад образовалась гаплогруппа С, ее носители мигрировали на восток, и часть ее шлейфа осталась на юге Аравийского полуострова, остальные через Пакистан и Индию, Шри Ланку и через Юго-Восточную Азию ушли в Австралию. Подгруппы этой гаплогруппы наблюдаются в Японии (С1), в Полинезии, Меланезии и в Папуа-Новая Гвинея (С2), в юго-восточной и Центральной Азии (С3), среди аборигенов Австралии (почти исключительно С4).

От сводной гаплогруппы CF 50 тысяч лет назад образовалась сводная гаплогруппа DE, которая в свою очередь образовала гаплогруппу E, которая разошлась по Северной Африке и Европе, и D, которая мигрировала в Индию и далее по Азии. Носители D1 живут в Тибете, Монголии, Центральной Азии, Юго-Восточной Азии, D2 – почти исключительно в Японии. Тот факт, что в Тибете примерно 50% гаплогруппы D, в Японии –

35%, может указывать на миграционные связи древних обитателей Азии. Высокое содержание гаплогруппы D2 наблюдается среди популяции айну.

Гаплогруппа E появилась, видимо, в Северо-восточной Африке, но не исключен ближневосточный регион, откуда она могла попасть в Африку. Основания для этого предположения – что гаплогруппы E и D были в прошлом тесно связаны, но D в Африке не наблюдается. Гаплогруппа E1b1a распространилась на огромные территории в Африке и Европе. Большинство афро-американцев имеют именно эту гаплогруппу.

Тот факт, что гаплогруппы F в Африке практически нет, но более 90% людей Земли имеют гаплогруппы, нисходящие от F, может означать, что она образовалась уже за пределами континента, или вышла из Африки в составе небольшой группы людей.

Гаплогруппа G, которая предположительно образовалась 30 тысяч лет назад в Северной Месопотамии, наблюдается в основном на Кавказе, в Иране, на Ближнем Востоке, и в Средиземноморье, но ее почти нет на севере Европы – менее 2% популяции. На юге Европы она достигает 8-10% от общего состава Испании, Италии, Греции, Турции. Значительная доля гаплогруппы G наблюдается в Северной Осетии (до 50%), в Грузии и в Азербайджане. Гаплогруппу G имел И. Сталин (тест проведен по ДНК его внука), причем гаплотип практически в точности соответствует гаплотипам осетинского района, где и предполагалась родина его предков. В Европе наблюдается преимущественно G2a, в Иране – G1.

Гаплогруппа H образовалась из F примерно 30-40 тысяч лет назад, предположительно в Индии, там в основном и осталась. Эта гаплогруппа пришла в Европу с цыганами в виде подгруппы H1.

Сводная гаплогруппа IJK, образовавшаяся из F на Ближнем Востоке 45 тысяч лет назад, сначала отделила сводную гаплогруппу IJ и отдельную гаплогруппу K, затем разделилась на I и J, и разошлась по Ближнему Востоку, Средиземноморью и далее по Европе, причем в Европу сначала прибыла гаплогруппа I, по всей видимости, с Русской равнины, куда мигрировала из Месопотамии через Кавказские горы, или в обход их. Это – новое положение, и оно потребовалось, чтобы объяснить наличие многих археологических памятников на Русской равнине с датировкой 50-45 тысяч лет назад, появление европеоидов в Европе 45-40 тысяч лет назад, причем, видимо, с северо-востока, и европеоидность гаплогрупп I и R.

Сейчас гаплогруппа I (в составе двух основных подгрупп – I2 [«балканской», которую стоило бы назвать «гаплотипом Русской равнины»] и

I1[«балтийской» или «скандинавской»]) охватывает примерно 20% европейцев, будучи второй по численности после гаплогруппы R1b1. Названия этих гаплогрупп опять условные, и даются здесь просто для ориентации, потому что указанные территории содержат наибольшие доли этих гаплогрупп. За пределами Европы гаплогрупп I1 и I2 практически нет. I2 – старейшая гаплогруппа в Европе.

Гаплогруппа J1 наблюдается преимущественно у арабов и евреев, генеалогические линии которых разошлись примерно 4000 лет назад, в любопытном соответствии с тем, что изложено в Библии и ее трактовках. Так, исход из Египта трактуется как имевший место в ходе извержения вулкана Санторин примерно 3600 лет назад, а библейский Авраам жил за 400 лет до того. В Египет, как излагает Библия, пришел внук Авраама Иаков с детьми и семейством. По иронии судьбы, евреи и арабы, включая палестинских арабов, в значительной степени делят не только гаплогруппу J, но и ее подгруппу J1. Они – близкие ДНК-генеалогические родственники. Гаплогруппа J2 наблюдается среди жителей Средиземноморья – греков, итальянцев, а также многих евреев, выходцев с Ближнего Востока. Немало ее в Индии, и расчеты времен жизни их индийских общих предков даны в статье (Клёсов, 2009с).

Сводная гаплогруппа NOP (rs2033003) образовалась из гаплогруппы K примерно 35-40 тысяч лет назад к востоку от Аральского моря (это – одна из двух основных версий), потом разделилась на N, заселившую Сибирь и территории южнее и севернее, O, мигрировавшую через Индию в Южную Азию, и P, ушедшую в южную Сибирь, и разделившуюся на Q и R. Та же гаплогруппа K дала гаплогруппы L и M. Первая наблюдается в основном в Индии и Шри-Ланке (как субклад L1) и Пакистане (L3), гаплогруппа M в основном находится в Папуа – Новой Гвинее, где ее насчитывается от трети до двух третей всей гаплогруппы M всей планеты. Неясным остается несомненная европеоидность финнов, русских поморов, и этнических русских гаплогруппы N, проживающих в немалой степени в регионе от Белого моря до Новгорода-Пскова. Не исключено, что гаплогруппа N, наряду с I и R, образовалась (или развилась) на Русской равнине, и только потом, 30-20-15 тысяч лет назад мигрировала на восток, перейдя на Алтай и далее в Китай. О том, что такие миграции с Русской равнины имели место, свидетельствуют археологические находки европеоидов в Прибайкалье с датировкой 24-15 тысяч лет назад (по разным данным).

Гаплогруппа Q наблюдается в значительной степени среди сибирских народов, а также у американских индейцев, включая потомков племен майя. Немало этой гаплогруппы у евреев-ашкенази, что относят к хазарским временам, поскольку общему предку этой гаплогруппы среди

евреев не более тысячи лет. Другая версия маршрута миграции сводной гаплогруппы NO – из Северной Месопотамии 35-40 тысяч лет назад, на восток до Памирского узла, и далее по южной дуге до Индостана и Китая с последующей миграцией на север до Южной Сибири, Алтая и далее по северной дуге до Урала, Белого моря и Балтийского моря, куда носители гаплогруппы N прибыли только несколько тысяч лет назад, и образовали группы уральских и угро-финских языков. Там они встретились с носителями гаплогруппы R1a1, группа арийских языков, или, как их сейчас называют лингвисты, «иранских» языков, с носителями гаплогруппы R1b1, тогда носителями, возможно, вариантов древних тюркских языков, которые и до настоящего времени местами остались на востоке Русской равнины, в Прикамье и Приуралье, и с носителями гаплогруппы I, древний язык которых остается загадкой.

Гаплогруппа R дала три наиболее известные гаплогруппы – R1a1, R1b1 и R2. Все три рассмотрены довольно подробно в статьях настоящего Вестника, например (Клёсов, 2008 b,d,e; 2009 d,e,f). Коротко – R1a1 наиболее представлена в России (48% в среднем и до 62% в южных областях России) и в Восточной Европе (Польша, Украина, Белоруссия, примерно такие же или несколько меньшие доли в популяциях); в Центральной Европе и в Скандинавии ее примерно 15-20%, и в Атлантических регионах ее почти нет, порой на уровне единиц процентов. Гаплогруппа R1a1 образовалась примерно 20 тысяч лет назад, предположительно в Южной Сибири, и разошлась на европейскую и азиатскую ветви. Первая мигрировала в Европу, где зафиксирована 8-12 тысяч лет назад, вторая – через Китай мигрировала в Индию и Пакистан, со временем общего предка там 8-12 тысяч лет назад.

Европейские R1a1 – это гаплогруппа древних «прото-индоевропейцев», они же арии, прибывших в Индию примерно 3500 лет назад, и замкнувших языковую связь между Европой и Индией (и тогда же с Ираном). Примерно тогда же они прибыли в Анатолию, предположительно через Кавказские горы. В высших кастах Индии и сейчас до 72% носителей гаплогруппы R1a1. R1b1 – это, вероятно, носители «курганной культуры» 5-7 тысяч лет назад в южных степях России и Украины, на своем пути из Центральной Азии до Ближнего Востока, Северной Африки (включая Египет и Алжир), и через Пиренейский полуостров – в Европу, где они сейчас наиболее широко представлены. Гаплогруппа R2 – относительно недавняя, преимущественно локализована в Индии, ее возраст там около 7 тысяч лет (Клёсов, 2009e).

Положение десятое – в ДНК-генеалогии обычно оперируют поколениями. Поколение в контексте ДНК-генеалогии – это событие, которое происходит

четыре раза в столетие. Численно и по времени оно близко к продолжительности поколения в житейском смысле этого слова, но не обязательно равно ему. Хотя бы потому, что продолжительность поколения не может быть точно, или хотя бы в среднем определена, и «плавает» в реальной жизни, в зависимости от многих факторов, включая культурные, религиозные, и бытовые традиции, примерно и в среднем от 18 до 36 лет. В древности этот диапазон был, видимо, заметно смещен к первой величине. Поэтому использовать столь «плавающую» величину для расчетов в широких временных диапазонах и для разных народов не представляется возможным или разумным. Скорости мутаций в наших работах откалиброваны под условно взятое поколение продолжительностью 25 лет. Если кому-то больше нравится 30 лет на поколение, или любое другое количество лет, скорости придется перекалибровать, и в итоге окажутся ровно те же величины в годах. Так что сколько лет приходится на поколение – в данном случае не имеет значения, потому что при расчетах меньшему числу лет на поколение будет просто соответствовать пропорционально большее число поколений, и итоговая величина в годах не изменится.

Положение одиннадцатое – только те мутации в гаплотипах имеет смысл рассчитывать, экстраполируя к времени общего предка, которые подчиняются определенным количественным закономерностям. Другими словами, ДНК-генеалогия оперирует тремя экспериментальными факторами – (1) наличием снипов, относящих человека к определенному роду, (2) наличием мутаций, позволяющих оценивать время, прошедшее от общего предка совокупности гаплотипов, и – при больших выборках – от начала самого рода, от самого далекого из предков ныне живущих потомков данного рода, и (3) закономерности переходов гаплотипов в их мутированные формы, без численного учета самих мутаций. Это позволяет оценить, насколько достоверны расчеты предка по мутациям, и дает еще один, независимый способ расчетов.

Только если число поколений до общего предка совпадет по пп (2) и (3), естественно, в пределах разумной ошибки, то эту временную оценку можно считать числом поколений до общего предка. Иначе говоря, это совпадение показывает, что общий предок был один (в рамках ДНК-генеалогии; например, это могли быть и родные братья, и даже группа близких родственников с одинаковыми или близкими гаплотипами). Если же число поколений, полученное по числу мутаций и по доле сохранившихся немутированными гаплотипов, заметно различается (порой в 2-3 раза), то данная выборка гаплотипов не может численно обрабатываться в предположении, что предок был один. Такую выборку надо делить по разным общим предкам, и для этого могут использоваться

деревья гаплотипов или медианные сети. Тогда разные ветви дерева часто (не всегда) соответствуют разным общим предкам.

Приведем пример подобного подхода. Рассмотрим два набора по 10 гаплотипов в каждом.

14-16-24-10-11-12	14-16-24-10-11-12
14-16-24-10-11-12	14-16-24-10-11-12
14-16-24-10-11-12	14-16-24-10-11-12
14-16-24-10-11-12	14-16-24-10-11-12
14-16-24-10-11-12	14-16-24-10-11-12
14-16-24-10-11-12	14-16-24-10-11-12
14-17-24-10-11-12	14-16-25-9-11-13
15-16-24-10-11-12	14-16-25-10-12-13
14-15-24-10-11-12	14-17-23-10-10-13
15-17-24-10-11-12	16-16-24-10-11-12

Первые шесть гаплотипов в каждом наборе – базовые (предковые) гаплотипы. Остальные четыре – мутированные, в первом наборе 5 мутаций, во втором – 12. Если обращать внимание только на мутации, то среднее количество мутаций в наборах равно $5/10/6 = 0.083$ и $12/10/6 = 0.200$ мутаций на маркер. Ясно, что второй набор «древнее» в том смысле, что происходит от более древнего общего предка (если он один для всего набора), поскольку со времени его жизни в гаплотипах его потомков накопилось больше мутаций. Чтобы определить соответствующее количество поколений, отделяющих современных гаплотипы от их общего предка, надо полученные средние величины мутаций разделить на константу скорости мутаций. Для 6-маркерных гаплотипов (в стандартном формате) она равна 0.00088 мутаций на гаплотип, или 0.00147 мутаций на маркер. Таким образом, количество поколений до общего предка будет равно 57 и 136 поколений, соответственно (с поправками на возвратные мутации разница будет еще больше, а именно 61 и 158 поколений, соответственно).

Однако в обоих случаях число поколений, рассчитанное по доле базовых гаплотипов, равно $\ln(10/6)/0.0088 = 58$ (с поправкой – 62 поколения; принципы расчетов описаны ниже). Как видно, только первый набор дал примерно такое же число поколений (61 и 62), и, таким образом, представляет «чистую выборку», имеющую одного общего предка. Второй набор искажен, и соответствует более чем одному общему предку. Поэтому он не может быть использован для прямых расчетов временной дистанции до общего предка.

Более корректно будет привести эти величины с расчетами соответствующих погрешностей для 95%-ного доверительного интервала. В этих случаях погрешность складывается из погрешности средней величины мутаций на маркер (пропорциональна обратному квадратному корню из числа мутаций, и в простейшем случае равна этой величине, то есть $0.083 \pm 44.7\%$, или 0.083 ± 0.037 мутаций на маркер для первой серии гаплотипов, и $0.200 \pm 28.9\%$, то есть 0.200 ± 0.058 мутаций на маркер для второй серии гаплотипов) и погрешности в константах скоростей мутаций, которые принимаются равными 10% с 95%-ной степенью достоверности (на основании рассмотрения большого числа расчетов). Тогда погрешность для числа поколений до общего предка первой серии гаплотипов равна $\sqrt{44.7^2 + 10^2} = 45.8\%$, и второй серии - $\sqrt{28.9^2 + 10^2} = 30.6\%$, то есть 61 ± 28 поколений, или 1525 ± 700 лет до общего предка в первой серии гаплотипов. В такой серии гаплотипов общий предок всей серии жил в указанном интервале лет с 95%-ной достоверностью.

Если же рассчитывать число поколений и погрешности по числу базовых гаплотипов, то при оставшихся шести базовых гаплотипов погрешность в их числе равна в простейшем случае обратному квадратному корню из числа базовых гаплотипов, то есть $6 \pm 40.8\%$, или 6 ± 2 базовых гаплотипов, и погрешность для числа поколений до общего предка первой серии гаплотипов равна $\sqrt{40.8^2 + 10^2} = 42.0\%$, то есть 62 ± 26 поколений, или 1550 ± 650 лет до общего предка. Как видно, обе величины, рассчитанные по мутациям и по базовым гаплотипам практически одинаковы, но ошибка определения оказалась даже несколько меньше для расчетов по базовым гаплотипам. Это - следствие того, что число базовых гаплотипов оказалось больше, чем число мутаций в данной серии.

Вторая серия является смесью ДНК-генеалогических линий, и ее суммарный расчет был бы некорректным.

«Научные» и «коммерческие» выборки гаплотипов

Выборки гаплотипов, которые публикуются в научной литературе, часто бедны, немногочисленны и урезаны, и часто относятся только к коротким, шестимаркерным гаплотипам, намного реже к 8- или 10-маркерным, еще реже в 17- или 22-маркерным. В последнее время ситуация, впрочем, стала улучшаться, и чаще стали типировать 17-маркерные гаплотипы. Гаплотипы с 25, 37 и 67 маркерами в научной литературе не приводятся, на это у ученых просто нет средств. Да и задачи в основном другие, опять же из-за отсутствия достаточных средств. Зато в коммерческих базах данных таких

протяженных, полновесных гаплотипов – тысячи. Но в науке к таким базам данных – предубеждение. Работает научный снобизм – выборки «ненаучные», кто хотел – тот и прислал свой материал на тестирование, контроля за «контингентом пользователей» – никакого.

В работах автора этот разрыв между «наукой» и «коммерцией» был практически закрыт, то есть было показано, что в подавляющем большинстве случаев «научные» и «коммерческие» выборки приводят к одним и тем же результатам, только «коммерческие» зачастую точнее (Клёсов, 2008а, Klyosov, 2009а). Иначе говоря, коммерческие базы данных предоставляют значительно более полную и многочисленную информацию по гаплотипам, и позволяют получать более полные и более надежные данные.

Естественно, есть крайние случаи, когда выборки содержат ошибочные гаплотипы, гаплогруппы или гаплотипы неправильно типированы, но и научные выборки не гарантируют от присутствия ошибок. Естественно, надо внимательно относиться к «коммерческим» выборкам, удалять из них дубли, и вообще осмысливать полученные данные, но это и к научным выборкам относится.

Редкий пример предположительно искаженных выборок – это коммерческие выборки по африканским гаплотипам (Клёсов, 2009а,b). Они составлены из гаплотипов тех, кто направил образцы своих ДНК в коммерческие лаборатории (как правило, в США) и смог оплатить анализ стоимостью в 150-300 долларов. Вряд ли в их число входят обитатели удаленных африканских племен. Это, как правило, образованные афро-американцы. Понятно, что среди их предков, доставляемых в виде рабов в Америку, были и представители удаленных племен, и именно это и дает время жизни их общего предка до 28 тысяч лет назад в гаплогруппе А, и 37 тысяч лет назад по гаплогруппам А и В совместно. Тем не менее, можно ожидать, что реальные цифры окажутся заметно более древними.

Подобный пример можно привести и по индийцам. Коммерческие базы данных приводят гаплотипы почти исключительно индийцев-«индоевропейцев» носителей гаплогруппы R1a1, с гаплотипами, практически идентичными европейским, в частности, гаплотипам R1a1 этнических русских (гаплотип автора практически неотличим от индийских гаплотипов гаплогруппы R1a1, и находится на одной ветви дерева гаплотипов с индийцами, поляками, и сербами), и принципиально с тем же, европейским, возрастом общего предка, только на 800 лет «моложе» (примерно 4000 лет). Потому и «индоевропейцы», оттого и индоевропейская семья языков. А вот гаплотипы некоторых индийских

удаленных племен, имея ту же гаплогруппу R1a1, значительно древнее, с общим предком 8-12 тысяч лет. Но в коммерческих базах данных представителей удаленных племен практически нет, их гаплотипы получены только в ходе научных экспедиций. Впрочем, оказалось, что и в некоторых племенах в индийских джунглях (например, племени Ченчу) гаплотипы «индоевропейские», и с возрастом около 3000 лет назад (Klyosov, 2009b). Так что бывают и плохо предсказуемые варианты.

Но так бывает нечасто, когда разные группы населения одной страны или территории имеют совершенно разную историю в пределах одного рода. В Индии – почти уникальный случай, когда один и тот же род прибыл на одну территорию (хотя и обширную) с интервалом в 10 тысяч лет, и с тех пор практически не перемешивались. Для этого нужно иметь прочную кастовую структуру общества.

В качестве противоположного примера приведем сопоставление «научных» и «коммерческих» выборок по гаплотипам евреев гаплогрупп J1 и J2. До последнего времени их практически не разделяли. В самой известной статье по гаплотипам евреев (Behar et al, 2003) приведено почти двести гаплотипов, объединенных в одну сводную гаплогруппу J. А вот в коммерческой базе данных евреи есть и в разделе «Гаплогруппа J1», и в разделе «Гаплогруппа J2». Но можно ли использовать коммерческую базу данных, которая составлена добровольным участием, хотя и за деньги? А как же научные принципы формирования выборок?

Сравним научную выборку (Behar et al, 2003) и коммерческую.

В научной выборке – 194 гаплотипа евреев, имеющих гаплотипы группы J. Из них 91 гаплотип, или 47%, представляют один и тот же

14-16-23-10-11-12

который по правилам ДНК-генеалогии следует назвать базовым, или предковым гаплотипом. Действительно, он один сохраняется длительное время, а все остальные представляют его мутированные варианты, расходящиеся статистически по частным случаям – с одной мутацией там или здесь, с двумя, с тремя и так далее. Вот и набегает 103 мутированных гаплотипа из 194, каждого понемногу.

А в коммерческой выборке? В ней – 90 гаплотипов евреев, все гаплогруппы J1. Это – все, кто там оказались, судя по именам и фамилиям. Всего в этой базе данных 294 гаплотипа гаплогруппы J1, так что евреи в ней занимают немалую долю, около трети. Из остальных – определенно многие тоже

евреи, но с нехарактерными (на мой взгляд) для евреев именами и фамилиями, а также арабы и другие обладатели гаплотипов группы J1. И из этих выбранных 90 «коммерческих» гаплотипов 41 – той же самой структуры

14-16-23-10-11-12.

Это – 46%. В «научной» выборке было 47%. То есть практически полное совпадение по доле базовых гаплотипов в научной и коммерческой выборках. Это, кстати, тот самый «модальный гаплотип коэнов». Он же «гаплотип двенадцати колен израилевых» в 6-маркерном варианте.

Хорошо, по доле базовых гаплотипов научная выборка, со всеми положенными критериями объективности, и коммерческая база дали совпадающие результаты. А по мутациям?

В научной выборке 194 гаплотипа содержат 263 мутации, или 1.36 мутации на гаплотип. В коммерческой – 90 гаплотипов содержат 123 мутации, то есть 1.37 мутации на гаплотип. Совпадение – лучше не бывает.

Другими словами, обе выборки дают практически идентичные результаты. По этим мутациям можно посчитать и время, когда жил общий предок и тех евреев, его потомков, что нашли отражение в научной базе (сводная гаплогруппа J), и тех, что в коммерческой (гаплогруппа J1). Это на самом деле физически разные потомки. 194 человека, гаплотипы которых попали в научную статью, были протестированы в конце 1990-х – начале 2000-х годов и бесплатно, в коммерческой базе данных – недавно (в основном 2005-2007 гг) и за деньги.

В простейшем случае расчеты общего предка ведутся, принимая (по умолчанию) простое симметричное дерево мутаций. То есть дерево в виде симметричной пирамиды (или шестеренки в другом формате, который мы обычно используем), сходящейся вниз к гаплотипу общего предка (см. рисунки в этом и других выпусках Вестника). Что-то наподобие обычного генеалогического древа, но если в последнем порядок поколений уже заложен, то в дереве гаплотипов поколения беспорядочно упрятаны в ветвях. Чем больше в гаплотипе мутаций – тем дальше гаплотип отстоит от основания «шестеренки», тем от более древнего предка он происходит, если в «дереве» смешаны гаплотипы потомков разных предков. Иначе говоря, гаплотипы недавнего предка жмутся у основания, гаплотипы древнего предка уходят вдаль в виде неких протуберанцев. Это и дает основания для расчетов.

Как уже упоминалось, средняя скорость мутации шестимаркерных гаплотипов, таких, как приведены выше – 0.0088 мутации на гаплотип на поколение. И тогда приведенные выше 1.36 мутации на гаплотип дадут 155 поколений (183 поколения – с поправкой на возвратные мутации) до общего предка, а 1.37 мутации на гаплотип дадут 156 поколений до общего предка (184 поколения – с поправкой). То есть примерно 4600 лет, считая 25 лет на поколение.

Казалось бы, можно объявить, что на двух разных выборках евреев, одна общей гаплогруппы J, другая – гаплогруппы J1 получено, что общий предок ближневосточных евреев жил 4600 лет назад. И с Ветхим Заветом примерно сходится, ну, может, на несколько веков больше по сравнению с известными толкованиями.

Но это не так. Потому что для срока в 184 поколения, или 4600 лет, слишком много сохранилось базового, предкового гаплотипа. Почти половина от гаплотипов в выборке. Его должно быть меньше.

А сколько меньше? И вот здесь работает способ расчета, связывающий долю оставшегося нетронутым базового гаплотипа и временем до общего предка, причем независимо от числа мутаций. Чтобы понять, как рассматривать гаплотипы в отношении их происхождения, нам придется заняться немного математикой и картинками «деревьев гаплотипов».

Кинетика мутаций гаплотипов, их калибровка и проверка. Принципы датировки. Основа исторических реконструкций

Если принять, что генеалогическое дерево действительно симметричное, то переход базового гаплотипа в мутированные должен проходить в соответствии с уравнением кинетики первого порядка

$$\ln (B/A) = kt$$

где B – это общее количество гаплотипов в списке, A – число сохранившихся базовых гаплотипов, k – средняя скорость (частота) мутации (0.0088 на гаплотип на поколение для шестимаркерного гаплотипа), t – число поколений до общего предка, ln – натуральный логарифм. Профессиональные кинетики эту формулу знают (см, например, Березин и Клёсов, Практический курс химической и ферментативной кинетики, М., 1976), только ее в ДНК-генеалогии до недавнего времени никто не применял.

А можно ли применять? – спросит придирчивый читатель. И мы покажем, что можно. Для этого нужно взять гаплотипы, для которых время общего предка известно, и проверить формулу на практике.

Семейство Мак-Доналдов, таблица Чандлера и деревья гаплотипов

Есть такие гаплотипы, для которых время общего предка известно. Это, например, обширное семейство Мак-Доналдов, предок которых, Джон Лорд Островов (John Lord of the Isles), умер в 1386 году, и для которых на сегодняшний день известны 102 гаплотипов семейства, а именно мужчин. Принимая те же 25 лет на поколение, можно предположить, что Джон жил 26 поколений назад. Посмотрим, что нам дадут гаплотипы.

Этот вопрос рассматривать тем более полезно, что автор настоящей статьи повторял эти расчеты несколько раз за последние два года, в ходе расширения списка гаплотипов Мак-Доналдов от 69 до 113. Иначе говоря, можно проследить, насколько размер выборки и принципы ее формирования влияют на конечный результат, на датировку общего предка.

В качестве «точки опоры» возьмем известную таблицу скоростей мутаций для 37 маркеров, которые используются в ДНК-генеалогии. Сейчас уже в ходу 67-маркерные гаплотипы, так что таблица неполная. Тем не менее это лучшее, что продолжает оставаться в профессиональной научной литературе, и принято научной общественностью в виде хотя и не конечной истины, но хорошего приближения. Автор таблицы – Джон Чандлер (Chandler, 2006) – проанализировал тысячи гаплотипов и сопоставил частоту мутаций каждого из внесенных в таблицу 37 маркеров. Здесь первая колонка – первые 12 маркеров, вторая – последующие 13 маркеров, третья – последующие 12 маркеров, чтобы завершить 37-маркерные гаплотипы. Все цифры – это скорости мутаций на маркер на поколение. Выделенные цифры – номера маркеров:

393	0.00076	458	0.00814	460	0.00402
390	0.00311	459a	0.00132	GATA0	0.00208
19	0.00151	459b	0.00132	YCAa	0.00123
391	0.00265	455	0.00016	YCAb	0.00123
385a	0.00226	454	0.00016	456	0.00735
385b	0.00226	447	0.00264	607	0.00411
426	0.00009	437	0.00099	576	0.01022
388	0.00022	448	0.00135	570	0.00790
439	0.00477	449	0.00838	CDYa	0.03531
389i	0.00186	464a	0.00566	CDYb	0.03531
392	0.00052	464b	0.00566	442	0.00324
389ii	0.00242	464c	0.00566	438	0.00055
		464d	0.00566		

Поскольку скорости отдельных маркеров складываются (мутации принимаются независимыми, и в целом так оно и есть, за несколькими исключениями), то для первых 6 маркеров средняя скорость мутации получится 0.00880 ± 0.00015 , для первых 12 маркеров средняя скорость мутации получится 0.022 ± 0.004 , для первых 25 маркеров – 0.070 ± 0.011 , и для всех 37 маркеров – 0.18 ± 0.03 мутаций на гаплотип на поколение. Погрешности взяты из работы, в которой были опубликованы значения маркеров (Chandler, 2006).

Если эти величины перевести в значения скоростей мутаций (или констант скоростей мутаций, они же частоты мутаций), то для 6- и 12-маркерных гаплотипов получим таблицу:

Гаплотип в формате FTDNA	Средняя величина константы скорости мутации на поколение (25 лет по условиям калибровки)		Примечания
	На гаплотип	На маркер	
393-390-19-391-X-X-X-388-X-X-392-X	0.0088	0.00147	6-маркерный гаплотип в «старом научном» формате: 19-388-390-391-392-393
393-390-19-391-385a-385b-426-388-439-389 ¹ -392-389 ²	0.022	0.00183	12-маркерный гаплотип в формате FTDNA

Это – лишь частный вариант общей таблицы скоростей мутаций, в которой приведены данные для 23 вариантов гаплотипов в различных форматах, и которую мы приведем позже. Причина в том, что только две первые строки, составленные из данных Чандлера – для так называемой первой панели маркеров (от 1-го до 12-го) разумно описывают реальные системы. Во второй и третьей панели (12-25 и 26-37 маркерных фрагментах гаплотипов) мутации в ряде локусов, или сайтов (тандемов, повторяющихся прогонов ДНК) происходят сложным образом. Некоторые сайты оказываются как бы сцепленными друг с другом, и мутации в них не являются независимыми (нумерацию этих сайтов обычно сопровождают буквами, как показано в таблице скоростей мутаций отдельных маркеров выше). В итоге количество мутаций, рассчитанное по этим сайтам в отдельности, оказывается порой сильно завышенным.

Это фактически парализовало работу по использованию мутаций в гаплотипах для проведения временных оценок в масштабах исторических событий. Дискуссии, какие скорости мутаций использовать и как их адаптировать к расчетам в режимах реального времени продолжают до сих пор, и проблема казалась нерешаемой. Для «академических ученых» проблема до сих пор не решена. Нет даже минимального консенсуса. Поэтому редкие расчеты в академической науке ведутся на страх и риск авторов, а еще чаще вообще не проводятся, в ожидании того, что проблема как-то рассосется. К сожалению, академическая наука в последние годы

приняла для расчетов «коэффициент Животовского» (см. первую статью в данном выпуске Вестника), который приводит к огромным ошибкам в расчетах.

Проблема была в значительной степени решена, когда к скоростям мутации гаплотипов автором были применены подходы физической химии (химической кинетики) и соответствующих принципов математической статистики, и полученные данные выверены на известных генеалогиях (с соответствующим определением гаплотипов) и известных исторических событиях. Были сопоставлены скорости мутаций по их накоплению, и по одновременному уменьшению числа немутированных гаплотипов, были применены графические деревья гаплотипов с соответствующим разделением генеалогических ветвей, в каждой из которых была своя картина мутаций, были введены принципы симметрии мутаций и количественный учет симметрии, количественный учет возвратных мутаций, а также – что немаловажно – количественный расчет доверительных интервалов получаемых времен жизни общего предка, что позволило давать реалистическую картину получаемых датировок. Эти принципы изложены в двух объемных статьях (Klyosov, 2009a, 2009b), и в серии статей в Вестнике Российской Академии ДНК-генеалогии (2008, 2009, в соавторстве с Д. Адамовым) и лишь в сокращенном виде изложены здесь на конкретных примерах, избегая сложных математических рассуждений. Полностью эти выкладки приведены в работах (Адамов и Клёсов, 2008a, b; 2009a,b,c,d).

Первый наглядный пример и есть серия гаплотипов семейства Мак-Доналдов.

Полтора года назад их было в списке 68 человек, и, соответственно, 68 гаплотипов. Из них 53 шестимаркерных базовых, то есть идентичных друг другу:

15-12-25-11-11-13

и на остальные 6-маркерные приходилось 17 одношаговых мутаций. Посмотрим, сколько поколений от общего предка должно было пройти, чтобы из 68 гаплотипов осталось «нетронутыми», то есть немутированными 53, и чтобы во всех 68 набежало 17 мутаций. Применим средние скорости мутаций для 6-маркерных гаплотипов, рассчитанных по таблице Чандлера:

$$\ln(68/53)/0.0088 = 28 \pm 5 \text{ поколений}$$

$$17/68/0.0088 = 28 \pm 7 \text{ поколений}$$

Как мы помним, генеалогическое дерево Мак-Доналдов уходит вглубь на 26 поколений (650 лет), точнее, на 623 года назад до смерти отца-основателя. Видно, что лучшего совпадения, учитывая погрешность расчетов, желать трудно. Погрешности здесь рассчитывались, исходя из числа немутированных гаплотипов (53) в первой формуле, и из числа мутаций (17) во второй, как обратный квадратный корень из их величин, как было объяснено выше (Адамов и Клёсов, 2009с; Klyosov, 2009a).

Дерево 6-маркерных гаплотипов Мак-Доналдов показано на рис. 1. В нем, как и во всех деревьях гаплотипов, по кругу расположены базовые гаплотипы рассматриваемой серии, то есть идентичные друг другу, и, как правило, соответствующие предковому гаплотипу, общему для всей серии гаплотипов. Это в том случае, если предок действительно был один для всей серии. Как мы позже увидим, нередко базовый гаплотип относится всего лишь к части серии гаплотипов, а остальные сильно мутированы. Вот тогда и наблюдается дисбаланс между числом базовых гаплотипов, и числом мутаций в серии. Этот дисбаланс выявляется сопоставлением числа базовых гаплотипов и числа мутаций в серии, с использованием логарифмического и «линейного» подхода, как обсуждалось выше.

Чем больше мутаций в гаплотипе, тем дальше он удален от «ствола» дерева, то есть от базовых гаплотипов. Мутации графически располагаются по уровням. Каждый уровень – одна дополнительная мутация. Из рис. 1 видно, как на дереве формируются ветви, хотя все они в данном случае происходят от одного общего предка, жившего 26 поколений назад.

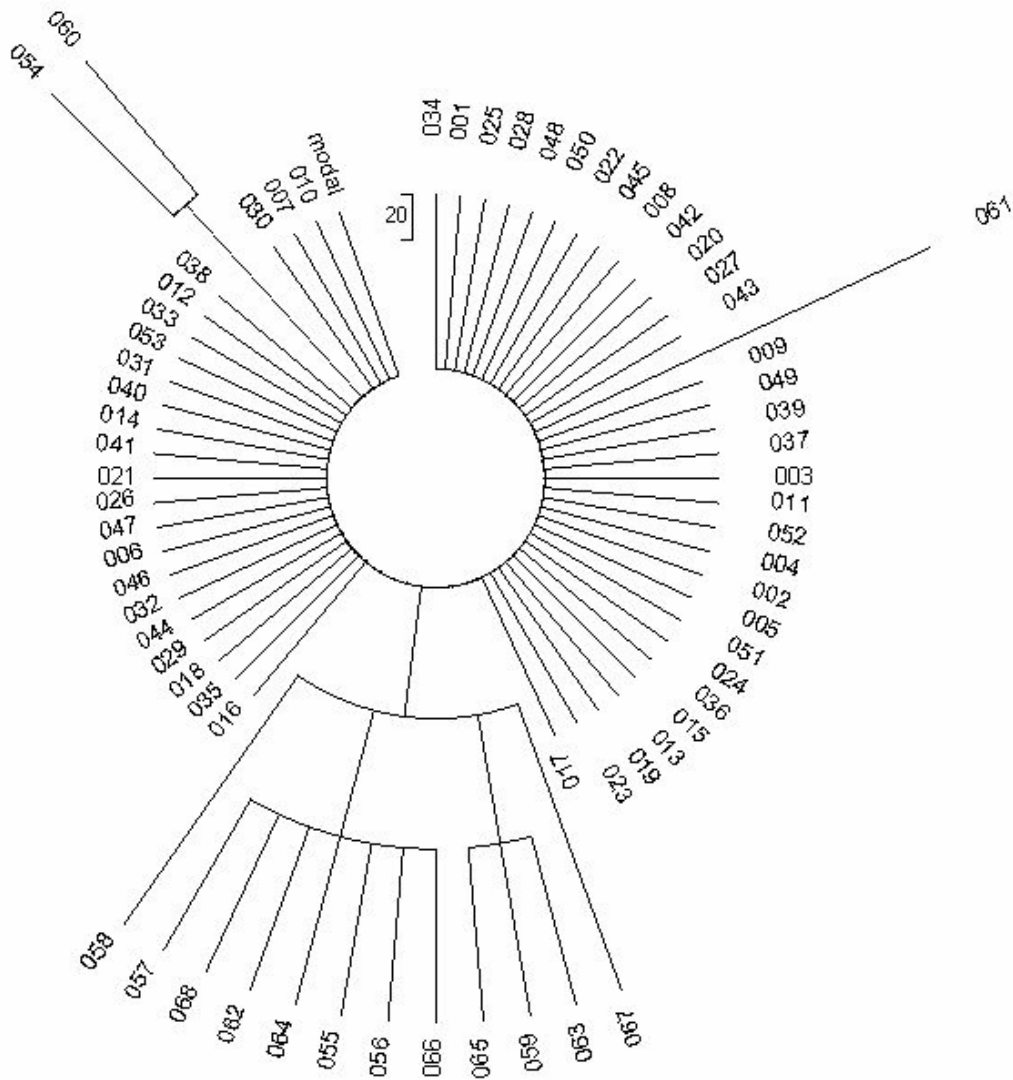


Рис. 1 Дерево 6-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдс гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдс, 2007). В выборке - 68 гаплотипов.

При рассмотрении 68 12-маркерных гаплотипов оказалось, что среди них 42 базовых гаплотипа

13 25 15 11 11 14 12 12 10 14 11 31

и 44 мутации

Это дает $\ln(68/42)/0.022 = 22 \pm 4$ поколения до общего предка, если считать по базовым гаплотипам, и

$44/68/0.022 = 29 \pm 5$ поколений, если считать по мутациям.

Как видно, совпадение опять вполне приемлемое при расчете обоими способами.

На самом деле точность и воспроизводимость расчетов в ДНК-генеалогии зачастую поражает, принимая во внимание неупорядоченную природу мутаций и их чистую случайность. Более того, расчеты довольно чувствительны к числу мутаций и числу немутированных гаплотипов в серии. Ведь если в рассмотренном примере в серии оказалось бы не 42, а 41 базовых гаплотипов, что более чем вероятно – проскочила одна лишняя мутация – и одним базовым гаплотипом меньше, то $\ln(68/41)/0.022 = 23$, то есть одним поколением больше. Этот пример показывает, что мутации в гаплотипах довольно точно придерживаются системы.

Дерево 12-маркерных гаплотипов показано на рис. 2. Видно, что оно начинает усложняться по сравнению с 6-маркерным. Число немутированных (базовых) гаплотипов по понятным причинам начинает уменьшаться, число мутаций расти.

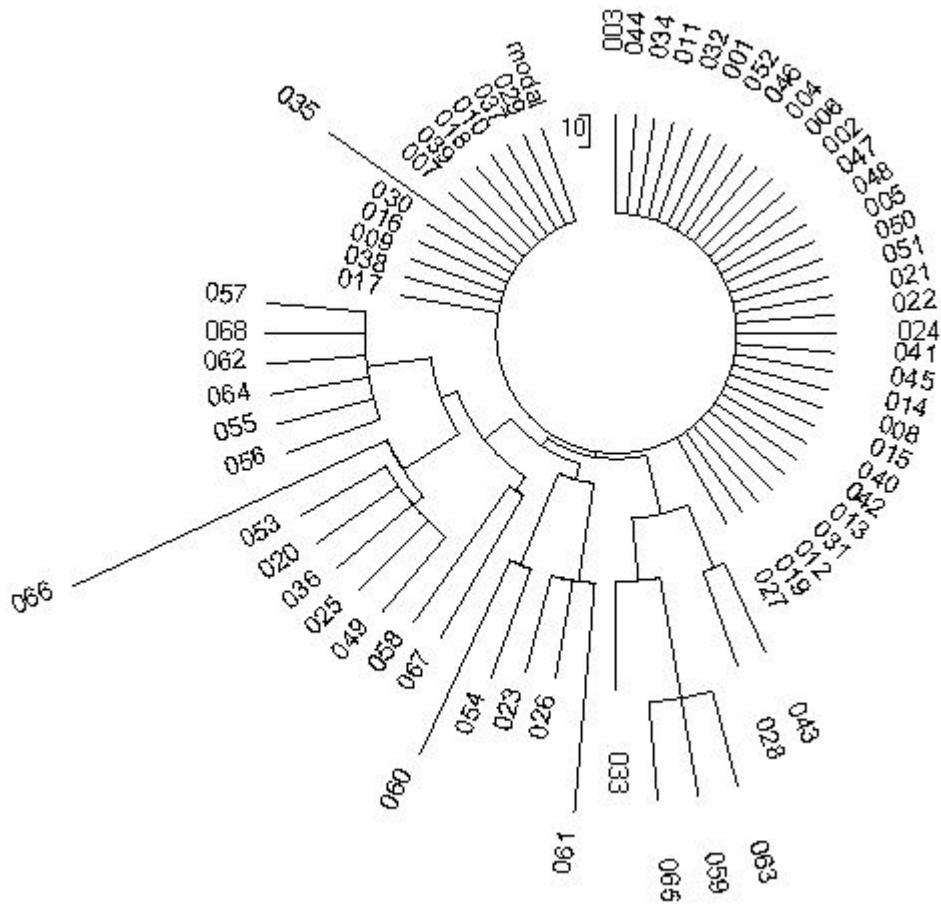


Рис. 2 Дерево 12-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке – 68 гаплотипов.

А вот с 25-маркерными и 37-маркерными гаплотипами Мак-Доналдов таблица Чандлера дала сбой. Оказалось, что она включает на второй и третьей панели «сцепленные» маркеры, как DYS464a,b,c,d, и быстрые (см. таблицу Чандлера выше), которые «тянут одеяло» на себя, сводя к минимуму вклад большинства других маркероов. Оказалось, что кажущиеся константы скоростей для 25-маркерных и 37-маркерных гаплотипов, полученные из таблицы Чандлера и приведенные выше, занижают времена жизни общих предков в полтора и два раза, соответственно, причем не только Мак-Доналдов, но и по любым сериям гаплотипов. В результате, после многих расчетов по многим сериям гаплотипов были приняты величины констант скоростей мутаций, приведенные в Таблице 1 для гаплотипов в 30 форматах, используемых в литературе.

Таблица 1

Средние значения констант скоростей мутаций на гаплотип и на маркер на поколение (25 лет по условиям калибровки) для 30 гаплотипов в разных вариантах формата, использующихся в литературе по ДНК-генеалогии и популяционной генетике. Величины рассчитаны по данным таблицы Чандлера (для гаплотипов с числом маркеров от 5 до 12), и калиброваны для более протяженных гаплотипов по серии гаплотипов семейства Мак-Доналдов, с некоторыми корректировками (Klyosov, 2009a, Клёсов, 2008с)

Гаплотип в формате FTDNA	Средняя величина константы скорости мутации на поколение (25 лет по условиям калибровки)		Примечания. Ссылки даны на работы, в которых рассматривались указанные гаплотипы
	На гаплотип	На маркер	
393-390-X-391-X-X-X-X-X-389 ¹ -X-389 ²	0.0108	0.00216	5-маркерный гаплотип (Cordaux et al, 2004)
393-X-19-X-X-X-X-X-388-X-389 ¹ -X-389 ²	0.0068	0.00135	5-маркерный гаплотип, (Bittles et al, 2007)
393-390-19-391-X-X-X-388-X-X-392-X	0.0088	0.00147	6-маркерный гаплотип в «старом научном» формате: 19-388-390-391-392-393
393-390-19-391-X-X-X-X-389 ¹ -X-389 ²	0.0123	0.00205	6-маркерный гаплотип (Thanseem et al, 2006)
393-390-19-391-X-X-X-X-389 ¹ -392-389 ²	0.013	0.00186	7-маркерный гаплотип с пропущенными маркерами 385a, 385b, 426, 388, 439
393-390-19-391-X-X-X-388-X-389 ¹ -392-389 ²	0.013	0.00163	8-маркерный гаплотип с пропущенными маркерами 385a, 385b, 426, 439 (Zhivotovsky et al, 2004)
393-390-19-391-	0.0168	0.00210	8-маркерный гаплотип с

385a-385b-X-X-X-389 ¹ -X-389 ²			пропущенными маркерами 426, 439, 388, 392 (Contu et al, 2008)
393-390-19-391-385a-385b-X-Y-Z-389 ¹ -392-389 ²	0.017	0.00189	9-маркерный гаплотип с пропущенными маркерами 426, 388, 439
393-390-19-391-X-Y-Z-388-439-389 ¹ -392-389 ²	0.018	0.00198	9-маркерный гаплотип с пропущенными маркерами 385a, 385b, 426
393-390-19-391-385a-385b-X-388-Y-389 ¹ -392-389 ²	0.018	0.00180	10-маркерный гаплотип с пропущенными маркерами 426, 439
393-390-19-391-385a-385b-X-Y-439-389 ¹ -392-389 ²	0.022	0.00220	10-маркерный гаплотип с пропущенными маркерами 426, 388
393-390-19-391-X-Y-426-388-439-389 ¹ -392-389 ²	0.018	0.00180	10-маркерный гаплотип с пропущенными маркерами 385a, 385b
393-390-19-391-X-X-X-388-439-389 ¹ -392-389 ² (...)- 461	0.018	0.00180	10-маркерный гаплотип (Cinnioglu et al, 2004; Sengupta et al, 2006)
393-X-19-391-X-X-X-X-X-439-X-X-X- (...) - 413a-413b-460-461-GATAA10-YCAIIa-YCAIIb	0.020	0.00182	11-маркерный гаплотип (Cruciani et al, 2007)
393-390-19-391-X-X-X-388-439-389 ¹ -392-389 ² (...)- 437-438	0.019	0.00176	11-маркерный гаплотип (Zalloua et al, 2008)
393-390-19-391-385a-385b-426-388-	0.022	0.00183	12-маркерный гаплотип в формате FTDNA

439-389 ¹ -392-389 ²			
393-390-19-391-385a-385b-X-Y-439-389 ¹ -392-389 ² (...)-437-438	0.024	0.00200	12-маркерный гаплотип (Mertens, 2007)
393-390-19-391-X-X-X-388-439-389 ¹ -392-389 ² (...)-YCAIIa-YCAIIb-460	0.024	0.00200	12-маркерный гаплотип (Fornarino et al, 2009; Battaglia et al, 2008)
393-390-19-391-X-X-X-388-439-389 ¹ -392-389 ² (...)-YCAIIa-YCAIIb-461	0.021	0.00178	12-маркерный гаплотип (Chiaroni et al, 2009)
393-390-19-391-385a-385b-X-X-439-389 ¹ -392-389 ² -458-(...)-437-448-GATAH4-456-438-635	0.034	0.00200	17-маркерный гаплотип (Yfiler, FBI/National Standards) (Mulero et al., 2006)
393-390-19-391-X-X-X-388-439-389 ¹ -392-389 ² (...)-434-435-436-437-438-460-451-462	0.024	0.00141	17-маркерный гаплотип (King et al, 2007)
393-390-19-391-385a-385b-X-388-439-389 ¹ -392-389 ² (...)-434-435-436-437-438-460-461-462	0.0285	0.00150	19-маркерный гаплотип (Adams et al, 2008)
393-390-19-391-385a-385b-388-439-389 ¹ -392-389 ² -458-	0.050	0.00250	20-маркерный гаплотип (Tofanelli et al, 2009)

(...)-437-448- GATAH4-YCAIIa- YCAIIb-456-438- 635			
393-390-19-391- 385a-385b-426-388- 439-389 ¹ -392-389 ² - 458-459a-459b-455- 454-447-437-448- 449-	0.038	0.00183	21-маркерный гаплотип (25- маркерный гаплотип в формате FTDNA с пропущенными маркерами 464a,b,c,d) (Underhill et al, 2009)
393-390-19-391-426- 388-439-389 ¹ -392- 389 ² -458-455-454- 447-437-448-438	0.032	0.00188	22-маркерный гаплотип (Hammer et al, 2009)
393-390-19-391- 385a-385b-426-388- 439-389 ¹ -392-389 ² - 458- 459a-459b-455- 454- 447-437-448- 449-438	0.047	0.00214	22-маркерный гаплотип (Hammer et al, 2009)
393-390-19-391- 385a-385b-426-388- 439-389 ¹ -392-389 ² - 458-459a-459b-455- 454-447-437-448- 449-464a-464b- 464c-464d	0.046	0.00184	25-маркерный гаплотип в формате FTDNA
Стандартный 37- маркерный гаплотип	0.090	0.00243	37-маркерный гаплотип в формате FTDNA
393-390-19-391- 385a-385b-426-388- 439-389 ¹ -392-389 ² - 458-459a-459b-455- 454-447-437-448- 449-(...)-460-	0.071	0.00183	39-маркерный гаплотип (Underhill et al, 2009)

YCAIIa-YCAIIb- 456-442-438-444- 446-461-441-445- 452-462-463- AAT1B07-GATA A10-YGATA C4 - YGATAH4.1			
Стандартный 67- маркерный гаплотип	0.145	0.00216	67-маркерный гаплотип в формате FTDNA

25-маркерных гаплотипов в списке Мак-Доналдов было 60, и дерево их гаплотипов приведено на рис. 3. Дело в том, что восемь человек ограничились при тестировании 12-маркерными гаплотипами. Видно, что дерево продолжает усложняться, и в нем осталось только 18 базовых, и имеется 69 мутаций. Это дает $\ln(60/18)/0.046 = 26 \pm 4$ поколений до общего предка по числу базовых гаплотипов, и $69/60/0.046 = 25 \pm 4$ поколений по числу мутаций.

Совпадение почти идеальное – и логарифмического метода с линейным, и с ожидаемым числом поколений до общего предка Мак-Доналдов. Базовый (предковый) 25-маркерный гаплотип Мак-Доналдов имеет вид:

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

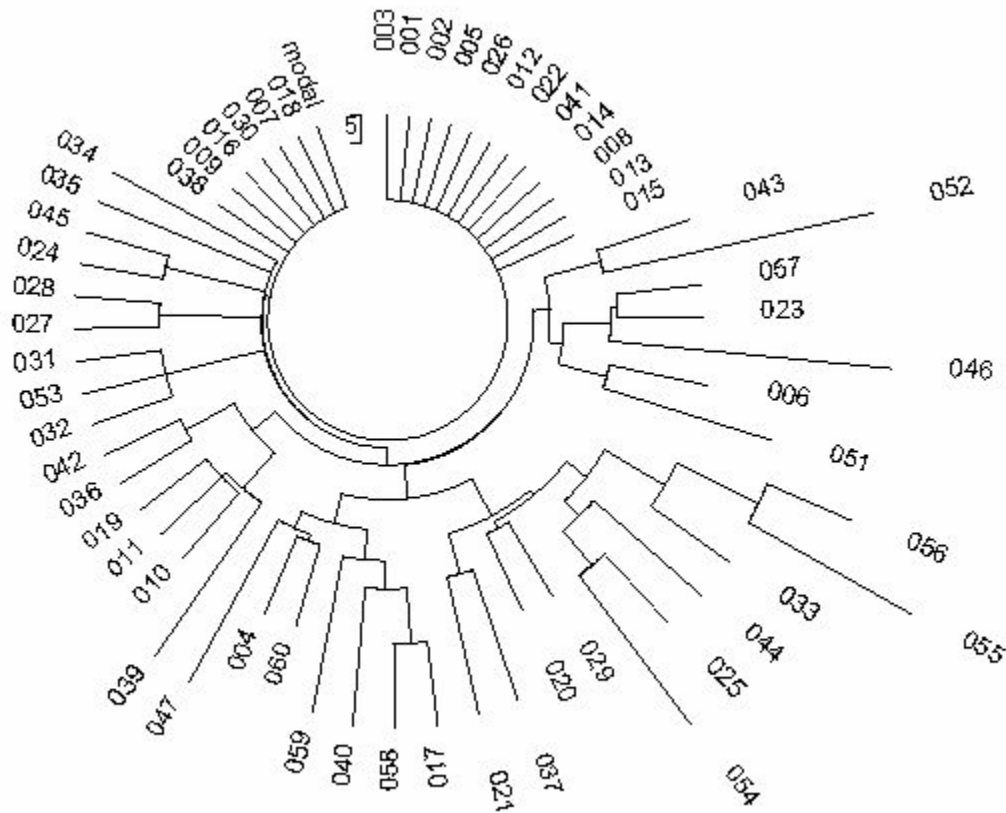


Рис. 3. Дерево 25-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке - 60 гаплотипов.

Дерево 37-маркерных гаплотипов Мак-Доналдов приведено на рис. 4. Совершенно наглядная картина усложнения дерева при переходе к столь протяженным гаплотипам. Базовых гаплотипов не осталось, слишком высока вероятность, что они не выживут без мутаций на протяжении 26-ти поколений от общего предка. Точнее, остался один базовый гаплотип (номер 001 на дереве), но от него для расчетов пользы мало. Поэтому в данном случае базовый гаплотип определяется как тот, от которого ко всем остальным имеется наименьшее количество мутаций. Иначе говоря, он центровой, эквидистанционный в серии гаплотипов. Это понятно, поскольку от него и шли все мутации в гаплотипах потомков. Базовый 37-маркерный гаплотип выглядит так:

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 38 12 11

Здесь пунктирными линиями отделены панели гаплотипов – первая (1-12 маркеры), вторая (13-25 маркеры) и третья (26-37 маркеры). «Сцепленные» аллели 19-21 выделены (они имеют порядковые номера 28 и 29, если считать слева направо), это – характерные аллели для семейства Доналдов, отличающиеся из от гаплотипов практически всего мира. Речь об этом пойдет ниже, а сейчас заметим, что аллели – это повторяющиеся нуклеотидные прогоны в соответствующих участках ДНК, называемых «маркерами», или «локусами».

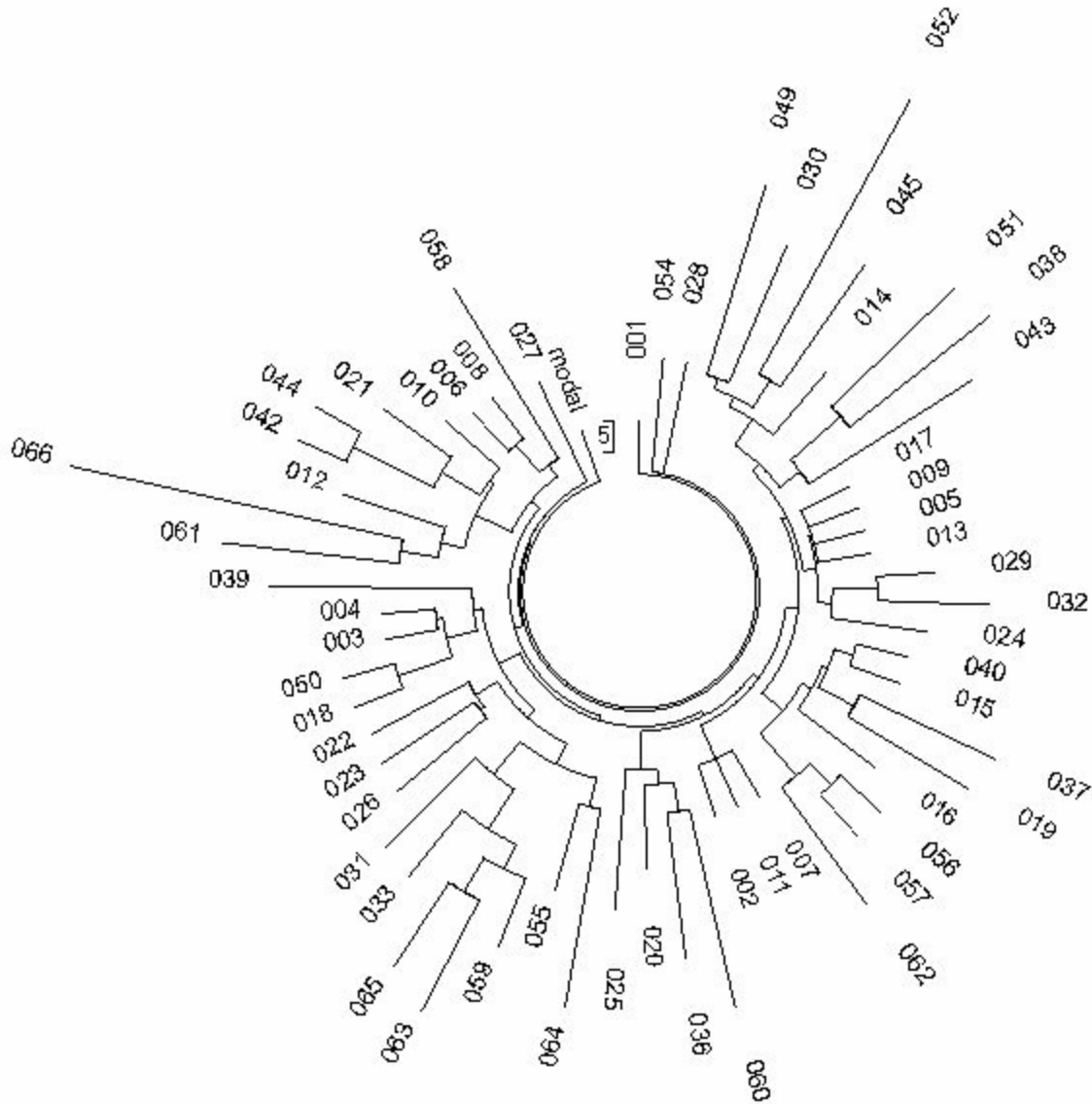


Рис. 4. Дерево 37-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке – 59 гаплотипов.

У Доналдов это прогоны повторены подряд 19 и 21 раз, соответственно. У восточных славян, например (той же гаплогруппы R1a1) они обычно повторяются 19 и 23 раза, соответственно. К этому мы еще вернемся.

На все 59 гаплотипов имеются 178 мутаций. Это дает $178/59/0.09 = 34$ поколения до общего предка. Иначе говоря, с мутациями на этом дереве перебор. Рассмотрение мутаций сразу выявляет причину этого перебора. Всего один маркер из 37 дал пятую часть всех мутаций, а именно 36. Это – маркер CDYb, который в таблице Чандлера выше действительно зашкаливает по мутациям наряду с его близнецом CDYa, с которым они еще и сцеплены. Если его снять, то получится $142/59/0.09 = 27 \pm 3$ поколения до общего предка, что вполне приемлемо.

Этот пример показывает, что 37-маркерные гаплотипы могут давать сбои (но не всегда, хотя никогда заранее неизвестно, будет перебор с мутациями или нет), поэтому в равных ситуациях для расчетов предпочтительны 25-маркерные гаплотипы. Хотя часто 25-маркерные и 37-маркерные гаплотипы в сериях дают практически идентичные результаты. Это, конечно, наилучшее доказательство, что расчет верный.

Наконец, на рис. 5 приведено дерево 67-маркерных гаплотипов Мак-Доналдов. В нем – 98 мутаций на все 26 гаплотипов, что дает $98/26/0.145 = 26 \pm 4$ поколений до общего предка. Опять замечательная сходимость с результатами других расчетов и с данными «классической» генеалогии.

Эти примеры показывают, что расчеты как по базовым гаплотипам, так и по мутациям дают воспроизводимые данные, и это показано уже на десятках серий гаплотипов самых разных гаплогрупп. Прежние сомнения, что скорость мутации может на самом деле меняться при переходе к древним сериям гаплотипов (то есть происходящих от древних предков, тысячи и десятки тысяч лет назад) были развеяны недавней работой (Sun et al, 2009), выполненной совместным коллективом Гарвардского университета и Массачусетского технологического института, согласно которой маркеры в гаплотипах представляют собой точные «молекулярные часы» с постоянной средней скоростью мутаций на протяжении как минимум 2 миллиона лет. Это было показано сопоставлением почти тысячи маркеров в человеческих популяциях по всему миру и сотен маркеров в шимпанзе, наряду с анализом нуклеотидных последовательностей всего генома. В этой же работе было показано, что наиболее древние популяции человечества – это популяции африканских племен Сан, пигмеев Биака и пигмеев Мбути, и что африканские популяции отделены генным «разрывом» от неафриканских популяций человека. Это, пожалуй, наиболее убедительная

работа, свидетельствующая об Африке как прародине современного человека, наших современников.

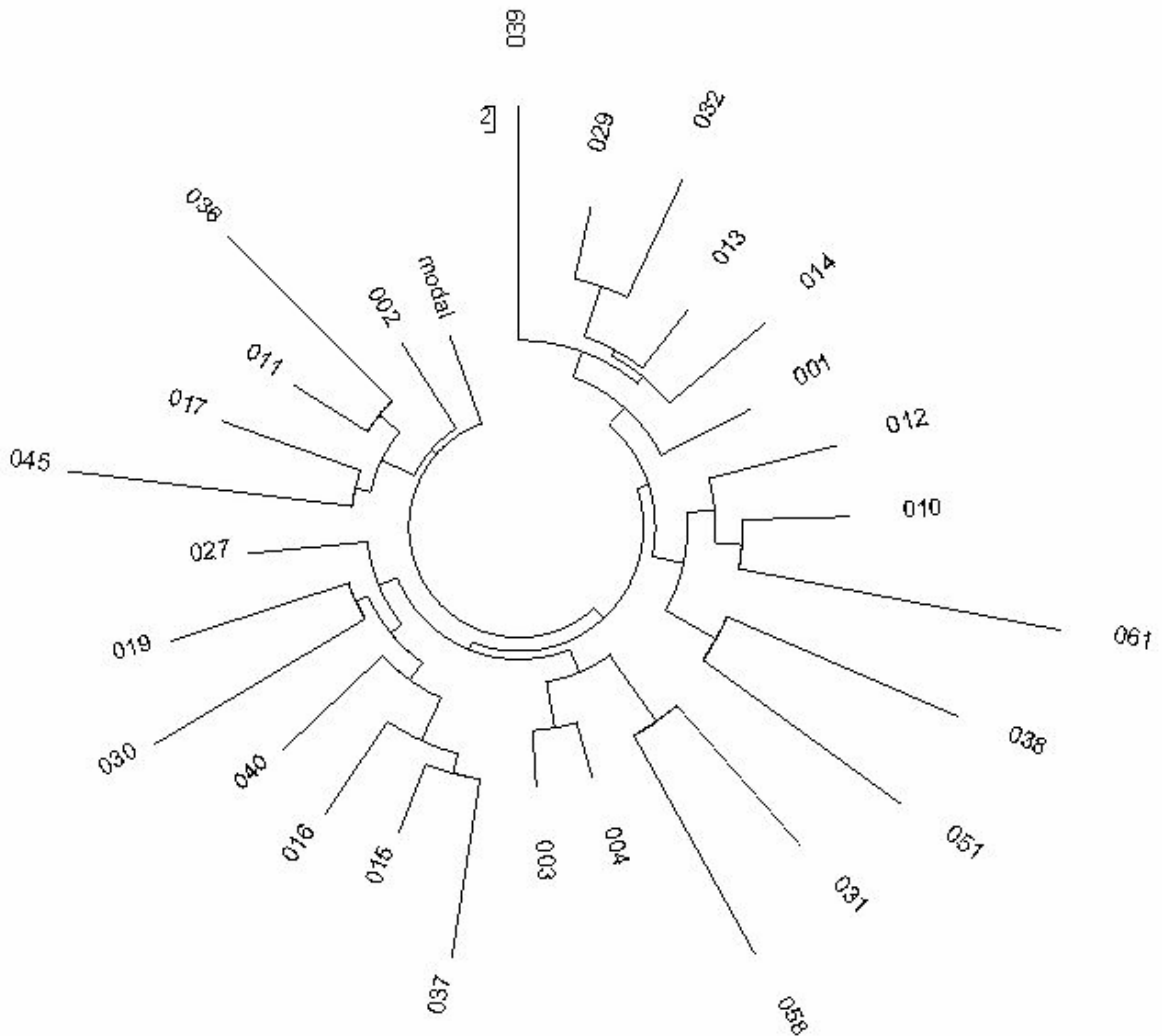


Рис. 5. Дерево 67-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналдов гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналдов, 2007). В выборке - 26 гаплотипов.

Возвращаемся к семейству Мак-Доналдов.

К концу прошлого, 2008 года, в списке Мак-Доналдов было уже 84 человека (25-маркерное дерево гаплотипов приведено на рис. 6).

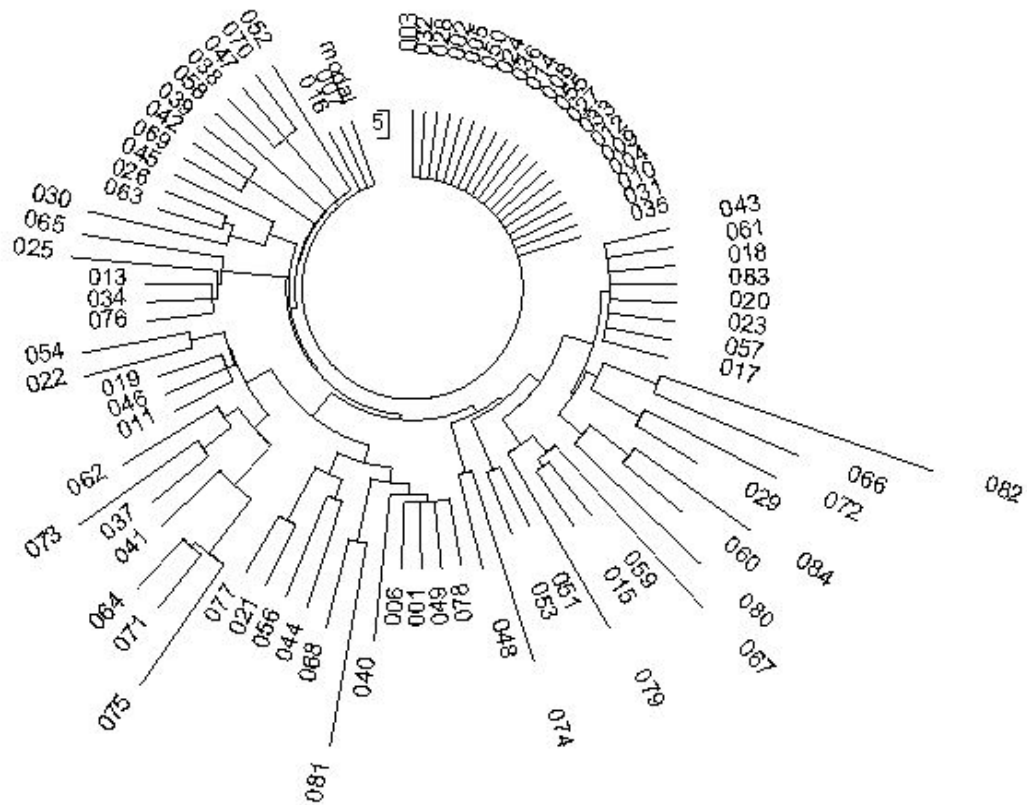


Рис. 6. Дерево 25-маркерных гаплотипов семейства Мак-Доналд гаплогруппы R1a1 (по данным Мак-Доналд, 2008). В выборке - 84 гаплотипа.

В этой, новой серии гаплотипов -

12-маркерные гаплотипы - 52 базовых (из 84), 44 мутации

25-маркерные гаплотипы - 21 базовый (из 84), 109 мутаций

Базовые гаплотипы были, естественно, теми же. Это дало:

12 - маркерные гаплотипы:

$\ln(84/52)/0.022 = 22 \pm 4$ поколений до общего предка, и

$44/84/0.022 = 24 \pm 4$ поколения,

25 - маркерные гаплотипы:

$\ln(84/21)/0.046 = 30 \pm 7$ поколений до общего предка, и

$109/84/0.046 = 28 \pm 4$ поколений

В среднем эти средние значения дают 26 ± 4 поколения до общего предка Мак-Доналдов. Как видно, увеличение выборки от 68 до 84 приводит к тому же результату.

В середине 2009 года число гаплотипов в серии возросло до 102, но при этом был расширен круг членов «семейства». Были введены те, кто ведет свой род не от Джона Лорда островов, а от его предка, Сомерледа, который по легендам жил в 12-м веке. Число мутаций в гаплотипах серии сразу резко увеличилось.

102 гаплотипа Мак-Доналдов в 25-маркерном формате содержат 156 мутаций, что дает $156/102/0.046 = 33$ поколения, то есть 825 ± 110 лет до общего предка. Это – граничный период времени, когда надо вводить поправку на возвратные мутации, что увеличивает полученную величину до 34 поколений до общего предка, то есть 850 ± 110 лет назад. Это – 12-й век (плюс-минус столетие) до нашей эры. Действительно, времена Сомерледа. Иначе говоря, введенные в список гаплотипы вели свою линию действительно от Сомерледа (или от его современника), что и привело к уходу времени жизни общего предка всех 102 гаплотипов в более древние времена, в 12-й век. Как видно, результаты расчетов весьма чувствительны к времени жизни общих предков.

Наконец, в декабре 2009 года число гаплотипов МакДоналда возросло до 113, и число мутаций в 25-маркерных гаплотипах стало 170. Это помещает общего предка всей выборки на те же $170/113/25/0.00183 = 33$ поколения (без поправки на возвратные мутации), или на 34 поколения (с поправкой). Как было только что отмечено выше, это 12-й век. Действительно, согласно средневековым хроникам, Сомерлед, гэло-норвежский полководец, основатель и первый правитель королевства Островов на Гебридах и западном побережье Шотландии, правил в 1156-1164 гг. Совпадение практически абсолютное.

Собственно, показать это – и была цель данного раздела. Читателю теперь должно быть ясно, что расчеты времен жизни общего предка – это не какая-то забава, это – операция, которая основана на прочном фундаменте, и которая позволяет достаточно надежно рассчитывать абсолютные времена начала генеалогических линий. А это, в свою очередь, связано с определенными историческими событиями – миграциями народов, войнами, природными катаклизмами, переселениями предков на новые места.

Это – порой бесценная информация для археологии, антропологии, истории, лингвистики.

В выпусках Вестника это уже рассмотрено на десятках конкретных примерах. Но чтобы поместить данные о семействе Мас-Доналдов в определенный, более широкий исторический контекст, и проиллюстрировать еще одну особенность ДНК-генеалогии в этой, постановочной главе, рассмотрим, с какой популяцией сопряжены Мак-Доналды на общем дереве гаплотипов гаплогруппы R1a1 (рис. 7). На нем – около девяти сот 25-маркерных гаплотипов Европы и Азии (на дереве есть немало гаплотипов США и Канады, в тех случаях, когда в базе данных были приведены места жительства наиболее удаленных предков «классической генеалогии»), известных носителю гаплотипа; во всех случаях это была Европа или Азия).

На этом дереве можно выявить 14 отдельных ветвей гаплотипов, каждая со своим общим предком. Одна из этих ветвей имеет сочетание аллелей (то есть числа повторов нуклеотидных прогонов в маркерах, как отмечалось выше), характерное для семейства Мак-Доналдов. «Сцепленные» маркеры под номерами 28 и 29, если считать слева направо в базовых гаплотипах ветвей гаплогруппы R1a1, обычно имеют аллели 19-23 (эти маркеры имеют индексы YCAII a и b), а у всех до одного членов семейства Доналдов, для которых был проведен анализ ДНК, там 19-21. Поэтому на дереве гаплотипов образовалась отдельная ветвь для всех 19-21, и тех, кто от них немного мутировал, но сохранил общую структуру гаплотипа.

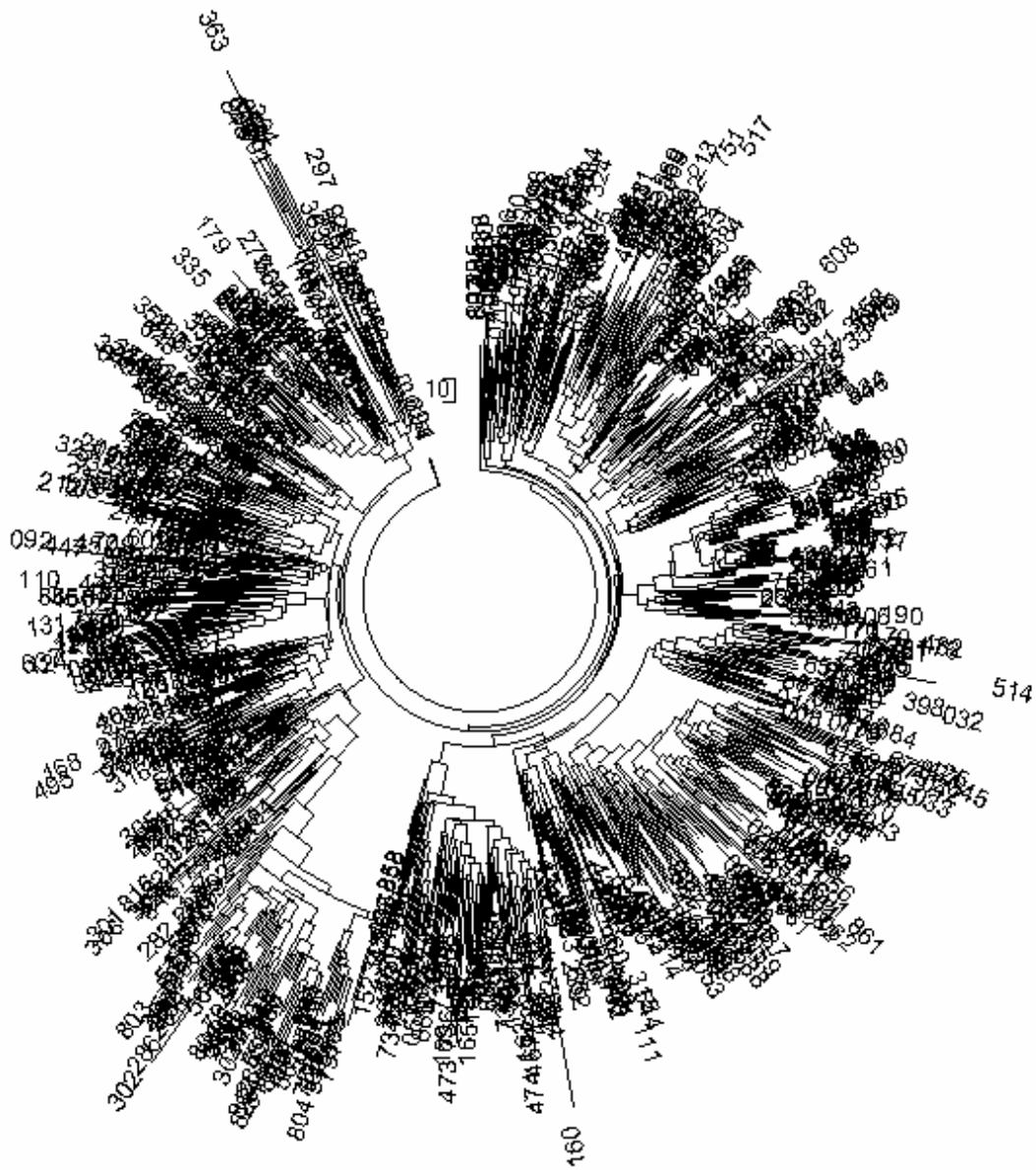


Рис. 7. Дерево 25-маркерных гаплотипов европейского и азиатского происхождения гаплогруппы R1a1 (по данным базы YSearch, 2009). В выборке – 890 гаплотипов (Рожанский и Клёсов, 2009).

Таких оказалось 105 67-маркерных гаплотипов, то есть в формате гаплотипов наивысшего доступного разрешения. 65 из них представлены семейством Мак-Доналдов (помечены буквами mc на дереве гаплотипов на рис. 8), остальные – обычными номерами. На дерево 25-маркерных гаплотипов (рис. 7) они не нанесены, чтобы не усложнять его еще больше.

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. Это – середина первого тысячелетия до н.э. Как показало более детальное исследование (Рожанский и Клёсов, 2009), этот предок жил на Русской равнине, если следовать данным археологии и древним скандинавским сказаниям. В свою очередь, этот предок на Русской равнине продолжил род более древнего общего предка, который жил примерно 4400 лет назад, и который имел почти исключительно пару 19,23 в маркерах YCAII. Где жил этот древний предок – пока неизвестно, но предположительно он принадлежал археологической культуре шнуrowой керамики в Центральной Европе. Там были обнаружены останки носителей R1a1 давности 4600 лет назад (Eulau в Германии, см. Naak et al, 2009), и отсюда предположительно было направление миграции R1a1 примерно 5-6 тысяч лет назад, которое заложило ямную, срубную и андроновскую культуру при движении на восток. В середине 1-го тысячелетия н.э., в ходе Великого переселения народов, было обратное движение R1a1 на запад, в Центральную Европу и в Скандинавию. Вполне вероятно, что пара 19,21 в маркерах YCAII образовалась на Русской равнине и принесена в Скандинавию, отсюда – на Британские острова. Среди современных носителей R1a1 на Русской равнине этой пары 19,21 пока не обнаружено. Возможно, в те времена ее имели единичные носители, которые и перешли в Скандинавию. Или остальные носители и/или их потомки не выжили.

Вторая, более «молодая» половина дерева гаплотипов на рис. 8, 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

Это – практически абсолютное совпадение со временем жизни общего предка 850 ± 110 лет назад, но рассчитанное по 102 и 113 25-маркерным гаплотипам (см. выше). Этот гаплотип происходит непосредственно от скандинавской популяции возрастом 1700 ± 220 лет, предположительно пришедший в Скандинавию в ходе Великого переселения народов, в середине первого тысячелетия нашей эры:

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 (отмечены мутации во второй панели маркеров). На самом деле там не три мутации, а 2.2 ($0.70+0.76+0.78$), что и дает указанную разницу в «возрасте» общих предков.

Итак, выстраивается следующая картина. Исходный общий предок рассматриваемой серии скандинавских гаплотипов жил примерно 4400 лет назад, предположительно в Европе, в регионе культуры шнуровой керамики. Его прямые потомки продвинулись на восток, на Русскую равнину («Великий Свитгюд» в скандинавских легендах и сагах), и 2550±330 лет назад, в середине первого тысячелетия до н.э. у его потомков на Русской равнине, или в ходе миграции на запад появилась мутация в YCAII с переходом от 19,23 в 19,21, возможно, через промежуточную форму 19,22, которая не получила развития. В середине 1-го тысячелетия н.э., в ходе Великого переселения народов, мигрантами R1a1 в Скандинавию было дано начало ДНК-генеалогической линии, продолжающей мутацию 19,21. 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.

Этот довольно подробный пример, как и весь раздел, дается с единственной целью – показать, что расчеты по гаплотипам имеют надежную основу, и позволяют проводить исторические реконструкции, как правило, не сами по себе, а в совокупности с независимыми данными. При этом независимые данные (история, археология, лингвистика) или подтверждаются, что придает им дополнительное обоснование и весомость, или не подтверждаются, что делает рассмотрение еще более интересным и важным. Вот именно там, в узлах противоречий, и ожидают нас интересные открытия.

Литература

Адамов Д.С., Клёсов А.А. (2008a) Определение возраста популяций по Y-хромосоме методами средних квадратичных отклонений. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 1, № 5, 855 – 907.

Адамов Д.С., Клёсов А.А. (2008b) Теоретическая и практическая оценка возвратных мутаций в гаплотипах Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 1, № 4, 631 – 645.

Адамов Д.С., Клёсов А.А. (2009a) Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть 1. Общая модель. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, № 1, 81 – 92.

Адамов Д.С., Клёсов А.А. (2009b) Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть 2. Погрешности расчетов. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, № 1, 93 – 103.

Адамов Д.С., Клёсов А.А. (2009с) Определение возраста популяций по STR гаплотипам Y-хромосомы. Часть 3. Примеры «линейных» и «квадратичных» моделей с учетом степени асимметрии мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, № 2, 187 – 199.

Адамов Д.С., Клёсов А.А. (2009d) Практические методы определения возраста больших выборок STR гаплотипов Y-хромосомы. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, № 3, 422 – 442.

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

Клёсов А.А. (2008с) Руководство к расчету времен до общего предка гаплотипов Y-хромосомы и таблица возвратных мутаций. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 1, №5, 812 – 835.

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

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

Клёсов, А.А. (2009а) Гаплотипы «африканской» гаплогруппы А. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, №5, 896 – 899.

Клёсов, А.А. (2009b) Гаплотипы «африканской» гаплогруппы В. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, №5, 900 – 901.

Клёсов А.А. (2009с) Гаплогруппа J2 в Индии и России. Возраст предков. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, №5, 842 – 854.

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

Клёсов А.А. (2009е) Расчет времени жизни общих предков гаплогруппы R2 в Индии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. т. 2, № 5, 891 – 895.

Клёсов А.А. (2009f) 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.

Рожанский, И., Клёсов А. (2009) Гаплогруппа R1a1: гаплотипы, генеалогические линии, история, география. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). т. 2, №6, 974-1099.

Adams, S.M., Bosch, E., Balaesque, P.L., Ballereau, S.J., Lee, A.C., Arroyo, E., López-Parra, A.M., Aler, M., Gisbert Grifo, M.S., Brion, M., et al. (2008) The Genetic Legacy of Religious Diversity and Intolerance: Paternal Lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula. *Amer. J. Hum. Genet*, 83, 725 – 736.

Battaglia, V. et al. (2008) Y-chromosomal evidence of the cultural diffusion of agriculture in southeast Europe. *European Journal of Human Genetics* advance online publication 24 December 2008.

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. (2003) Multiple origins of Ashkenazi Levites: Y chromosome evidence for both Near Eastern and European ancestries. *Am. J. Hum. Genet.* 73, 768 – 779.

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.

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

Chiaroni, J., King, R.J., Myres, N.M., Henn, B.M., Ducourneau, A., Mitchell, M.J., Boetsch, G., Sheikha, I., Lin, A.A., Nik-Ahd, M., Ahmad, J., Lattanzi, F., Herrera, R.J., Ibrahim, M.E., Brody, A., Semino, O., Kivisild, T. and Underhill, P.A. (2009)

The emergence of Y-chromosome haplogroup J1e among Arabic-speaking populations. *European Journal of Human Genetics* advance online publication 14 October 2009; doi: 10.1038/ejhg.2009.166.

Cinnioglu, C., King, R., Kivisild, T., Kalfoglu, E., Atasoy, S., Cavalleri, G., Lillie, A.S., Roseman, C.C., Lin, A.A., Prince, K., Oefner, P.J., Shen, P., Semino, O., Cavalli-Sforza, L.L. and Underhill, P.A. (2004) Excavating Y-chromosome haplotype strata in Anatolia. *Hum. Genet.* 114, 127 - 148.

Contu, D., Morelli, L., Santoni, F., Foster, J.W., Francalacci, P., Cucca, F. (2008) Y-Chromosome based evidence for pre-neolithic origin of the genetically homogeneous but diverse Sardinian population: inference for association scans. *PLoS ONE*, 1, 1 - 8

Cordaux, R., Bentley, G., Aunger, R., Sirajuddin, S.M., Stoneking, M. (2004) Y-STR haplotypes from eight South Indian groups based on five loci. *J. Forensic Sci.* 49, 1 - 2.

Cruciani, F., La Fratta, R., Trombetta, B., Sabatolamazza, P., Sellitto, D. et al. (2007) Tracing past human male movements in Northern/Eastern Africa and Western Eurasia: new clues from Y-chromosomal haplogroups E-M78 and J-M12. *Mol. Biol. Evol.* 24, 1300 - 1311.

Goldstein, D.B., Linares, A.R., Cavalli-Sforza, L.L. and Feldman, M.W. (1995) Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 92, 6723 - 6727.

Fornarino, S., Pala, M., Battaglia, V., Maranta, R., Achilli, A., Modiano, G., Torroni, A., Semino, O., Santachiara-Benerecetti, S.A. (2009). Mitochondrial and Y-chromosome diversity of the Tharus (Nepal): a reservoir of genetic variation. *BMC Evolutionary Biology* 2009, 9:154.

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.

Hammer, M.F., Redd, A.J., Wood, E.T., Bonner, M.R., Jarjabazi, H., Karafet, T., Santachiara-Benerecetti, S., Oppenheim, A., Jobling, M.A., Jenkins, T., et al. (2000) Jewish and Middle Eastern non-Jewish populations share a common pool of Y-chromosome biallelic haplotypes. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*. 97, 6769 - 6774.

Hammer MF, Behar DM, Karafet TM, Mendez FL, Hallmark B, Erez T, Zhivotovsky LA, Rosset S, Skorecki K. (2009) Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. *Hum. Genet.* 126, 707-717.

Heyer, E., Puymirat, J., Dieltjes, P., Bakker, E., and de Knijff, P. (1997) Estimating Y chromosome specific microsatellite mutation frequencies using deep rooting pedigrees. *Human Mol. Genetics* 6, 799 – 803.

Jobling, M.A., and Tyler-Smith, C. (1995) Fathers and sons: the Y chromosome and human evolution. *TIG*, 11, 449 – 456.

Karafet, T.M., Zegura, S.L., Posukh, O., Osipova, L., Bergen, A., Long, J., Goldman, D., Klitz, W., Harihara, S., de Knijff, P., et al. (1999) Ancestral Asian source(s) of New World Y-chromosome founder haplotypes. *Am. J. Hum. Genet.* 64, 817 – 831.

Kayser, M., Roewer, L., Hedman, M., Henke, L., Hemke, J., Brauer, S., Kruger, C., Krawczak, M., Nagy, M., Dobosz, T., et al (2000) Characteristics and frequency of germline mutations at microsatellite loci from the human Y chromosome, as revealed by direct observation in father/son pairs. *Am. J. Hum. Genet.* 66, 1580 – 1588.

King, T.E., Parkin, E.J., Swinfield, G., Cruciani, F., Scozzari, R., Rosa, A., Lim, S.-K., Xue, Y., Tyler-Smith, C., Jobling, M. (2007) Africans in Yorkshire? The deepest-rooting clade of the Y phylogeny within an English genealogy. *Eur. J. Human Genetics*, 15, 288 – 293.

Klyosov, A.A. (2009a) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. *J. Genetic Genealogy*, 5, 186-216.
<http://www.jogg.info/52/files/Klyosov1.pdf>

Klyosov, A.A. (2009b) DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. II. Walking the map. *J. Genetic Genealogy*, 5, 217-256.
<http://www.jogg.info/52/files/Klyosov2.pdf>

Klyosov, A.A. (2009c) A comment on the paper: Extended Y chromosome haplotypes resolve multiple and unique lineages of the Jewish Priesthood. *Human Genetics*, 126, 719-724.

Mertens, G. (2007) Y-Haplogroup frequencies in the Flemish population. *J. Genetic Genealogy* 3, 19 – 25.

Mulero, J.J., Chang, C.W., Calandro, L.M., Green, R.L., Li, Y., Johnson, C.L., and Hennessy, L.K. (2006) Development and validation of the AmpFISTR Yfiler PCR amplification kit: a male specific, single amplification 17 Y-STR multiplex system. *J Forensic Sci* 51, 64 – 75.

Nebel, A., Filon, D., Weiss, D.A., Weale, M., Faerman, M., Oppenheim, A., and Thomas, M. (2000) High-resolution Y chromosome haplotypes of Israeli and Palestinian Arabs reveal geographic substructure and substantial overlap with haplotypes of Jews. *Hum. Genet.* 107, 630 – 641.

Nebel, A., Filon, D., Brinkmann, B., Majumder, P.P., Faerman, M., and Oppenheim, A. (2001) The Y chromosome pool of Jews as part of the genetic landscape of the Middle East. *Am. J. Hum. Genet.* 69, 1095 – 1112.

Nei, M. (1995) Genetic support for the out-of Africa theory of human evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 92, 6720 – 6722.

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

Takezaki, N. and Nei, M. (1996) Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* 144, 389 – 399.

Thanseem, I., Thangaraj, K., Chaubey, G., Singh, V.K., Bhaskar, L.V., Reddy, M.B., Reddy, A.G., Singh, L. (2006) Genetic affinities among the lower castes and tribal groups of India: Inference from Y chromosome and mitochondrial DNA. *BMC Genet.* 2006 Aug 7; 7(1):42.

Tofanelli, S., Ferri, G., Bulayeva, K., Caciagli, L., Onofri, V., Taglioli, L., Bulayev, O., Boschi, I., Alù, M., Berti, A., Rapone, C., Beduschi, G., Luiselli, D., Cadenas, A.M., Awadelkarim, K.D., Mariani-Costantini, R., Elwali, N.E., Verginelli, F., Pilli, E., Herrera, R.J., Gusmão, L., Paoli, G., Capelli, C. (2009) J1-M267 Y lineage marks climate-driven pre-historical human displacements. *Eur. J. Hum. Genetics*, 1 – 5.

Underhill, P.A., Shen, P., Lin, A.A., Jin, L., Passarino, G., Yang, W.H., Kauffman, E., Bonne-Tamir, B., Bertranpetit, J., Francalacci, P., et al. (2000) Y chromosome sequence variation and the history of human populations. *Nature genetics* 26, 358 - 361.

Underhill, P.A., Myres, N.M., Rootsi, S., Metspalu, M., Zhivotovsky, L.A., King, R.J. et al (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Eur. J. Human. Genet.*, advance online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194

Walsh, B. (2001) Estimating the time to the most common ancestor for the Y chromosome or mitochondrial DNA for a pair of individuals. *Genetics* 158, 897 - 912.

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.

Zalloua, P.A., Xue, Y., Khalife, J., Makhoul, N., Debiane, L., Platt, D.E., Royyuru, A.K., Herrera, R.J., Hernanz, D.F.S., Blue-Smith, J., Wells, R.S., Comas, D., Bertranpetit, J., Tyler-Smith et al. Y-Chromosomal diversity in Lebanon is structured by recent historical events. *Amer. J. Hum. Genet.* 82, 973 - 882 (2008).

Zhivotovsky, L.A., and Feldman, M.W. (1995) Microsatellite variability and genetic distances. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*, 92, 11549 - 11552.

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

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 11

Анатолий А. Клёсов

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

ПИСЬМО ТРИДЦАТЬ ЧЕТВЕРТОЕ

Наша группа из 10 однофамильцев хотела бы определить, родственники ли мы, и если да, то насколько близко или далеко. Некоторые из нас убеждены, что наш род идет от Шаховских (фамилия похожа), то есть что мы – Рюриковичи. У пятерых из нас гаплогруппа R1a1, у двоих N1, у одного I1, и гаплогруппа еще одного пока неизвестна. 17-маркерные гаплотипы всех десяти приводим.

Вопросы у нас такие:

1. Как правильно считать время до общего предка, если это группа людей?
2. Поскольку у двоих гаплотипы R1a1 сходны, а у остальных троих нет, можно ли их считать дальними родственниками? Может, объединить всех R1a1 и считать общего предка для них?
3. Можно ли утверждать что-то определенное насчет родства с Шаховскими?

МОЙ ОТВЕТ:

Более-менее близких родственников в Вашем списке нет. Да и искать их на парах гаплотипов, тем более 17-маркерных - дело пустое. Вот простой пример, который должен служить Вам ориентиром: два 17-маркерных гаплотипа, отличающихся на одну мутацию (в любом маркере) имеют общего предка, который жил 375 ± 375 лет назад, то есть в интервале 0 - 750 лет с 95%-ной надежностью.

Как видите, эта информация по значимости практически нулевая. Да и два совпадающих 17-маркерных гаплотипа дают практически такой же

временной интервал времени жизни для общего предка (поскольку одна мутация есть или ее нет - дело совершенно статистическое и почти равнозначное). То есть ничего определенного в подобных случаях сказать нельзя.

2 мутации разницы на 17-маркерных гаплотипах - это 750 ± 540 лет до общего предка (здесь и далее - для 95%-й надежности).

3 мутации на трех 17-маркерных гаплотипах (это - ваш пример) дают 750 ± 440 лет до общего предка.

3 мутации на двух 17-маркерных гаплотипах (это тоже ваш пример) дают 1150 ± 670 лет до общего предка.

Наконец, 6 мутаций на трех 17-маркерных гаплотипах (это тоже ваш пример) дают 1575 ± 660 лет до общего предка.

Никого из них родственником назвать нельзя, если нет абсолютного совпадения по 17-маркерным гаплотипам, да и то, если фамилия такая же.

С Шаховскими Вы теперь сами разберетесь, тем более там и пересекающихся маркеров меньше. То же самое - только абсолютное совпадение даст родственников, на крайний случай только одна мутация, которая может случайно проскочить у кого угодно.

Удачи.

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ

А если взять нас троих, гаплогруппа N, то можно подобрать предковый гаплотип, от которого каждый из нас имеет только одну мутацию. Одна мутация на 17 маркерах за 500 лет - это ведь норма?

МОЙ ОТВЕТ:

"Норма" для чего? Как только вы уходите к одному человеку, возрастает неопределенность и погрешность. В ДНК-генеалогии есть свой "принцип неопределенности", а в неопределенности норм быть не может. У вас не "каждый имеет одну мутацию" (хотя технически это так), а трое имеют три мутации. Это - 750 ± 440 лет до общего предка. Замечаете размер неопределенности? Она потому, что если взять 20 гаплотипов, не факт, что

гаплотип общего предка останется тот же, и число мутаций для каждого не сдвинется. И первый гаплотип, например, не станет предковым. И на вас троих будет 4 мутации от него, а это уже 1025 ± 520 лет от общего предка. Как видите, эти оценки перекрываются, так что ответ в принципе тот же.

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ

Хотел еще спросить по поводу фактора многодетности. Если считать вероятности возникновения мутаций, то чем больше потомков у каждого предка, тем более вероятность, что у кого-нибудь из большого множества потомков появится мутация/мутации, и эта вероятность тем больше, насколько я знаю из источников, чем больше возраст предка, который дает потомство.

И еще - я рассчитывал дистанцию в годах возраст до общего предка, пользуясь ДНК-калькулятором, и у меня получилось в два раза больше. Почему так?

МОЙ ОТВЕТ

По поводу «фактора многодетности» - типичное заблуждение. Мутаций больше, но они делятся на количество детей, поэтому вероятность та же самая. Ваш личный гаплотип связан одной цепочкой с любым прямым предком, и ЭТОЙ цепочке все равно, сколько у кого было детей. Вероятность мутации определяется числом поколений в этой цепочке, и только этим. Там есть некоторые нюансы, но очень частные.

А что касается возраста отца - то это все усредняется при расчетах выборок. У одного был старше, у другого моложе. Все это настолько незначительные факторы, что на них не стоит обращать внимания. Вы же видите, какие получаются погрешности на малых выборках. Возраст отца по сути ничего не изменит, потому что отцов в цепочке много. Хотя действительно, есть такие данные, что с возрастом отца вероятность мутации возрастает. Но это при рассмотрении одной пары отец-сын.

Что касается ДНК-калькулятора, то вы, видимо, считали ДИСТАНЦИЮ между гаплотипами. Если принять, что два гаплотипа равнодистанционны от общего предка, то дистанция до предка должна быть в два раза меньше.

Я бы не советовал изобретать велосипед, особенно на малых выборках. Это иллюзия "научного подхода". Тем более не стоит, произвольно меняя

результаты, подгоняя их под свои частные соображения. Размышлять над данными похвально, но не менять их. Хотя новички часто думают, что вносят что-то новое, не понимая, что над этим работают и работали сотни и тысячи людей, прокутившие сотни тысяч гаплотипов.

ПИСЬМО ТРИДЦАТЬ ПЯТОЕ

(перевод с английского)

Я читаю с интересом ваши комментарии в отношении гаплогруппы R1a1 на форуме. У меня довольно необычный гаплотип этой гаплогруппы, с DYS388=10. Можете ли вы прояснить ситуацию с его происхождением? Я – англичанин.

МОЙ ОТВЕТ:

Да, мы сейчас с коллегой И. Рожанским заканчиваем работу по описанию этой интересной ветви гаплогруппы R1a1, под условным названием «десятники». Они в свою очередь образуют две ветви гаплотипов, одна более древняя, которая возникла 2925±370 лет назад, вторая более недавняя, ведет свою линию от предка, который жил 1425±±180 лет назад, то есть в середине 1-го тысячелетия нашей эры. Похоже, что «десятники» сначала перебрались из Норвегии во Францию, например, вместе с викингами, многие из которых служили в герцогстве Нормандия, в рыцарском сословии, и затем вторглись на Британские острова в 1066 году во главе с Вильгельмом-Завоевателем. Что вы по этому поводу думаете?

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ:

Согласно некоторым источникам, «десятники» (the “tenth”) в основном живут южной и юго-западной части Англии (Wessex), куда норвежские викинги не вторгались, во всяком случае массово. Это, похоже, следы саксонцев. У меня самого совпадение на 34 из 37 маркерах с голландцем, и близкий гаплотип с немцем, с северо-запада Германии. У меня пара YCAIIa-b = 19-23, которая, как я понимаю, соответствует скорее славянскому, чем норвежскому происхождению. Можете вы на основании этой информации сказать, к каковой из двух ветвей «десятников» я принадлежу? Видимо, 3 тысячи лет назад имеет скорее скандинавскую основу, а 6-й век нашей эры – саксонскую (вкуче со славянскими Вендами). Саксонцы занимали южную часть Англии, когда вторглись викинги. В результате массы передвижений по западной и центральной Европе можно считать, что норманы – это викинги, викинги – это саксонцы, и все вместе – германцы. Славяне тоже много передвигались по Европе, особенно когда уходили от гуннов, и

наверняка встречались с саксонскими женщинами. Далее, интересно, могли ли R1a1 быть на Островах до миграции туда кельтов, или в ходе этого? Так много вариантов...

МОЙ ОТВЕТ:

Вы не совсем правы относительно географии распределения «десятников» как якобы в основном в южной Англии (Wessex). Следует смотреть не только на точные совпадения, а на ветви дерева гаплотипов, которые включают и мутированные гаплотипы. Вот карта их распределения, которая недавно была опубликована вместе с коллегой И. Рожанским:



Здесь символы с точкой соответствуют более древней ветви, без точки – более «молодой».

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ:

Спасибо за карту!!! Действительно, она показывает более полное распределение «десятников», чем я полагал. Вы правы, это указывает на

норманское вторжение. Теперь самое время с новой энергией садиться за выявление моих корней.

ПИСЬМО ТРИДЦАТЬ ШЕСТОЕ (перевод с английского)

Я из Дублина, Ирландия. С интересом читаю ваши материала по скоростям мутаций в гаплотипах. Я не имею отношения к науке, и хотел бы узнать, в чем причина моей редкой мутации в маркере DYS393=15, и что это означает? У меня гаплогруппа R1b1b2a1b4c1. Меня озадачивает то, что вы написали, что предковый гаплотип басков практически одинаков с предковым гаплотипом субклада U152, а почему я так отличаюсь?

МОЙ ОТВЕТ:

На самом деле ничего особенного в вашем маркере нет. Он отстоит на две мутации от предкового маркера (DYS393=13). Это – простая статистика, мутация туда, мутация сюда. У ваших предков получились две мутации. Это как брошенная монета два раза подряд упала решкой. Или орлом. Это бывает. Могла произойти и двойная мутация, с монетами этого уже быть не может.

В отношении басков и U152 я имел в виду другие – что их ОБЩИЙ ПРЕДОК практически один и тот же. У вас он, возможно, тот же. Но мутационный путь от него немного другой в частном случае ваших конкретных предков.

Надо согласиться, что две мутации на столь медленном маркере – это больше, чем имеют большинство людей вашей гаплогруппы (то есть вашего рода). Однако в этом есть плюс – вам легче искать ваших родственников. Они сразу выделяются в толпе. Так что ощущайте себя особенным. Совершенно нет оснований для беспокойства.

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ:

Благодарю за ответ. Я понял, что ничего особенного собой не представляю. Я думал что это мне поможет определить, когда мои предка попали на Острова.

МОЙ ОТВЕТ:

Безусловно, вы особенный. Из 750 гаплотипов гаплогруппы R1b1b2 Пиренейского полуострова, среди которых и баски, только двое имеют

DYS393=15. Вполне возможно, это и есть ваши родственники. По моим данным, именно отсюда ваши предки прибыли на Острова примерно 3600 лет назад. А на Пиренеи они прибыли 3700 лет назад после длительного тысячелетнего пути по Северной Африке с Ближнего Востока, куда в свою очередь попали примерно 5500 лет назад, перевалив через Кавказских хребет с Русской равнины, куда они прибыли из Азии, возможно, из Южной Сибири. На Русской равнине они уже датируются почти 7 тысяч лет назад. Та что времени было достаточно, чтобы DYS393 мутировал от предковой аллели 13 в 15. Так что есть хороший шанс, что глубоко в ДНК вы – баск, и это только последняя часть пути.

ПИСЬМО ТРИДЦАТЬ СЕДЬМОЕ (перевод с английского)

Я прочитал с огромным интересом ваши статьи про возможное балканское происхождение гаплогруппы R1a1 10-12 тысяч лет назад, и про другие аспекты ДНК-генеалогии. Мои собственные поиски в этом отношении начались несколько лет назад, когда у меня определили 12 маркеров и нашли гаплогруппу R1a1, снип M17. Имея эту небольшую информацию, я стал уделять пристальное внимание распределению аллелей R1a1 в разных частях мира, включая и те гаплотипы, что нашел в ваших статьях, но я так и не нашел мою конкретную последовательность, мой гаплотип. Могли бы вы взглянуть на мои аллели и выявить мое происхождение, возможно, европейское. Мне представляется, что оно германское, но возможно и русское или даже чешское. Гаплотип такой (в формате FTDNA):

13 26 17 10 11 14 12 12 11 13 11 29

Искренне Ваш,
(подпись)
Калифорния

МОЙ ОТВЕТ:

Добро пожаловать в семью R1a1. В отношении вашего гаплотипа – в нем нет ничего необычного. Все то, что вам показалось редким – это обыкновенные мутации. Основатель вашей ДНК-генеалогической линии имел определенный гаплотип, и гаплотипы его потомков образуют некоторое облако мутированных гаплотипов вокруг этого предкового гаплотипа. Ваш гаплотип – часть этого «облака». Он мог бы равновероятно мутировать и совсем в другую сторону.

К сожалению, 12 маркеров – слишком мало, чтобы отнести ваш гаплотип к какой-то определенной ветви гаплотипов на дереве R1a1. 25 маркеров были бы более информативными, 37-маркеров – еще лучше, и тем более хорошо бы иметь 67 маркеров.

С таким малым набором маркеров я только могу пока вам предложить считать себя частью центрально-европейской ветви гаплогруппы R1a1. Общий предок ветви жил 2725 ± 300 лет назад, в начале первого тысячелетия до нашей эры. У него был следующий 12-маркерный гаплотип:

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

Как видите, ваши прямые предки могли добавить только две мутации в этот гаплотип. Это совершенно нормально, поскольку 12-маркерный гаплотип мутирует в среднем раз в 1200 лет. Поэтому и появились, или могли появиться два ваших мутации за те самые 2725 лет. Другие потомки тоже же предка вполне могли получить другую пару мутаций, совершенно на других маркерах, причем одни получили одну мутацию, другие три, некоторые две мутации, опять в разных маркерах. Например, у вас из предковой 25 получось 26, из 16 получилось 17. Ничего необычного. Поэтому искать родственников по совпадениям в гаплотипе – это от непонимания сути мутаций.

Если вы планируете сделать более детальное тестирование, на более протяженных гаплотипах, дайте мне знать. Я проверю отнесение.

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ:

Спасибо за такой быстрый и информативный ответ. Я тогда действительно сделаю тест на 67 маркеров. Я знаю, что Wells предположил, что гаплогруппа R1a1 появилась на Украине, Опенгеймер указал на Индию, но я согласен, что R1a1 появились на Балканах, небольшая группа их отправилась в Центральную Европу (R1a1 нашли в пещере в Германии, в Эйлау, с датировкой 4600 лет назад), потом они вернулись на Балканы до завершения последнего ледникового периода, потом распространились по Европе на север до степей, на запад до Скандинавии и Британских островов, на восток до Индии и Пакистана.

Я определенно сообщу вам, когда сделаю тест на протяженные гаплотипы.

ПИСЬМО ТРИДЦАТЬ ВОСЬМОЕ

Тестирование на мою гаплогруппу R1b дало такую картину:

L21- L23+ L49+ M222- P311- P312- U106- U152-

На что дальше тестироваться? Я - житель Кавказа.

МОЙ ОТВЕТ:

У вас определенно древняя гаплогруппа R-L23, она же R1b1b2a. Она может быть в двух видах - либо R1b1b2a*, либо R1b1b2a1. Это видно из таблицы субкладов гаплогруппы R1b, показанной на следующей странице.

Первая - финальная, с точки зрения достигнутого уровня науки. Это означает, что дальше снипы не разработаны, хотя они несомненно есть. А не разработаны - потому что это не "европейский" вариант гаплогруппы, он остался на Кавказе (возможно, отдельные люди прошли дальше, в Анатолию и на Ближний Восток), и ими сейчас не занимаются в той мере, в какой занимаются европейскими кланами (субкладами). Характерная примета вашего субклада - DYS393=12 в гаплотипе.

L23 и L49 - это одно и то же, не знаю, зачем вам оба варианта делали. Хотя, может, там есть нюансы, и в будущем окажется, что они немного различаются. Так что может и неплохо, что сделали оба типирования.

Второй вариант имеет продолжения, это снип L51. Его вам не делали, и тогда имеет смысл сделать. Если он негативный, тогда всё, дело завершено. Потому что P311 у Вас негативный, а он идет следующим (он эквивалентен L11 и L52, см. схему внизу) по современным воззрениям. Остальные можно было и не делать, хотя они служат просто проверкой.

U106 и P312 - параллельные снипы, они идут вилкой после P311. Так что раз P311 негативный, то и они обязаны быть негативными. Так и получилось. U152 уже подчиненный у P312, так что понятно, что он у вас негативный, так и оказалось. А L21 (тоже подчиненный у P312) и подчиненный ему M222 вообще идут далеко внизу, они ясно, что негативные.

В общем, все ваши негативные снипы являются проверкой и перепроверкой выводов, так что все правильно. Похоже, что L51 образовался уже после Кавказа, и если так, то и L51 и всех последующих у вас быть уже не должно.

R	M207/M306/S1, P224, P227, P229, P232, P280, P285, S4, S8, S9
R*	-
R1	M173/P241, P225, P231, P233, P234, P236, P238, P242, P286, P294
R1*	-
R1a	L62, L63
R1b	M343
R1b*	-
R1b1	P25
R1b1*	-
R1b1b*	-
R1b1b1	M73
R1b1b2	M269, S3, S10, S13, S17
R1b1b2*	-
R1b1b2a	L23/S141, L49
R1b1b2a*	-
R1b1b2a1	L51
R1b1b2a1*	-
R1b1b2a1a	L11/S127, L52, P310/S129, P311/S128
R1b1b2a1a*	-
R1b1b2a1a1	M405/S21/U106
R1b1b2a1a1*	-
R1b1b2a1a1a	M467/S29/U198
R1b1b2a1a1b	P107
R1b1b2a1a1c	DYS439(null)/L1/S26
R1b1b2a1a1d	L48/S162
R1b1b2a1a1d*	-
R1b1b2a1a1d1	L47
R1b1b2a1a1d1*	-
R1b1b2a1a1d1a	L44, L45, L46
R1b1b2a1a2	P312/S116
R1b1b2a1a2*	-
R1b1b2a1a2a	M65
R1b1b2a1a2b	M153
R1b1b2a1a2c	M167
R1b1b2a1a2d	S28/U152
R1b1b2a1a2d*	-
R1b1b2a1a2d3	L2/S139
R1b1b2a1a2d3*	-
R1b1b2a1a2d3a	L20/S144
R1b1b2a1a2e	S68
R1b1b2a1a2f	L21/S145
R1b1b2a1a2f*	-
R1b1b2a1a2f1	M37
R1b1b2a1a2f2	M222
R1b1b2a1a2f3	P66

- • • • R1b1c M335
- R2 M124, P249, P267

Но они есть у всех европейцев. Это уже показывает, что R1b двигались через Кавказ, о чем я всегда утверждал. Но если L51 у вас окажется, то он тоже возник на Кавказе, а следующие уже позже.

Конечно, все это строится на том, что Ваши корни на Кавказе. Если ваши предки, например, с Иранского нагорья, то все это уже будет относиться к персидскому пути. Но уже немало кавказцев показали DYS393=12, так что это, наверное, все-таки Кавказ (если все они не из Персии, в части Иранского нагорья).

Вот так постепенно вырисовывается путь предков.

ПРОДОЛЖЕНИЕ ПЕРЕПИСКИ:

Спасибо за исчерпывающий ответ. Мои предки по мужской линии в 1795 году переселились из Ширвана - это в Закавказье, в нагорный Дагестан. Ширван, хоть и в Закавказье, до присоединения к России всегда был частью Персии. Ныне это территория северного Азербайджана.

МОЙ ОТВЕТ:

Значит, все-таки Кавказ, к западу от Каспийского моря. Именно поэтому я написал «Иранское нагорье», а не «Персия», потому что Кавказ своей частью тоже входил в Персию.

Вполне возможно, что носители гаплогруппы R1b двигались на юго-запад – примерно 8-6 тысяч лет назад – в Анатолию и на Ближний Восток не только через Кавказ, но и через Иранское нагорье, или в обход Каспийского моря с восточной стороны. Возможно, эти миграционные потоки будут позже выявлены с большей точностью.