

Ultima ratio

**Вестник Российской Академии
ДНК-генеалогии**

Том 3, № 6

2010 июнь

Российская Академия ДНК-генеалогии

ISSN 1942-7484

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Научно-публицистическое издание Российской Академии ДНК-генеалогии. Издательство Lulu inc., 2010.

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 Российской Академии ДНК-генеалогии, 2010. При перепечатке ссылка обязательна.

© РА-ДНК, 2010

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление	895
Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу (1). Критический разбор статьи "A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages", Patricia Balaresque et al, PLoS Biology, vol. 8, January 2010, on-line publication. А.А. Клёсов.	896
Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу (2). Критический разбор статьи "A Comparison of Y-Chromosome Variation in Sardinia and Anatolia Is More Consistent...", Laura Morelli et al, PLoS ONE, vol. 5, Issue 4, April 2010, on-line publication. А.А. Клёсов.	903
Несколько комментариев к статье А. Штрунова «Происхождение гаплогруппы I1-M253 в Восточной Европе» А.А. Клёсов	916
Дополнение. О рукописи А.М. Тюрина «К вопросу о географии гаплогруппы Y-хромосомы I1 в Восточной Европе». А.А.Клёсов.	920
Древние («неиндоевропейские») гаплотипы гаплогруппы R1a1 в северо-западном Китае. А.А.Клёсов	925
Неандертальцы. А.А. Клёсов	942
Вести с Симпозиума. А.А. Клёсов	968
Субклад R1b1b2-M153 на Пиренейском полуострове и среди басков. А.А.Клёсов.	976
ARTICLES IN ENGLISH	
DNA-lineages and origin of the "Tenth", the North-Western European subfamily R1a1 with DYS388=10. Anatole A. Klyosov	983
Irish Haplotypes and Haplogroups. Anatole A. Klyosov	1029
ПОЛЕМИКА	
Еще о ДНК-генеалогии, славянах и индоевропейцах.....	1054
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 16. А. Клёсов	1083

Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу (1)

Критический разбор статьи “A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages” (Patricia Balaresque ... Susan M. Adams... Chris Tyler-Smith and Mark A. Jobling), в сумме 16 авторов, PLoS Biology, vol. 8, January 2010, on-line publication e1000285

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

Я всё ожидаю статью популяционных генетиков, которые, описывая древние миграции, смогли бы избежать крупных ошибок и искажений в датировках и принципиальной методологии. Но пока не дождался. Видимо, сама методология популяционной генетики противопоставлена тому, что называется ДНК-генеалогией. Для генетики популяций – подходит (как и следует из названия соответствующей дисциплины), для ДНК-генеалогии, то есть истории, с обязательным внесением временной координаты, не подходит.

В этом отношении показательной представляется рассматриваемая здесь статья (Balaresque et al, 2010). Авторы – известные популяционные генетики (имена некоторых я специально привел в заголовке настоящего рассмотрения), но характер их работы, методология и выводы – просто ужасные, без преувеличения.

Начало статьи хорошее и обещающее. Были взяты много тысяч европейских гаплотипов, и из них 2574 оказались со снипом M269, то есть гаплогруппы R1b1b2. Данные сведены в таблицу, которая показывает долю этой гаплогруппы по странам и регионам (правда, без субкладов, которые в статье вообще и не упоминаются; складывается ощущение, что авторы статьи о существовании субкладов R1b1b2 и не подозревают). Данные в таблице на треть цитированы по другим источникам, на две трети данные самих авторов. Отметим в порядке убывания долю R1b1b2 (в процентах):

92.3% - Уэльс

87.1 - Испания (баски)

81.3 – Каталония
80.5 – Франция (Ile et Vilaine)
78.9 – Франция (Haute-Garonne)
78.1 – Англия (Cornwall)
77.1 – Франция (Loire-Atlantique)
76.0 – Франция (Finistere)
75.4 – Франция (баски)
72.0 – Испания (восточная Андалузия)
72.0 – Испания (Castilla La Mancha)
68.0 – Франция (Vendee)
62.8 – Франция (Baie de Somme)
62.0 – Англия (Leisestershire)
60.8 – Италия (северо-восток)
58.0 – Испания (Галиция)
55.0 – Испания (Западная Андалузия)
46.2 – Португалия (юг)
45.0 – Италия (северо-запад)
42.0 – Нидерланды
42.9 – Дания
38.9 – Германия
32.3 – Германия (Бавария)
20.6 – Словения

Далее авторы переходят к цитированию доли R1b1b2 из опубликованных источников:

19.1% – Турция (центральная часть)
17.0 – Италия (Сардиния)
13.5 – Греция
13.5 – Турция (западная часть)
12.0 – Турция (восточная часть)
11.6 – Польша
11.2 – Россия (Рославль)
5.2 – Россия (Репьевка) (??)
3.9 – Босния-Герцеговина
2.8 – Россия (Белгородская область)
2.7 – Россия (Остров) (??)
2.2 – Россия (Пристен) (??)

На этом хорошая часть статьи завершилась, так как авторы перешли к датировкам и направлениям миграций носителей гаплогруппы R1b1b2. Для этого они рассматривали всю гаплогруппу чохом, без упоминания субкладов. Для тех, кто знает, что у разных субкладов R1b1b2 пути

миграций были различны, это уже должно вызывать по меньшей мере удивление.

Далее, авторы решили датировать времена пребывания носителей гаплогруппы R1b1b2 разных регионах по радиоуглеродным датировкам археологии. Были взяты радиоуглеродные датировки по 765 древним стоянкам, и авторы решили, что все они должны относиться к гаплогруппе R1b1b2 (?!!). Более того, из этих 765 древних стоянок выбирались те, которые находятся в радиусе 150 км от современных (!!) носителей R1b1b2, для которых были измерены ранее частоты гаплогруппы R1b1b2, приведенные выше, и постулировалось, что это были стоянки именно их предков (!!).

Чтобы был более ясен абсурд этого положения, приведем конкретный пример из работы. По Турции была измерена доля R1b1b2 – на западе, в центре, и на востоке, 13.5%, 19.1% и 12.0%, соответственно. Были выбраны три древние стоянки, на западе с датировкой 9000 лет назад, в центре 9800 лет назад, и на востоке 10200 лет назад. Ясно, что эти стоянки могли быть любой гаплогруппы – G, J2, E, R1a, R1b, да и тех, кто просто не выжил до настоящего времени вместе со своей гаплогруппой. Отнесения к гаплогруппам в статье не производились. Миграции с тех стоянок могли быть в любых направлениях. Но авторы постулировали, что это были R1b1b2. Я не знаю, куда смотрели рецензенты данной работы, если они вообще были.

Наконец, авторы измеряли некие «вариации в микросателлитах», которые рассматривались в 9-маркерном виде (DYS19, 388, 389-1, 389-2, 390, 391, 392, 393, 439), и которые «в высшей степени коррелировали с ASD», то есть с квадратичным способом подсчета «мутационных дистанций». Скорости мутации, которые должны были использоваться для расчетов, в статье не приведены, но из приведенных данных ясно, что они были завышенными.

Из всего этого, если забыть (или закрыть глаза на это), что древние стоянки могли быть оставлены любой другой гаплогруппой, например, гаплогруппой G, которая тоже определенно мигрировала из Передней Азии (или через Переднюю Азию) и достигла Пиреней, причем в те же времена (время до общего предка гаплогруппы G на Пиренеях 7600 лет, для гаплогруппы J1 – 9450 лет, для J2 – 7000 лет, для K(x3) – 9100 лет) [Клёсов, 2009], то при нехитрой манипуляции получается, что носители гаплогруппы R1b1b2 мигрировали через Малую Азию с востока на запад в аккурат 10200, 9800 и 9000 лет назад. Вот и «вариации» меняются в том же направлении. Смешленный читатель, видимо, сразу догадается, что и рассчитанные TMRCA в аккурат придутся на те же археологические даты, тем более что скорости мутаций в статье и не приводятся, и проверить

невозможно. Естественно, так и есть. Времена до общего предка R1b1b2 в восточной Турции – между 10490 и 4423 лет назад, в центральной – 5561 – 11014 лет назад, в западной – 5022 – 10359 лет назад, с 95%-ной достоверностью. В хорошем совпадении с археологическими датировками. Средние величины – 7000, 7989 и 7304 лет назад, соответственно.

И, как любят популяционные генетики, тут же приведены корреляции между временами этих древних стоянок (в диапазоне от 10000 до 6000 лет назад) и долей гаплогруппы («частотой») в соответствующем регионе, а также с «вариацией микросателлитов», то есть в конечном итоге временем жизни общих предков **СОВРЕМЕННЫХ** носителей гаплотипов. Там же и прямые линии корреляций проведены.

Авторов не смущает, что, например, доля гаплогруппы R1b1b2 в популяциях практически одинакова, и составляет 12-20% в Турции, Греции, Италии, Словении, Польше, а времена древних стоянок там же – от 10000 лет Турции до 6400 лет в Польше, что времена древних стоянок 5700 лет назад как в Уэльсе, так и в России, а доля гаплогруппы R1b1b2 там 92.3% и 2.7%, соответственно – все равно линейная корреляция. То же и с «вариациями микросателлитов» в зависимости от времен древних стоянок. По всей Европе эти вариации одни и те же, от 0.2 до 0.3, причем по самым разным частям Европы, без какой-либо системы, и только в западной Турции «вариация» больше других (на востоке Турции, где самые древние стоянки, «вариация» такая же, как и везде в Европе, и, в частности, как во Франции, Испании, Нидерландах, Дании). И все равно – по одной точке западной Турции и по всем европейским проведена «линейная корреляция».

Итак, с «древними стоянками» якобы R1b1b2 можно завершать. Никакого отношения к R1b1b2 они на самом деле не имеют. Во всяком случае, пока это напрямую не показано по анализу ДНК на этих древних стоянках.

Так, а что остается? Остаются расчетные времена до общих предков R1b1b2 по всей Европе. Правда, непонятно, как рассчитывали, какие скорости мутаций использовали. По намекам понятно, что считали «квадратичным методом», но непонятно, как, и понятно, что не разделяли на субклады. А времена по ним разные по всей Европе. В итоге авторы получили такие «доверительные интервалы», что в них что угодно поместить можно. Например, в Ирландии – между 4094 до 7391 лет до общего предка, в среднем 5533 года. Что за предок – непонятно, он древнее культуры колоколовидных кубков, которая должна была прибыть в Ирландию с континента, на тысячу лет. В Испании – от 4476 до 9261 лет назад. В Дании – от 4391 до 9386 лет назад. По всей Германии – от 4627 до 7997 лет назад, а в

Баварии – от 5059 до 10139 лет назад. То есть в контекст ни с какими историческими данными не поставлены. Что получили, то и получили.

Так что и здесь информации практически никакой. А какая вообще есть? Оказывается, вот какой вывод для авторов самый важный. По их мнению, они открыли, что не 30 тысяч лет в Европе до общего предка R1b, не палеолитический он, а более недавний, из неолита. Оказывается, R1b1b2 распространился из одного источника (from a single source) на Ближнем Востоке, а именно через Анатолию в Европу в неолитические времена.

Откуда взяли, что из одного источника, что с Ближнего Востока? Да ниоткуда, нет таких данных в статье. Что, смотрели данные по R1b1b2 севернее или восточнее, чем с Ближнего Востока? Смотрели Центральную Азию как источник R1b? Нет, вообще не смотрели. Смотрели Русскую равнину как источник R1b1b2? Нет, в таблице с расчетами общих предков России вообще нет. По доле R1b1b2 Россия упомянута, а по расчетам предков – нет. А там, между прочим, самые древние общие предки гаплогруппы R1b, древнее, чем на Ближнем Востоке. А на Кавказе R1b1b2 смотрели? Нет, не смотрели. А там они древнее, чем на Ближнем Востоке.

Так что ничего в статье серьезного не остается. Вот такая «популяционная генетика».

А что можно было бы ожидать от этой статьи, если бы материал рассматривать серьезно, а не «популяционно-генетически»? Во-первых, надо было бы отставить все данные по древним стоянкам, все 765 датировок, пока не выяснилось, какие из них относятся именно к R1b1b2. Таких данных пока нет. И, видимо, когда появятся, то в Турции для R1b1b2 будут не ранее 6000 лет назад, а в Европе – не ранее 5000 лет назад, и скорее всего не ранее 4800-4600 лет назад. Те же времена будут и на Пиренейском полуострове, не ранее 4800-4500 лет назад, с переходом оттуда в Европу 4500-4200 лет назад, и далее по Европе до 3700 лет назад.

Дело в том, что не просто некие R1b1b2 пришли в Европу, а пришли они разными путями, в разные времена и разными субкладами. Так же как в разные времена и разными путями пришли в Европу R1a1 и R1b1. Одни R1b1b2 прошли с юга через Пиренеи, другие из Малой Азии на Балканы и через Италию, третьи – с Русской равнины на запад, в Европу. Источник для этих миграций была Русская равнина, с общим предком для R1b у этнических русских около 7000 лет назад. А на Русскую равнину они пришли с Урала и Центральной Азии, куда в свою очередь прибыли, вероятно, с Южной Сибири. Примерно 6000 лет назад (возможно, и раньше) R1b1b2 мигрировали с Русской равнины на Кавказ, оттуда – в

Анатолию и на Ближний Восток. Нельзя исключить, что на Ближний Восток R1b1 могли попасть и параллельным путем, напрямую из Центральной Азии, но данных к этому пока нет.

Вообще прямых свидетельств появления гаплогруппы R1b в Южной Сибири нет, это пока остается загадкой. Это можно вывести из общих соображений, только потому, что древнейшие следы гаплогрупп Q и R1a1 обнаружены в Южной Сибири, а это – потомки сводной гаплогруппы P; наконец, R1a и R1b – братские гаплогруппы, и можно ожидать, что если R1a появилась в Южной Сибири, то и R1b появилась там же. Но это вовсе не обязательно. Например, носители гаплогруппы R1 могли мигрировать куда угодно, и там, «где угодно», могла появиться мутация, определившая гаплогруппу R1b. Где это могло быть?

Это все-таки было, видимо, в Южной Сибири, и к этому есть основания так считать. Во-первых, гаплотипы группы R1b наблюдаются в регионах к востоку и югу от Урала, в основном гаплогруппы R1b1b1, но также и R1b1b2. Общий предок этих гаплотипов и европейских гаплотипов гаплогруппы R1b жил 16 тысяч лет назад (Клёсов, 2008; 2010). Далее, гаплогруппа R1b почти не встречается в Южной Сибири (на севере Китая, в сторону Северной Кореи), во всяком случае, в меньших количествах, чем гаплогруппа R1a в тех же регионах. По данным (Bittles et al, 2007) гаплогруппа R1a встречается там в количествах от 18.1% (у народности Hui) до 21.8% у Sala, 25% у Bonan и 32.1% у Dongxiang. В то же время гаплогруппа P(xR) встречается только у трех последних народностей, в количествах 3.2%, 5.6% и 9.2%, соответственно. По гаплогруппе R1b данных в цитируемой статье вообще нет. В северо-западном Китае гаплогруппа R1b-M343 встретила в выборке из 503 человек только у 10 (пять у Salar, два у Tu, и по одному у монголов, казахов и народности Bao'an), со временем до общего предка 11,325±2,100 лет, и базовым гаплотипом 13-19-15-11-X-X-X-12-X-15-14-31. Учитывая, что типичный европейский гаплотип гаплогруппы R1b1b2 (Атлантический модалный гаплотип) имеет вид 13-24-14-11-11-14-12-12-12-13-13-29, то есть между ними примерно 7 мутаций на 8 маркеров, их общий предок жил примерно 21±5 тысяч лет назад. Естественно, эта оценка имеет сугубо ориентировочный характер, но показывает, что общий предок гаплогруппы R1b жил, видимо, в Азии, поскольку европейские корни его уходят только на 4-5 тысяч лет назад.

Возвращаемся к цитируемой статье. То, что носители R1b1b2 на отрезке пути от Малой Азии до Ближнего Востока действительно мигрировали на запад, это новости давно не представляет, как полагают авторы цитируемой здесь статьи. Не представляет новости и то, что гаплогруппа R1b1b2 прибыла в Европу относительно недавно, и даже позже, чем ошибочно

полагают авторы обсуждаемой статьи – не 7-8 тысяч лет назад, а 4-5 тысяч лет назад. И не как одно племя R1b1b2, а разными миграционными путями, с разных концов Европы, взяв Европу «в клешни» по меньшей мере с трех сторон – с юго-запада, юго-востока и с востока, возможно, и с северо-востока.

Но популяционная генетика – неважный путь для внимательного рассмотрения этих вариантов. Смешивание в кучу разных субкладов, «корреляции» между некоррелируемыми показателями, манипуляции с «древними стоянками» и некорректные методы расчета времен жизни общих предков популяций – это безнадёжный путь. Для этого нужна ДНК-генеалогия в содружестве со смежными дисциплинами.

Литература

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

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

Клёсов, А.А. (2010) Гаплогруппа R1b. Часть 2. Гаплогруппа R1b по странам и регионам. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 3, 406-475.

Balaresque, P., Bowden, G.R., Adams, S.M., Leung, H.-Y., King, T.E., Rosser, Z.H., Goodwin, J., Moisan, J.-P., Richard, C., Millward, A., Demaine, A.G., Barbujani, G., Previderè, C., Wilson, I.J., Tyler-Smith, C., Jobling, M.A. (2010) A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages. PLoS Biol 8(1): e1000285. doi:10.1371/journal.pbio.1000285

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

Миграционный путь гаплогруппы R1b1b2 в Европу (2)

Критический разбор статьи “A Comparison of Y-Chromosome Variation in Sardinia and Anatolia Is More Consistent with Cultural Rather than Demic Diffusion of Agriculture”, Laura Morelli et al, PLoS ONE, vol. 5, Issue 4, April 2010, on-line publication e10419

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

Данное рассмотрение (Morelli et al, 2010) фактически продолжает предыдущее (см. стр. 897 настоящего «Вестника»), и цитируемая статья тоже развивает и обсуждает статью (Balaresque et al, 2010), обсуждаемую в предыдущем рассмотрении (хотя и ставит ее на 17-е место в списке цитирования). Интересно, что главной проблемой в статье Balaresque et al авторы цитируемой работы видят в использовании ими «генеалогических» скоростей мутаций (хотя сами скорости в статье приведены не были, но можно догадаться, что были использованы «квадратичные» расчеты), и не обращают внимания на другие принципиальные методологические несообразности. Но сами авторы цитируемой работы пошли еще дальше в несообразностях, и в качестве основных применили печально известный «коэффициент Животовского». Это сделало датировки во всей статье совершенно бессмысленными, «задрал» время прихода R1b1b2 в Европу до 32,600 лет назад на Пиренеях, 27,000 лет на Сардинии, и 19,600 лет в Анатолии. Это в свою очередь привело авторов к совершенно фантастическим выводам о том, что R1b1b2 прибыли в Европу до появления сельского хозяйства (по цитированию авторов, появившемуся на Ближнем Востоке 10 тысяч лет назад), и что миграций из Малой Азии в Европу вообще не было. По мнению авторов цитируемой работы, была передача «культурных признаков», но не миграций.

Это, собственно, и есть основные выводы работы, вынесенные в заглавие самой статьи. Они опять показывают, что популяционные генетики, когда берутся за исторические оценки, путают все на свете. Их методология в отношении ДНК-генеалогии не выдерживает никакой критики. Впрочем, об этом речь была и в первой статье в этом номере Вестника.

Что же сделали авторы цитируемой работы? Они выбрали из своей коллекции европейских и прочих гаплотипов, опубликованных ранее, 238 гаплотипов по Сардинии (гаплогруппы R1b1a1-M18, R1b1b2-M269, I2a1-M26, J2-M172, E1b1b1-M35, и G-201), определили для них 10-маркерные гаплотипы в формате DYS 393 – 390 – 19 – 391 – X – X – X – 388 – 439 – 389-1 – 392 – 393 – 461 (сами авторы использовали другой формат гаплотипов, и вместо DYS461 использовали устаревшее название DYS472). К сожалению, авторы применяли безнадёжный «метод Животовского» с «универсальной» скоростью мутации 0.00069 мутаций на маркер на поколение (Клёсов, 2009), в то время как для данных 10-маркерных гаплотипов константа скорости мутации равна 0.0018 мутаций на маркер на поколение (Klyosov, 2009), то есть в 2.6 раза выше. Следующей в этом выпуске Вестника будет разбор статьи, авторы которой использовали 8-маркерные гаплотипы, и все равно применяли ту же «универсальную константу Животовского» 0.00069, когда для тех 8-маркерных гаплотипов константа скорости мутации уже равна 0.00163. Но популяционные генетики, видимо, и не подозревают, что разные маркеры имеют разную скорость мутации. Не подозревает об этом, видимо, и сам автор «метода», Л.А. Животовский. Или, воспитанные на хомьяках и мышках-полевках как главных объектах популяционной генетики, считают, что там всё сойдёт.

Еще одна особенность цитируемой статьи – авторы во главу угла ставят «частоты», или процентный состав гаплогрупп по территориям, видимо, не понимая, что они не имеют почти никакого отношения к временам тысячелетия назад. Но это тоже особенность популяционной генетики. Действительно, для описания современности частоты гаплогрупп важны. Они и привыкли к этому, не думая, что это современность, а не далекая история, зачастую еще до многих миграций и соответствующих переселений народов.

Авторы цитируемой работы как откровение пишут, что так называемый «Атлантический модальный гаплотип» (с DYS393=13) очень распространен в Европе (в том числе среди басков, в Уэльсе, среди ирландцев), но редок в Анатолии (где DYS393 обычно равен 12), и что поэтому, оказывается, распространение сельского хозяйства с Ближнего Востока на Британские острова не сопровождалось «генетическим потоком». По меньшей мере странный переход, не так ли?

Удивительно, насколько популяционные генетики привязаны к словам «охотники-собиратели», «фермеры», «распространение сельского хозяйства». Ничего этого они, естественно, в своих построениях не видят. Это – слова-паразиты, которые ничего нового не добавляют. Это – неуклюжая и излишняя «интерпретация», просто некие кодовые слова для

заполнения смысловых пустот в тексте. Давно принято, что, скажем, 20-30 тысяч лет назад никакого «сельского хозяйства» не было, а были охотники-собиратели. Поэтому движение гаплогрупп в те времена никто к «фермерам» относить не будет просто по определению, а не потому, что это видно из гаплотипов. А для периода тысячу лет назад в Европе никто не будет упоминать про «охотников-собирателей», опять не потому, что гаплотипы их не показывают. Именно потому это – слова-пустышки в данном контексте.

Но хуже то, что авторы цитируемой статьи считают, что из Малой Азии в Европу не было миграций потому, что в Малой Азии в основном $DYS393=12$, а в Европе в основном $DYS393=13$. “Хуже” – потому что авторы не понимают про филогению гаплогрупп, про мутации в гаплотипах, про бутылочные горлышки популяций, про динамику аллелей в гаплотипах, и про то, что при миграциях популяция $DYS393=12$ вполне может перейти в $DYS393=13$. А если и понимают, то не увязывают с реалиями. $DYS393=12$ – это характерный признак субклада $R1b1b2a-L23$, первого, более «старого уровня» гаплогруппы $R1b1b2-M269$, а $DYS393=13$ – это уже пошли нисходящие субклады $L51$ и ниже. Миграции и приводят к «перетеканию» одних субкладов в другие, а бутылочные горлышки популяции ускоряют этот процесс. Например, гаплогруппа $R1b1b2-L23$, отправившаяся на запад и прибывшая на Пиренеи примерно 4800-4500 лет назад, прошла бутылочное горлышко популяции, и современные носители гаплогруппы $R1b1b2$ на Пиренеях относятся в основном к субкладу $R1b1b2a1a2-P312$, и имеют общего предка, жившего 3625 лет назад. Более чем 1000-летний период жизни $R1b1b2$ на Пиренеях исчез, не виден в сегодняшних гаплотипах. Но носители успели продвинуться к северу, и на юге Франции общий предок гаплогруппы $R1b1b2$ датируется по гаплотипам как 4200 лет назад, и принадлежит уже к следующему нисходящему субкладу $R1b1b2a1a2f-L21$, опять с маркером $DYS393=13$.

Иначе говоря, и здесь рассуждения авторов цитируемой работы неверны. Авторы забыли о простом альтернативном объяснении динамики наблюдаемых мутаций в гаплотипах. Для них если аллель другая (в данном случае 13 вместо 12 в $DYS393$), то миграций туда уже не было. Опять отметим пристрастие популяционных генетиков к фиксированным значениям аллелей. Они, видимо, не понимают, что величины аллелей в популяции образуют своеобразные облака, перетекающие друг в друга со временем и расстоянием (в ходе миграций, например), и это и есть отражение динамики мутаций в пространстве и во времени. На самом деле вероятностное описание этой динамики должно производиться с позиций кинетики химических реакций, с использованием соответствующих констант скоростей мутаций.

Так что же все-таки получили авторы цитируемой работы?

- 1) Они нашли «дихотомию» между западной и восточной сериями гаплотипов R-M269 (в субклады, как мы уже отмечали, авторы не погружались), а именно, пару 13-12 в DYS393-491 в Западной Европе и на Пиренеях, и 12-11 в тех же маркерах в Восточно-европейских гаплотипах, которые они посчитали «более недавними».

Отметим, что у авторов здесь двойная ошибка, или двойное непонимание. Эта их «дихотомия» - просто отражение двух субкладов гаплогруппы R1b1b2, точнее, двух групп субкладов. В Малой Азии и на Ближнем Востоке (добавим - и на Русской равнине, и на Кавказе) много субклада L23, которого мало в Западной Европе, потому что при миграции произошло постепенное вытеснение более ранних, «вышестоящих» субкладов (M269*, L23) «нижестоящими» субкладами (L51, U106, P312, U152 и далее по списку). Вторая ошибка - следствие применения неверной методологии расчета времени жизни общего предка. В нескольких словах - это смешивание ветвей гаплотипов и использование неверной, намного более заниженной скорости мутации, что уже объяснялось ранее в этом рассмотрении.

- 2) Авторы нашли «мост» между этими «дихотомиями», а именно пару 13-11 на Балканах.

Опять, нет нужды повторять, что это не «мост», а очередное пересечение «облаков» гаплогрупп, очередной нисходящий субклад или просто региональная группа гаплотипов, для которой характерный снип может быть пока не обнаружен. На самом деле на Балканах есть как минимум три базовых гаплотипа группы R1b1b2:

12-24-14-11-11-15-X-X-X-13-13-29

13-24-14-11-11-11-X-X-X-13-13-29

13-24-14-11-11-11-X-X-X-14-13-29

с «возрастом» от 3725 ± 765 до 4500 ± 600 и 4975 ± 1300 лет назад,

в Анатолии

12-24-14-10-X-X-X-12-12-13-13-29

с «возрастом» общего предка 6000 ± 820 лет, причем упомянутая пара (DYS 393-461) равна 12-9, то есть еще одна комбинация, не учтенная авторами

цитируемой работы. В Армении наиболее часто встречаемый базовый гаплотип

12-24-14-11-X-X-X-12-X-X-13-X

с «возрастом» 5500 лет, и видимо, тот же, или близкий к тому, что на Балканах. Он же наиболее частый на Кавказе, в более полном формате

12 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 16 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 17 –
11 11 19 23 15 15 17 17 37 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10
12 12 16 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

и с «возрастом» по мутациям 5725 ± 600 лет (956 мутаций на 112 двадцатипятимаркерных панелей), и примерно 5600 лет (два базовых гаплотипа из 112 двенадцатимаркерных панелей). Это примерное совпадение свидетельствует об одном общем предке для всех 112 кавказцев гаплогруппы R1b1b2. Соответствующее дерево гаплотипов приведено на рис. 1.

Важно знать, что 112 гаплотипов на дереве принадлежат четырем разным субкладам гаплогруппы R1b1b2 - M269* (-L23), L23* (-L51), L51* (-L11), и +L11. Но поскольку общий предок один, то он и относится к M269* на Кавказе. 18 гаплотипов M269* в серии имеют базовый гаплотип

12 24 14 **10/11** 11 14 **11** 12 12 13 **14** 29 – **17** 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 16 **16**

и 98 мутаций в них помещают общего предка этих 18 гаплотипов только на 3375 ± 480 лет назад. Иначе говоря, сами M269* прошли бутылочное горлышко популяции и сохранили только относительно недавнего общего предка, и в то же время их потомки, передвинувшись на новые территории, продолжили разнообразие в мутациях, которое и сошло на глубину почти в 6 тысяч лет назад.

Расчет, приведенный выше, нуждается в комментариях. На первый взгляд, поскольку гаплотипы включали в себя четыре разных субклада, то расчет некорректен. Но этот взгляд неверен. Дело в том, что там на самом деле обилие нисходящих субкладов, как и в любом наборе гаплотипов. У любого ныне живущего человека сотни, тысячи, и миллионы снипов, которые еще не описаны и не расклассифицированы. Поэтому при расчетах, как в приведенном выше, надо понимать, какая задача ставится. Если задачей является найти время жизни предка нисходящего субклада, то вышестоящие должны быть исключены из рассмотрения. В этом смысле расчет с учетом всех гаплотипов был бы неверен. Но если задача найти

время жизни вышестоящего субклада в серии, то в этом отношении все в порядке. Конечно, расчет может быть искажен другими факторами, например, неучетом ветвей в серии гаплогрупп, но это уже другой вопрос и другая проблема.

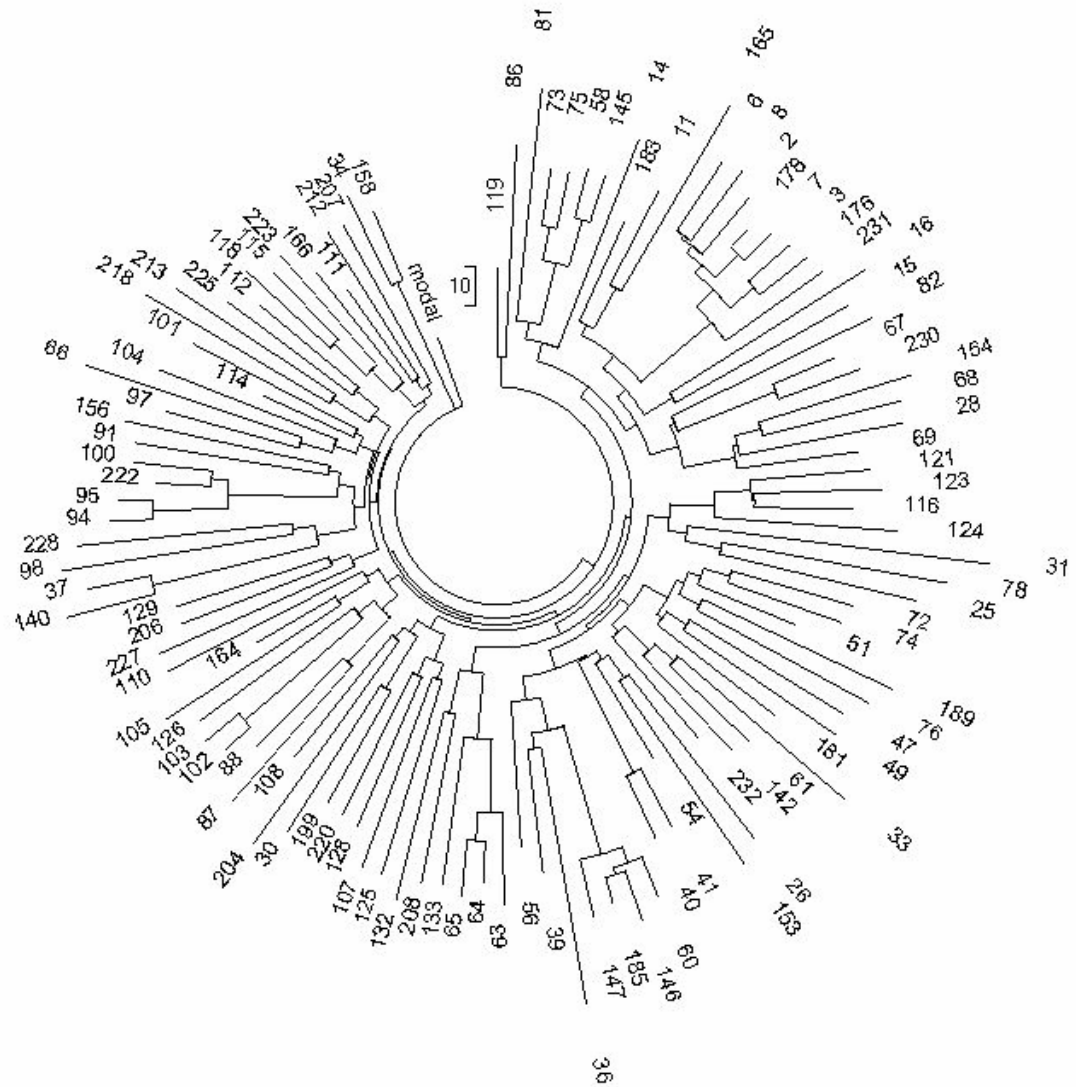


Рис. 1. Дерево из 112-ти 67-маркерных гаплогрупп гаплогруппы R1b1b2, принадлежащих четырем разным субкладам - M269* (-L23), L23* (-L51), L51* (-L11), и +L11. Все дерево имеет одного общего предка гаплогруппы M269 на Кавказе. Построено по данным сетевого «Project ht35» <http://www.familytreedna.com/public/ht35new/default.aspx>

Возвращаемся к основным находкам в цитируемой статье.

- 3) Авторы вычислили времена жизни общих предков - 32,600 лет назад на Пиренеях (с доверительным интервалом для 95%-ной достоверности между 25,000 и 80,700 лет назад), 27,000 лет на Сардинии (19,500 до 67,500 лет назад), и 19,600 лет в Анатолии (19,400 до 44,400 лет назад). Как авторы подчеркивают, «это во всех случаях совершенно определенно ранее времен появления сельского хозяйства».

Эти цифры совершенно неверные, как, соответственно, неверен и основной вывод, который авторы даже вынесли в название статьи. Неверные сами цифры, неверен их порядок по регионам, что указывает на совершенно неверную методологию, использованную авторами. Здесь даже не спасает распространенное мнение, что «коэффициент Животовского» завышает результаты расчетов в три раза. Это не так, поскольку завышение на самом деле совершенно непредсказуемое. Давайте разберемся, какова датировка на самом деле, или, формулируя более аккуратно, какая датировка ближе к реальности.

На рис. 2 приведено общее дерево гаплотипов по всем гаплогруппам и по всей Сардинии. Ветви гаплогрупп распределяются и разделяются довольно четко. Поскольку 10-маркерные гаплотипы не обладают значительной разрешающей способностью, в ряде случаев на дереве наблюдаются перескоки гаплотипов в «чужие» ветви (на дереве надписями не показаны). Хотя ошибки типирования и не исключены, но это, скорее, перекрывающиеся мутации в гаплотипах разных гаплогрупп. Субклады J2 и E на дереве не разрешены.

Видно, что гаплотипы гаплогруппы R1b1a1-M18 образуют плоскую ветвь справа на дереве. Из 13 гаплотипов M18 во всей сардинской серии 11 идентичны друг другу, то есть представляют собой предковый гаплотип. Это - недавняя семья гаплотипов. Формальный подсчет дает $[\ln(13/11)]/0.018 = 9$ поколений, то есть 225 лет до их общего предка. На все гаплотипы - 4 мутации, то есть $4/13/0.018 = 17$ поколений до общего предка. Разной в полученных цифрах (9 и 17) показывает, что картина более сложная, и что здесь - смесь двух генеалогических линий: одна, из 12 человек, ведет свое начало от общего предка примерно с конца 18-го века, и другая линия представлена всего одним человеком, но из той же гаплогруппы. Общий предок этих двух линий ведет свое начало на Сардинии ориентировочно с начала нашей эры. В любом случае, это не автохтонная линия на Сардинии.

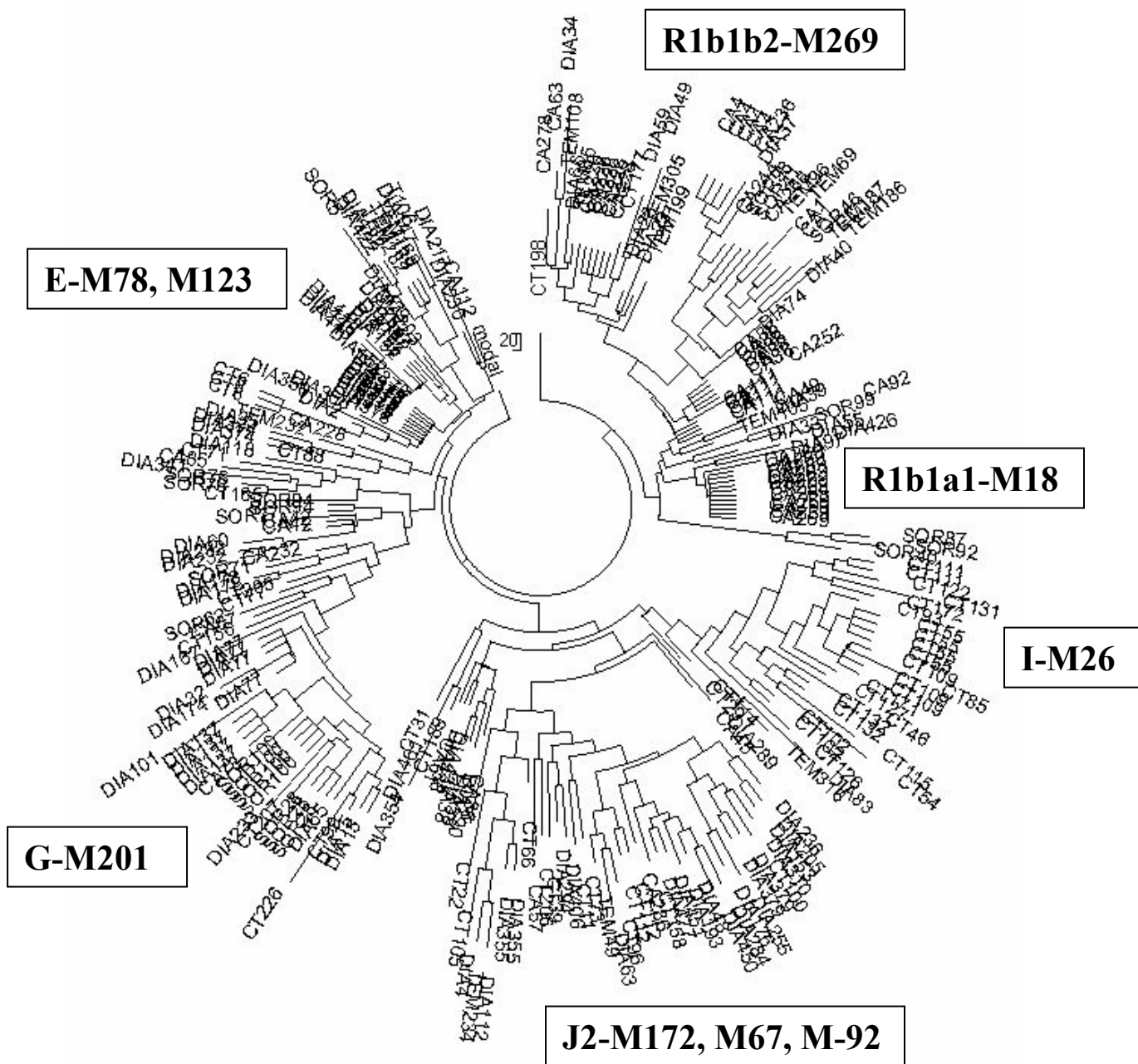


Рис. 2. Дерево из 242-ти 10-маркерных гаплотипов на Сардинии для серии гаплогрупп, указанных у соответствующих ветвей. Отдельные перескоки гаплотипов в «чужие» ветви не показаны. Подветви субкладов гаплогрупп J2 и E на дереве не разрешены, и гаплотипы этих субкладов неупорядоченно разбросаны на ветви гаплогруппы. Построено по данным Morelli et al (2010)

Сложная ветвь гаплогруппы R1b1b2-M269 из 55 гаплотипов находится совершенно изолировано в верхней правой части дерева на рис. 2. Она состоит из одной двойной ветви (17 и 19 гаплотипов, соответственно) в верхней части общей ветви, и рассыпной остальной части из 19 гаплотипов.

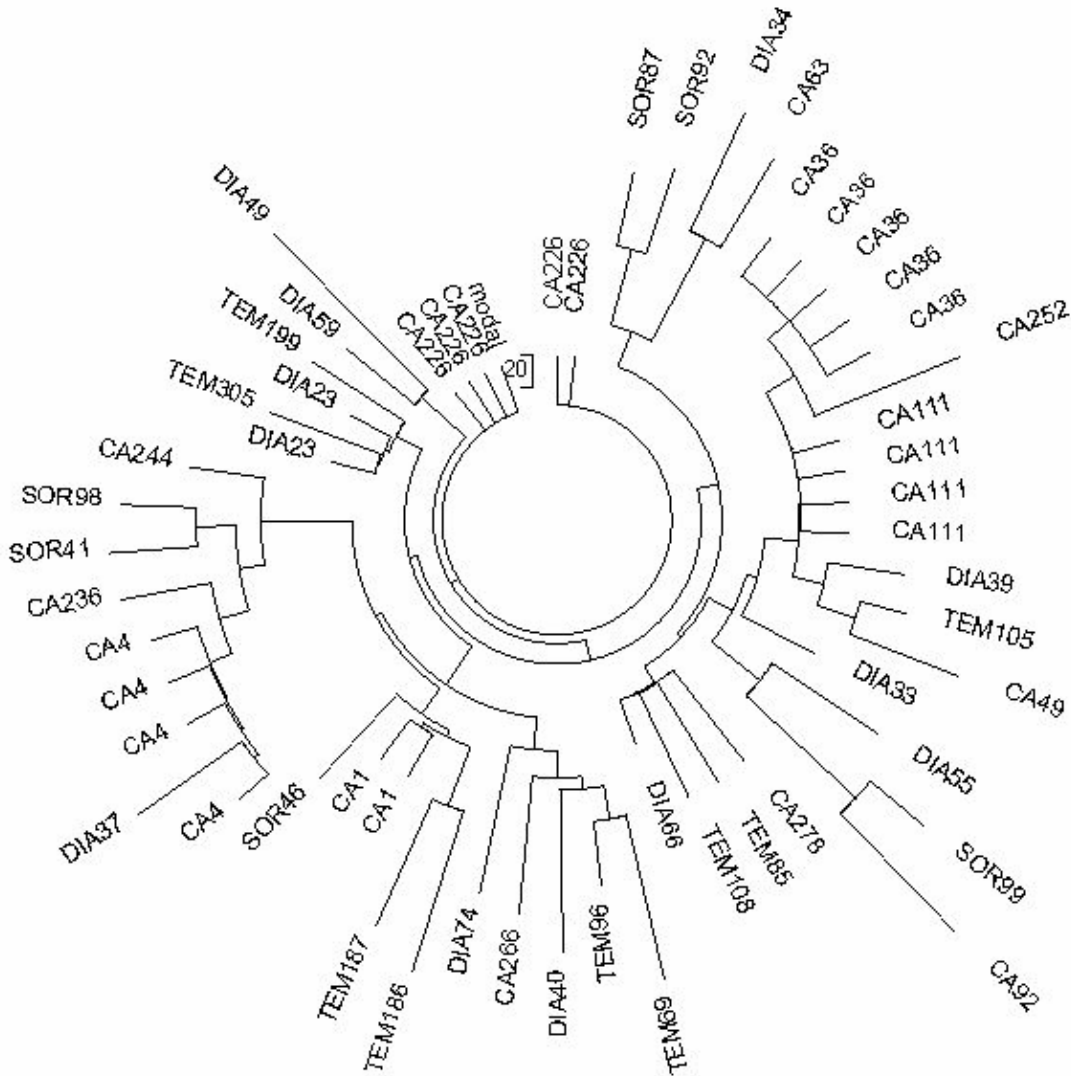


Рис. 3. Дерево из 55-ти 10-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1b2-M269 на Сардинии. Построено по данным Morelli et al (2010)

Дерево гаплотипов гаплогруппы R1b1b2-M269 показано на рис. 3. Оно несколько преобразовалось по сравнению с ветвью той же гаплогруппы на рис. 2, так как плоская ветвь из пяти гаплотипов (CA226) стала базовыми гаплотипами для всей серии гаплотипов R1b1b2 (приведены в формате FTDNA -- DYS461):

13-24-14-11-X-X-X-12-13-13-13-29 -- 12

Это – Атлантический модальный гаплотип, в котором последний маркер, DYS461, не определен; в малоазийских R1b1b2 он равен 9.

Однако более детальное рассмотрение дерева показало, что это не базовый гаплотип дерева, а всего лишь относительно молодой, и один из двух наиболее представленных в количественном отношении гаплотипов на дереве. Действительно, пять этих гаплотипов из 55 помещают общего предка всей серии на $[\ln(55/5)]/0.018 = 133$ поколений без поправки на возвратные мутации, или 154 поколения с поправкой, то есть 3850 лет назад. В то же время все дерево сходится к базовому гаплотипу

13-24-14-11-X-X-X-12-12-13-13-29 -- 12

(DYS439=12.24, как средняя величина по аллелям). Все 55 гаплотипов имеют 151 мутацию от этого базового гаплотипа, что помещает общего предка дерева на 4500 ± 580 лет назад. Это подтверждает, что дерево гаплотипов R1b1b2 Сардинии является сложным, и представляет потомков как относительно недавнего Атлантического модального гаплотипа, так и более древнего общего предка части гаплотипов.

Рассмотрим все три основные ветви дерева гаплотипов группы R1b1b2 на рис. 2 и 3. Первая сверху подветвь на дереве на рис. 2 показывает, что, действительно, серия из пяти гаплотипов SA226 входит в эту ветвь из 17 гаплотипов. Но даже и там эта серия не является базовой, в качестве которой выступает гаплотип

13-24-14-11-X-X-X-12-12-13-13-29 -- 12

то есть тот же самый, что является базовым для всего дерева гаплотипов на рис. 3. На все 17 гаплотипов этой подветви приходится 33 мутации, что помещает общего предка подветви на 3025 ± 610 лет назад. Плоская ветвь SA226, Атлантический модальный гаплотип, и там оказывается недавним. Пять гаплотипов из 17 на подветви помещает их общего предка не позже, чем в середину первого тысячелетия нашей эры.

Следующая подветвь из 19 гаплотипов на рис. 2 сохранилась в том же виде на рис. 3 как двойная ветвь слева и слева внизу, из 9 и 10 гаплотипов, соответственно. Ее можно обрабатывать как отдельно, подветвями, так и совместно, поскольку «веса» подветвей практически одинаковые. Проверим это положение. Верхняя подветвь из 9 гаплотипов (включающая четверку идентичных SA4) имеет базовый гаплотип

13-23-14-11-X-X-X-12-13-14-14-30 -- 12

и только 950 ± 400 лет до общего предка. Нижняя подветвь из 10 гаплотипов имеет базовый гаплотип

13-24-14-11-X-X-X-12-13-14-13-30 -- 12

и 3325 ± 800 лет до общего предка. Между ними – ровно две мутации, что помещает их общего предка примерно на 3700 лет назад. Судя по положению этих двух подветвей, первая – это дочерняя подветвь второй.

Если же считать мутации по всей ветви из 19 гаплотипов, то все они имеют 43 мутации от базового гаплотипа

13-23.5-14-11-X-X-X-12-13-14-13-30 -- 12

что дает 3600 ± 660 лет до общего предка. Это и есть те примерно 3700 лет, полученные при расчете ветвей по отдельности.

Наконец, есть еще третья подветвь на рис. 2, она же ветвь справа на дереве на рис. 3, из 19 гаплотипов, куда входят две совсем молодые серии (CA36 и CA111). Базовый гаплотип этой подветви

13-24-14-10-X-X-X-12-12-13-13-29 -- 12

с «возрастом» общего предка 2600 ± 530 лет.

Таким образом, гаплотипы группы R1b1b2 Сардинии представлены тремя основными ветвями, с базовыми гаплотипами

13-23.5-14-11-X-X-X-12-13-14-13-30 -- 12 (3600 ± 600 лет)

13-24-14-11-X-X-X-12-12-13-13-29 -- 12 (3025 ± 610 лет)

13-24-14-10-X-X-X-12-12-13-13-29 -- 12 (2600 ± 530 лет)

Все они различаются на 3.5 мутации на 30 маркерах, что помещает их общего предка на Сардинии на 1725 лет ниже усредненного времени жизни всех трех «промежуточных» общих предков (3075 лет назад), то есть примерно на 4800 лет назад. Обработка всего дерева дала время жизни общего предка гаплогруппы R1b1b2 на Сардинии 4500 ± 580 назад. Эти величины совпадают в пределах погрешности расчетов.

Как видно, ни о каких временах «27,000 лет на Сардинии (19,500 до 67,500 лет назад)» речи просто нет. Как и времени 19,600 лет назад в Анатолии, или 32,600 лет назад на Пиренеях. Это результат грубейших ошибок, а на самом деле полного непонимания сути расчетов.

Как было показано выше, все дерево из 55 сардинских гаплотипов R1b1b2 сводится к базовому гаплотипу

13-24-14-11-X-X-X-12-12-13-13-29 -- 12

Это и есть минимизированный гаплотип (в серии из трех базовых гаплотипов ветвей выше). Сравним его с анатолийским базовым гаплотипом той же гаплогруппы с «возрастом» 6000 ± 820 лет (Клёсов, 2010)

12-24-14-10-X-X-X-12-12-13-13-29 -- 9

Между ними четыре мутации (при учете дробных средних величин аллелей), что разводит их общих предков на 7100 лет, и помещает их общего предка примерно на 8800 лет назад. Это может свидетельствовать о том, что общий предок сардинских и анатолийских R1b1b2 жил ранее, чем он был на Кавказе или в Анатолии, и мог жить на Русской равнине. В этом случае носители гаплогруппы R1b1b2 могли попасть на Сардинию через Балканы, а не из Малой Азии. Этот предварительный вывод нуждается, конечно, в дополнительном рассмотрении и уточнении.

Литература

Клёсов, А.А. (2009) Еще раз о «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни. Развернутый комментарий на Response, M. Hammer et al, Human Genet, October 8, 2009. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, № 7, 1162-1181.

Клёсов, А.А. (2010) Гаплогруппа R1b. Часть 2. Гаплогруппа R1b по странам и регионам. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 3, 406-475.

Balaresque, P., Bowden, G.R., Adams, S.M., Leung, H.-Y., King, T.E., Rosser, Z.H., Goodwin, J., Moisan, J.-P., Richard, C., Millward, A., Demaine, A.G., Barbujani, G., Previderè, C., Wilson, I.J., Tyler-Smith, C., Jobling, M.A. (2010) A Predominantly Neolithic Origin for European Paternal Lineages. PLoS Biol 8(1): e1000285. doi:10.1371/journal.pbio.1000285

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.

Morelli, L., Contu, D., Santoni, F., Whalen, M.B., Francalacci, P., Cucca, F. (2010) A Comparison of Y-Chromosome Variation in Sardinia and Anatolia Is More Consistent with Cultural Rather than Demic Diffusion of Agriculture. PLoS ONE 5(4): e10419. doi:10.1371/journal.pone.0010419

Несколько комментариев к статье «Происхождение гаплогруппы I1-M253 в Восточной Европе»

Анатолий А. Клёсов

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

Статья (Штрунов, 2010) оставляет довольно странное впечатление. С одной стороны, познавательная компиляция, со многими цифрами из разных источников. Но гаплотипов нет. Датировок, основанных на гаплотипах, тоже нет. А что есть? Есть перечисление разных археологических культур, которые, по мнению автора, причастны к эволюции гаплогруппы I1. На чем это мнение основано? Да, в общем, ни на чем.

Какие выводы статьи? Их пять. Один – «основным видом деятельности носителей гаплогруппы I1 являлась охота и собирательство» - банален до зевоты. Его можно отнести к любой гаплогруппе, от первых африканских до последних сибирских, 45-15 тысяч лет назад. Этот вывод ровным счетом ничего не дает для понимания «происхождения» гаплогруппы I1. Так что его можно сразу вычеркивать.

Второй вывод – что корни гаплогрупп I1 находятся в аренсбургской и свидерской культуре Северной и Восточной Европы. Может быть. А может и нет. На этом мы позже остановимся. Как это было показано? Да никак.

Третий вывод – что первоначальные носители гаплогруппы I1 были долихокранными. Немудрено. Известно, что древнейшие черепа, найденные в Европе, были долихокранными. То, что они были именно I1, неизвестно, но предположить можно. Как, впрочем, и что угодно. Почти. Доказать – пока нет.

Четвертый вывод – что носители гаплогруппы I1 говорили на некоем «палеоевропейском языке», который не был ни уральским, ни индоевропейским. Возможно. Никто не знает. Он, наверное, был также и не семитским, и не сино-кавказским, и не щелкающим африканским языком. Понятно, если носители гаплогруппы I1 жили в Европе по меньшей мере 20 тысяч лет назад, их язык просто по определению был «палеоевропейским», и никаким другим просто быть не мог. И уж точно не мог быть ни уральским, ни индоевропейским, так как те появились намного позже.

Наконец, пятый вывод намекает на то, что носители I1 привели к созданию верхневолжской культуры в центре Русской равнины 8-7 тысяч лет назад. На чем это основано? Да в общем не на чем. Может быть. А может, и нет. Об этом мы опять-таки знать не можем, потому что гаплотипы группы I1 прошли бутылочное горлышко популяции примерно 3500 лет назад, как я не раз буду повторять в этом критическом разборе.

Так что в сухом остатке? Да, в общем, ничего.

Прежде чем определиться, на чем эти выводы у автора основаны, и что они дают для понимания «происхождения» гаплогруппы I1, остановимся на том, какие данные были приведены и какие гипотезы были высказаны до появления или параллельно с появлением цитируемой статьи.

В январе 2010 года вышла статья (Клёсов, 2010) под названием «Гаплогруппа I», насыщенная сериями гаплотипов и датировками общих предков разных популяций гаплогруппы I1 (в частности) в Европе и на Ближнем Востоке. Было показано, что гаплогруппа I1-M253 во всей Европе прошла жесткое бутылочное горлышко популяции примерно 3500 лет назад, так что все «частоты» этой гаплогруппы по регионам Европы, которые автор цитируемой работы старательно приводит, не имеют к древним популяциям I1 ровно никакого отношения. Это все равно как судить о местах проживания древних евреев по их «частотам» в Биробиджане и в Бердичеве.

Общие предки СОВРЕМЕННЫХ популяций гаплогруппы I1 (в подавляющем большинстве субклада I1c) жили –

-- на Британских островах 3425±350 лет назад, базовый гаплотип

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

-- в Скандинавии (Дания, Швеция, Норвегия, Финляндия) 3375±350 лет назад, базовый гаплотип

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

-- в Центральной Европе (Австрия, Бельгия, Нидерланды, Франция, Чехословакия, Венгрия, Италия, Греция, Румыния, Испания, Швейцария) 3425±350 лет назад, базовый гаплотип

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

-- в Восточной Европе (Польша, Украина, Белоруссия, Эстония, Россия, Литва) 3225±360 лет назад, базовый гаплотип

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

-- и среди этнических русских

13-22-14-10-14-14-X-X-11-12-11-29 -- 15-X-X-X-X-X-X-20

базовый гаплотип которых отклоняется всего на две мутации на 12 маркерах от базового гаплотипа Восточной Европы и имеет общего предка, который жил 3650±800 лет назад (Клёсов, 2009). Это помещает общего предка этнических русских и носителей гаплотипов гаплогруппы I1 Восточной Европы, как и гаплотипов Скандинавии гаплогруппы I1 примерно на 4600-4700 лет назад.

-- в Германии 3225±330 лет назад, базовый гаплотип

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

-- на Ближнем Востоке (Иордания, Ливан, Турция, гаплотипы евреев) 3475±480 лет назад, базовый гаплотип

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

Для сравнения - базовый гаплотип субклада I1c в 25-маркерном формате

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

и в 67-маркерном

13 23 14 10 14 14 11 14 11 12 11 28 - 15 8 9 8 11 23 16 20 28 12 14 15 16 -
10 10 19 21 14 14 17 21 35 37 12 10 - 11 8 15 15 8 11 10 8 9 10 8 12 10 22 22 16
10 12 12 15 8 25 20 13 13 12 11 11 12 11

и время жизни общего предка субклада 2275±330 лет назад. В то же время старейший предок гаплогруппы I1 жил примерно 21400 лет назад (Клёсов, 2010). Эти данные базируются на нескольких совершенно отличных по структуре гаплотипов, которые в известной манере объявлены (в сетевых дискуссиях, не в литературе) при беглом взгляде на них «ошибочными». Понятное дело - древние гаплотипы и обязаны отличаться от современных по структуре (то есть по величинам некоторых аллелей). Говорить о них

«ошибочные», не вдаваясь в аргументацию – значит априори отрицать существование в мире древних гаплотипов (то есть прямых потомков древних предков).

Так что, повторяем, современное «территориальное распределение» гаплогруппы I1, чему так много внимания уделяет автор цитируемой работы, не имеет никакого отношения к древним миграциям и территориальным распределениям гаплогруппы I1. Равно как не имеет отношения и «локальный максимум» I1 на территории центральной части европейской России, если не определять возраст его ближайших общих предков. Потому что он, это возраст, может оказаться и 400 лет назад. Что тогда делать будем?

А автор гаплотипы не рассматривал, и никаких расчетов не проводил. В этом отношении его работа напоминает типичные работы по популяционной генетике. Но никак не по ДНК-генеалогии. Поэтому все рассуждения о временах в его работе не имеют никакой ценности. Это просто голые соображения, не подкрепленные никакими данными.

На самом деле времена появления носителей гаплогруппы I в европейской части Евразии должны быть связаны с временами появления предков носителей гаплогруппы R1a, видимо, изначально гаплогруппы P. Дело в том, что те и другие – европеоиды-долихоцефалы, хотя, видимо, относительно недавние потомки гаплогрупп R1a и R1b сдвинулись к брахицефалам. Но европеоиды просто не могли появиться независимо друг от друга, первые в Европе (I), а вторые – в Азии (R). Антропология европеоидов слишком многокомпонентная и сложная система, чтобы они могли появиться независимо в разных концах Евразии. Ясно, что они долгое время развивались вместе, но в то же время позже, чем от P отделилась сводная гаплогруппа NO, ставшая монголоидами. Это по оценкам произошло примерно 45 тысяч лет назад. В итоге долихоцефальные европеоиды I мигрировали на запад, в Европу, а долихоцефальные европеоиды P мигрировали на восток, в Южную Сибирь, чтобы затем стать европеоидными гаплогруппами-родами Q и R, и далее вплоть до европеоидных R1a и R1b, вернувшихся в своей части в Европу. «Цефальность» – тоже порой динамическое понятие, на протяжении десятков тысяч лет, а порой и веков. Мы этого пока тоже не знаем, но соображения к тому есть.

Таким образом, история гаплогруппы I на Русской равнине и далее в центральной Европе составляет предположительно 40 тысяч лет. За это время образовались подгруппы I1 и I2 (возможно, не менее 30-25 тысяч лет назад), и последующие субклады.

Два фактора поддерживают приведенную выше гипотезу – обилие древних археологических памятников на Русской равнине, для которых других гаплогрупп кроме I и R трудно подобрать, и сходная европеоидность I, с одной стороны, и R1a/R1b, с другой.

Но вернемся к цитируемой статье. Повторим, что все рассуждения автора о современных частотах гаплогруппы I1-M253, прошедшей бутылочное горлышко популяции примерно 3500 лет назад, не имеют никакого отношения к частотам и распределениям гаплогруппы I1 в предшествующие этому времена. Аналогично, попытки привязки древней гаплогруппы I1 непременно к Скандинавии тоже лишены всякого основания. Это не имеет никакой связи с «древнейшими миграциями» гаплогруппы I1 «на территории Восточной Европы», как и на любых других территориях. Рассуждения автора о «палеоевропейском языке» гаплогруппы I1 тоже ничему не помогают. «Неуральская и неиндоевропейская» топонимия в междуречье Волги и Оки может с тем же успехом относиться к носителям гаплогруппы R1b1, которые там определенно были в древние времена, а именно 10-6 тысяч лет назад.

Автор цитируемой работы перечисляет разные археологические культуры, такие, как ямочно-гребенчатой керамики (5 тысяч лет назад), верхневолжской культуры (8-7 тысяч лет назад), волго-окской культуры, бутовской культуры, свидерской культуры и прочих – но это ровным счетом ничего не дает, поскольку привязок просто нет. Гаплотипы автор не анализирует, времена до общих предков не считает, и в итоге получаются совершенно пустые разговоры. Автор рассуждает, что «в палеолите носители гаплогруппы I1 оказались в центральной части Европы в северной ее части», но, видимо, забывает, что гаплогруппа I1 фактически обновилась примерно 3500 лет назад, и никакого палеолита в отношении I1 пока не просматривается.

Так что все эти рассуждения можно списать просто на фантазии автора цитируемой работы.

Дополнение

В ходе работы над данными критическими замечаниями редакция получила материал А.М. Тюрина «К вопросу о географии гаплогруппы Y-хромосомы I1 в Восточной Европе» с запросом опубликовать его в «Вестнике». Аннотация статьи: *«По геногеографии Европы показано, что в прошлом с севера Скандинавии произошла миграция носителей гаплогруппы Y-*

хромосомы I1-M253 на Русскую равнину. Сделано предположение, что она была обусловлена началом Малого ледникового периода (примерно 1560 год)».

После рассмотрения статьи стало ясно, что публиковать ее в данном издании просто нельзя. Ответ автору гласил:

- 1) Наш журнал называется (в сокращении) "Вестник ДНК-генеалогии". ДНК-генеалогия в вашей работе отсутствует. Современные частоты распределения гаплогруппы без оценки времен жизни из предков не имеют никакого отношения к ДНК-генеалогии. Это скорее "популяционная генетика". У нас такие материалы не принимаются.
- 2) Предположение о "примерно 1560 годе" или о "малом ледниковом периоде" никак не обосновано. Датировок нет. С таким же успехом можно предложить что угодно.
- 3) Вашу пикировку (одностороннюю) с автором другой статьи (Штруновым) следует помещать в тот же журнал, где помещена критикуемая работа. Это - обычная практика.
- 4) Вы пишете, что "необходимо выполнить генохронологическое датирование общих предков ...I1-253". Во-первых, у нас не "генохронология", напоминаю, что гены мы не рассматриваем. У нас ДНК-генеалогия. Во-вторых, это уже давно сделано, и год назад опубликовано в "Вестнике" (Клёсов, 2009).

Поскольку в очередном номере Вестника будет проведено критическое рассмотрение статьи Штрунова, можно дополнить это коротким критическим рассмотрением Вашей статьи, без ее опубликования, но с необходимыми ссылками на основные ее положения. Например, будет полностью воспроизведена Аннотация. Это даст Вам возможность ознакомить аудиторию с Вашим взглядом. Если согласны, сообщите.

Автор ответил согласием.

В таком случае несколько объясним суть перечисленных выше ответов автору. Действительно, в работе нет ни одного гаплотипа, ни одного расчета. Не случайно в разделе «Ключевые слова» стоит «популяционная генетика». В статье тоже часто повторяются слова «генетический портрет» в применении к популяциям, хотя генетики тоже нет. Это или сленг, или элементарная неряшливость.

В статье из абзаца в абзац идет оспаривание положений А. Штрунова, которые я рассмотрел выше. Они совершенно не пересекаются с тем, что оспаривает А. Штрунов. Оспариваются опять «пространственные распределения частот гаплогруппы I1» на Русской равнине и в Скандинавии. Один автор считает, что это «компактный локальный максимум», и что это «следствие древнейших миграций палеолитического населения Европы», другой – что это «классический клин частот», и что это – следствие миграций несколько веков назад. Ни тот, ни другой никакими

расчетами не подтверждают свои предположения. Никто и не замечает, что практически все I1 в Европе, и на Русской равнине начинаются только примерно 3500 лет назад, и все «частоты» не имеют к древности гаплогруппы I1 никакого отношения. Гаплогруппа или образовалась только 3500-3800 лет назад, что маловероятно, или прошла жесткое бутылочное горлышко, и начала новый отсчет. Какое было распределение гаплогруппы I1 раньше 3500 лет назад, и уж тем более в палеолите – никто не имеет ни малейшего понятия. Включая авторов цитируемых работ. Так что дискуссия там бесплодна.

А.М. Тюрин часто грешит совершенно фантастическими предположениями, не заботясь хоть о каком-то их обосновании. Вот – характерный пример. Переходя на гаплогруппу N1c, автор пишет – *«Большинство специалистов считает, что гаплогруппа N1c попала в Скандинавию из Восточной Европы»*. Это, надо полагать, после миграции со стороны Южной Сибири через Урал, о чем говорит и динамика гаплогрупп «на понижение субкладов», и динамика языков – от алтайских к уральским и угро-финским, о чем специалисты обычно и пишут. Но А.М.Тюрин продолжает – *«А в соответствии с нашей интерпретацией частот гаплогрупп I1-M253 и N1c, последняя попала на территорию Восточной Европы с севера Скандинавии. Если это так, то на территорию Северо-восточной Азии она попала из Восточной Европы»*

То есть гаплогруппа N1c как-то сама по себе возникла на севере Скандинавии, и пошла в обратную сторону, на восток, видимо, неся и языки от угро-финских (в Скандинавии) к уральским и далее к алтайским. Просто машина времени, запущенная в обратную сторону. Особенно замечательно выражение – *«Если это так»*. То есть, если она попала в Восточную Европу с севера Скандинавии, то уже возврата нет, и она должна непременно добежать до северо-восточной Азии. А далее, видимо, в Китай, вопреки динамике гаплогрупп, где, в Китае, и оказаться примерно 15 тысяч лет назад. Выйдя из Скандинавии примерно 1500 лет назад. Замечательно.

Вот так бывает, когда не проводят никаких расчетов, ориентируясь, видимо, на «политическое чутье».

Автор завершает – *«То есть наша интерпретация частот гаплогрупп автоматически локализует регион, переселенцы из которого являются предками носителей гаплогруппы N1c всей Северо-восточной Евразии»*. Прелестно. Оказывается, это уже «автоматически локализует регион предков». Это не Восточная Азия, не Китай, не Алтай, это – Скандинавия. Потому что «автоматически». Если читатель думает, что у него что-то не так с

восприятием, то автор, А.М.Тюрин, добывает его следующим пассажем, не оставляя читателю никаких шансов: *«Мигранты с севера Скандинавии за Уралом продолжили движение на восток по югу зоны тайги, и дошли до Прибайкалья»*. А как же Китай, в котором многие миллионы носителей N1? А никак. Они же только до Прибайкалья дошли. Правда, потом автор пишет, что они дошли и до Монголии, *«но этот вопрос нуждается в специальном рассмотрении»*.

Автор порой очень категоричен: *«Потомков переселенцев, носителей гаплогруппы I1-M253, в России не может быть больше, чем в Белоруссии, а среди белорусов их всего 2,7%»*. Вообще-то в Европейской части России их 6.5% (рассчитано по данным Roewer et al, 2008; Клёсов, 2009), но это не важно. Автор не в курсе. Хотя это для вопроса происхождения I1 не имеет значения, как уже отмечалось выше.

И, наконец, кульминация статьи А.М.Тюрина. Он спрашивает – *«Что могло стать причиной миграции части населения севера Скандинавии, носителей гаплогруппы I1-M253, в юго-восточном направлении?»* И сам тут же отвечает: *«Начало Малого ледникового периода, которое обычно относят к 14-15 векам. Однако мы определили другую дату этого события на Русской равнине – примерно 1560 год. (Тюрин, 2007, Датирование, МЛП). Этим рубежом и следует датировать начало миграции»*. Крепко, ничего не скажешь. Расчетов по гаплотипам нет. А что за ссылка? Ну, тогда понятно. *«Электронный сборник статей «Новая Хронология». Выпуск 5. 2007. Сайт: Новая Хронология»*.

Переходим к разделу *«Вместо заключения»*. Читаем - *«По результатам геногеографического исследования сформировано две версии интерпретации распределения частот гаплогруппы I1-M253 на Русской равнине. Автор публикации (Штрунов, 2010) предполагает, что ее носители попали в регион 6000-7000 лет назад. Мы предполагаем, что это случилось 400-450 лет назад. Эти две версии верифицируются элементарно. Необходимо выполнить генохронологическое датирование общих предков кластеров гаплотипов гаплогруппы I1-M253... Если этих данных пока недостаточно для выполнения достоверного датирования, то можно этот вопрос отложить на 2-3 года»*.

Ну зачем же откладывать? Эти данные опубликованы еще год назад (Клёсов, 2009). Общий предок гаплогруппы I1 этнических русских жил 3650±800 лет назад. В восточной Европе (Польша, Украина, Белоруссия, Эстония, Литва, Россия) - 3225±360 лет назад. А по регионам Европы - 3425±350 лет назад (Британские острова), 3375±350 лет назад (Скандинавия – Дания, Швеция, Норвегия, Финляндия), 3425±350 лет назад (Центральная Европа), 3225±330 лет назад (Германия). Впрочем, это приводилось выше.

На этом можно и заключить.

Литература

Клёсов, А.А. (2009) Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племен?. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 2, №5, 801-815.

Клёсов, А.А. (2010) Гаплогруппа I. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 3, №1, 96-158.

Roewer L., Willuweit S., Kruger C., Nagy M., Rychkov S., Morozowa I., Naumova O., Schneider Y., Zhukova O., Stoneking M., Nasidze I. (2008) Analysis of Y chromosome STR haplotypes in the European part of Russia reveals high diversities but non-significant genetic distances between populations. Int. Legal Medicine, 122, № 3, 219 - 223.

Древние («неиндоевропейские») гаплотипы гаплогруппы R1a1 в северо-западном Китае

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

Под «древними» гаплотипами в данном контексте следует понимать гаплотипы современной популяции, напрямую восходящей от древнего предка. Эти гаплотипы накапливают много мутаций и проявляют значительную «вариабильность» по аллелям. Поскольку в ДНК-генеалогии в отличие от популяционной генетики «вариабельность» (причем не всей популяции чохом, а отдельно про ветвям популяци) выражают в средней величине мутаций на маркер (или на гаплотип), что напрямую связано с временем жизни ближайшего общего предка популяции (точнее, ее ветви), то понятие «древние» гаплотипы фактически означает, что прямой предок этой популяции жил в глубокой древности.

Совсем недавно, в апреле 2010 года, вышло исследование китайских авторов (Shou et al, 2010), в котором опубликованы 503 восьми-маркерных гаплотипа по 14 этническим группам северо-восточного Китая, примыкающего к Центральной Азии. Размер этих этнических групп варьируется от 10 миллионов человек (уйгуры) до всего 4900 человек (татаеры). Одной из четырнадцати групп были «русские», обозначенные как «славянская группа», с «индоевропейским языком», и с популяцией в 16 тысяч человек. Русского, видимо, в них осталось мало, потому что состав гаплогрупп «русских» был следующий: из 19 тестированных человек двое было гаплогруппы С, один D, один I, один J*, один Q1, и остальные 13 человек были гаплогруппы О. Ни одного R1a1 среди них обнаружено не было. На карте ниже, взятой из цитируемой работы, «русские» отмечены номером 10. Остальные популяции – 1 (Tu), 2 (Xibo), 3 – монголы, 4 – татаеры, 5 – уйгуры, 6 (Yugu), 7 – киргизы, 8 – казахи, 9 – таджики, 11 (Dongxiang), 12 – узбеки, 13 (Ba'o'an), 14 (Salar). Кроме русских и таджиков, язык которых отмечен как «индоевропейский», все остальные 12 популяций говорят на языках алтайской семьи. Интересно то, что гаплогруппа R1a1 в этом конгломерате популяций – самая представительная, 117 из всех 503, то есть 23% от всех. Гаплогруппы R1b в этом списке почти нет, всего 10 человек, из них пять приходится на группу Salar (но и у тех гаплогруппу R1a1 имеют 14 из всех 35 человек, то есть 40% от всех). На втором месте с немалым отрывом стоит гаплогруппа С (73 человека, или 14%), на третьем – гаплогруппа О3, 45 человек. Только если все типично китайские группы О собрать вместе (O*,

O1, O2a, O3 и O3e), то тогда они сравниваются с R1a1 по численности в этом регионе.

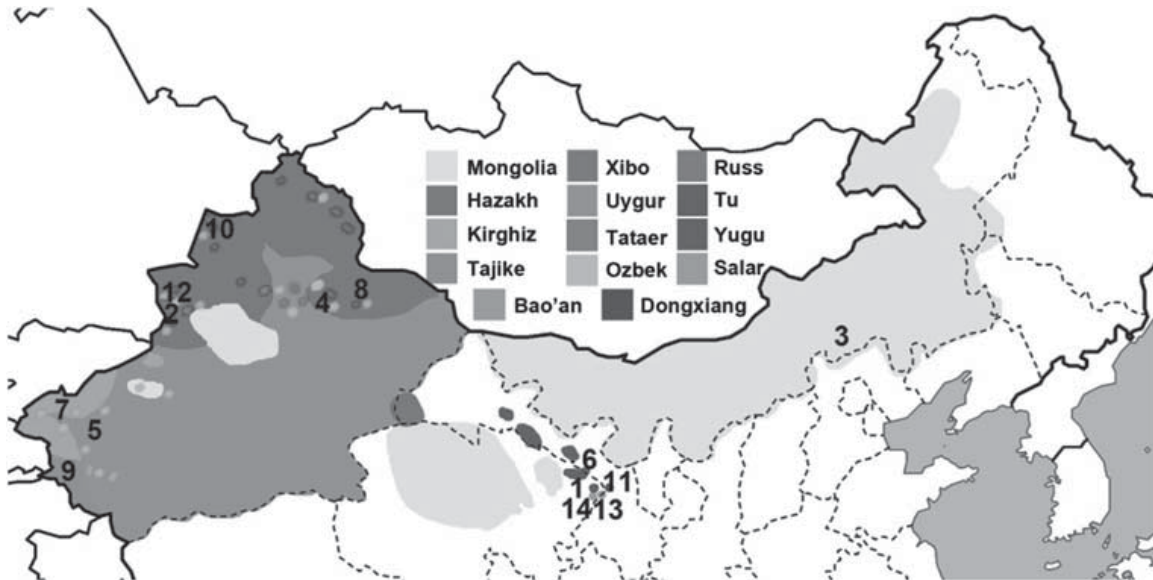


Рис. 1. Популяции, в которых определяли гаплогруппы и 8-маркерные гаплотипы: 1 - Ту, 2 - Xibo, 3 - монголы, 4 - татаеры, 5 - уйгуры, 6 - Yugu, 7 - киргизы, 8 - казахи, 9 - таджики, 10 - русские, 11 - Dongxiang, 12 - узбеки, 13 - Bao'an, 14 Salar - (из работы Shou et al, 2010).

Авторы цитируемой работы применяли некорректный по своей сути «коэффициент Животовского» для оценки времени, когда жил общий предок изучаемых популяций, чем практически обесценили свои расчеты и выводы. Напомним, что печально известный «метод Животовского» смешивает в кучу все генеалогические ветви популяций, древние и молодые, без учета их относительного количества (или «весов»), чем, как правило, «умолаживает» общего предка популяции, и для компенсационного «устаревания» его умножает полученный возраст на некий постоянный фактор. При этом, что совершенно некритично, этот фактор одинаков для всех популяций, их возрастов, числа генеалогических ветвей в популяции, и типа гаплотипов (или протяженности и структуры). Этот универсальный до бессмысленности фактор равен 0.00069 мутаций на маркер на поколение для всех указанных случаев. Поражает, что «академическая наука» под названием популяционная генетика продолжает использовать этот фантастический «фактор» даже не задаваясь вопросами о его бессмысленности. К тому же и сам «фактор» - чистая фикция, как подробно анализировалось в работе (Клёсов, 2009а).

Чтобы понять, насколько бессмысленно использовать подобный «универсальный фактор 0.00069» во всех случаях и для разных гаплотипов, приведем действительно калиброванные величины констант скоростей мутации для гаплотипов разной протяженности: 0.00145 для 6-маркерных гаплотипов, 0.00163 для 8-маркерных (использованных в цитируемой работе), 0.00183 для 12- и 25-маркерных, 0.0020 для 17- и 45-маркерных, 0.0216 для 67-маркерных, 0.00243 для 37-маркерных (Klyosov, 2009). Как видно, для разных гаплотипов разница в скоростях мутации достигает 170%, и для 8-маркерных, использованных в цитируемой работе, скорость мутации на самом деле в 2.4 раза выше, чем автоматически (бездумно) принималась авторами. Иначе говоря, общий предок искусственно «делался старше» в 2.4 раза. Но тем, что гаплотипы обрабатывались «чихом», без разделения по ветвям, он искусственно «делался моложе». Конечно, если он «делался моложе» совершенно случайно тоже в 2.4 раза, то авторы получили бы правильную сумарную цифру. Но это непредсказуемо, и предок с такой же легкостью при смешивании «чихом» мог «оказаться моложе» в 2, 3 или 5 раз, или вообще не измениться по тем же случайным компенсациям, или оказаться старше по тем же случайным компенсациям. В итоге финальная цифра времени жизни общего предка может оказаться практически любой, в широком диапазоне значений, что обесценивает любые получаемые данные. Такой подход не имеет никакого отношения к науке.

Что же получилось у авторов цитируемой работы? Они рассмотрели разные модели расчетов времен до общего предка R1a1 совокупно во всех указанных популяциях, и получили следующие данные (опять же с использованием «коэффициента 0.00069 Животовского»: 12835 лет до общего предка («линейная модель», расчет по мутациям), 11250 и 8086 лет (как среднюю и медиану, соответственно, но исходя из совершенно искусственной модели непрерывного экспоненциального роста популяции и опять же искусственно постулированной начальной численности популяции – подход, который не имеет никакого отношения к ДНК-генеалогии), и 7170 ± 2459 лет (опять же по «методу Животовского», но в другом варианте).

Последнее число особенно забавно, когда погрешность расчетов представлена с точностью до четвертого знака, или с точностью до сотых долей процента, а сама основная величина «пролетает» в несколько раз. Но в любом случае эти результаты не имеют никакой ценности.

Забегая вперед, отметим, что разные популяции R1a1 среди перечисленных 14-ти на самом деле имеют общих предков, живших от 600 до 6900 лет назад,

и их всех условный общий предок жил примерно те же 6900 лет назад, то есть некоторые популяции ведут свою линию прямо от общего предка всех популяций R1a1 в регионе.

Это не только интересно, но уже складывается в систему. "Древние" R1a1 начинаются от Южной Сибири (и Алтая), и широкой полосой простираются на запад по современному северному Китаю, от Северной Кореи до южной части Средней Азии, захватывая Индостан. Они совершенно отличаются от арийских, то есть русских и европейских (восточно- и западно-европейских) гаплотипов, а также гаплотипов R1a1 Кавказа, Малой Азии, Ближнего Востока. Они не пересекались с европейскими многие тысячелетия. Это - совершенно разные ветви R1a1. Это древние имеют возраст общего предка от 21 тысяч лет в Южной Сибири (Klyosov, 2009) до 12,400 тысяч лет в Индостане (Клёсов, 2009b; Klyosov, 2009) и примерно 6,900 лет на северо-западе Китая (расчеты см. ниже). Немногие их представители есть на Аравийском полуострове, в Египте, но единичные. Андерхилл в недавней статье (Underhill et al, 2010) приводит четыре египетских гаплотипа группы R1a1a*, из которых два имеют DYS392=13 и два - обычные DYS392=11; первые уже были отнесены нами (Рожанский и Клёсов, 2009) к древним субкладам R1a1b и R1a1c, а также, возможно, к отдельной группе субклада R1a1a. Общий предок этих групп с «обычными» R1a1a жил от 8000 до 13000 лет назад. Действительно, упомянутые четыре египетских гаплотипа группы R1a1 имеют общего предка с «обычными» R1a1 примерно 13,275 лет назад.

В целом гаплотипы группы R1a1 с необычными аллелями в маркерах DYS393=12 или 14, DYS392=13, DYS461=11, DYS390=22, DYS388=13, разбросаны по всему миру. Естественно, часть из них имеют просто случайные, неупорядоченные мутации в этих маркерах, но у части эти необычные мутации складываются в систему, которая выбрасывает гаплотипы вдаль от ствола на древе гаплотипов. К таким гаплотипам, если судить по расширенному списку в статье Андерхилла, относятся некоторые гаплотипы с Алтая, Камбоджи, Индии, Пакистана, Непала, Центральной Азии, Кавказа, Крита, Египта, Ирака, Омана, Израиля, России, Эстонии.

В качестве примера можно привести древо гаплотипов, построенное по 638 10-маркерным гаплотипам, приведенным в работе (Underhill et al, 2010). Это древо обладает низкой разрешающей способностью, но явно выпадающие гаплотипы различить можно. Кстати, из 18 базовых гаплотипов древа (малая «гребенка» на вершине) в формате FTDNA (-- DYS461)

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

пять принадлежат Турции, три Украине, три Словакии, два России, два Ирану, и по одному Непалу, Индии и Венгрии. Этот базовый гаплотип в точности соответствует базовому гаплотипу Русской равнины (центральная Евразийская ветвь, Рожанский и Клёсов, 2009) , а также базовому гаплотипу R1a1 на пост-советском пространстве (Клёсов, 2008)

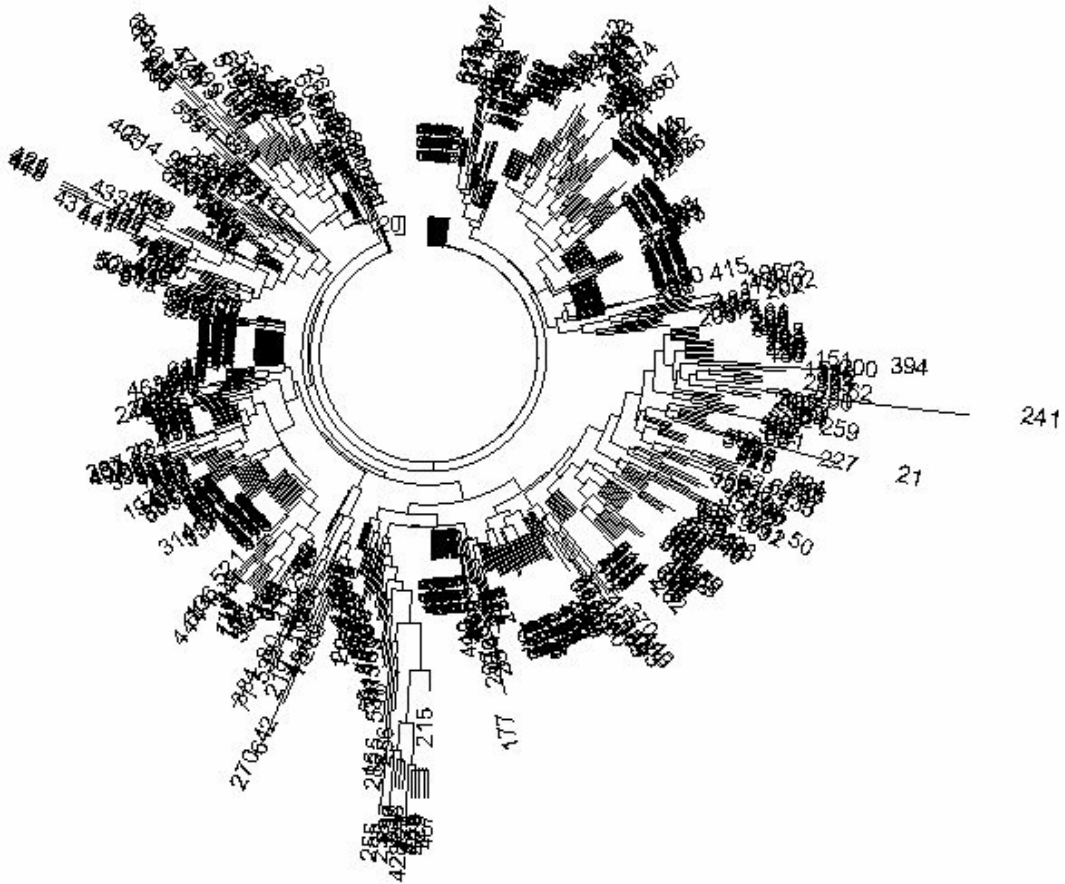


Рис. 2. Дерево из 638-ти 10-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1a* по всему миру. Построено по данным Underhill et al (2009). В цитируемой работе даны 671 гаплотип, но 33 из них имеют пропуски аллелей.

Если бы знать, что этот базовый является общим предком всех 638 гаплотипов (но мы знаем, что это не так), то $[\ln(638/18)]/0.018 = 198$ поколений до общего предка без поправки на возвратные мутации, или 246 поколений с поправкой, то есть примерно 6150 лет до общего предка. Мы, однако, знаем, что общий предок этих базовых гаплотипов жил примерно 4800 лет назад. Иначе говоря, из данных 638 гаплотипов только половина

относятся к общему предку на Русской равнине, и тогда получаем $[\ln(319/18)]/0.018 = 160 \rightarrow 190$ поколений до общего предка, то есть 4750 лет назад. Остальная половина относится к другим популяциям, видимо, более древним.

Наболее заметные выбросы на дереве рис. 2 относятся к гаплотипу 394 (Непал, пять мутаций от 10-маркерного базового гаплотипа Русской равнины, то есть расхождение с ним примерно на 9525 лет)

13 25 15 10 X X X 12 9 14 12 30 -- 10

гаплотипу 241 (Индия, семь мутаций от базового гаплотипа Русской равнины, то есть расхождение на 15450 лет)

13 23 15 10 X X X 13 10 12 10 29 - 11

гаплотипу 21 (Камбоджа, девять мутаций, то есть расхождение на 23125 лет; это помещает общего предка на 14 тысяч лет назад)

14 22 14 11 X X X 12 12 14 11 31 -- 10

гаплотипу 177 (Индия, восемь мутаций),

15 25 15 10 X X X 12 10 13 11 33 -- 12

далее идет целая гроздь из 13 пакистанских и индийских гаплотипов, среди которых два иракских – эта ветвь на дереве в самой нижней части, направлена вертикально вниз. Завершает ветвь пакистанский гаплотип под номером 428,

12 24 15 10 X X X 12 11 14 11 33 - 11

у которого восемь мутаций от гаплотипа Русской равнины.

Далее идет пара – Иран (270) и Объединенные Арабские Эмираты (642)

14 24 15 12 X X X 12 10 13 11 29 - 11

14 26 15 11 X X X 12 10 13 11 29 - 9

шесть и пять мутаций от гаплотипа Русской равнины, соответственно.

Слева в верхней части дерева идет тройка идентичных гаплотипов из Омана (418, 420 и 421), с шестью мутациями от гаплотипа Русской равнины

14 25 16 10 X X X 12 11 12 11 28 - 9

в окружении опять пакистанских гаплотипов, например, идентичных гаплотипов 430, 431, 434, с тремя мутациями от гаплотипа Русской равнины

14 25 16 11 X X X 12 11 12 11 29 - 10

Неудивительно, что недалеко от них - русский (488) и словацкий (564) гаплотипы

14 25 16 11 X X X 12 11 13 11 29 - 10

14 25 17 11 X X X 12 11 13 11 30 - 10

которые отличаются от базового гаплотипа Русской равнины на три мутации каждый. Это разводит их с базовым гаплотипом на 5 тысяч лет, то есть как раз со времени базового гаплотипа (примерно 4800 лет назад) до настоящего времени. Так что те пакистанские (430, 431, 434) вполне могут быть потомками предка с Русской равнины. Наконец, завершает серию отклонений, настоящих или кажущихся, тройка гаплотипов из Пакистана (466 и 451) и Украины (664)

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

13 25 17 10 X X X 12 10 14 12 32 - 11

13 25 17 11 X X X 12 11 13 12 31 - 11

Их отличия от базового гаплотипа Русской равнины составляют четыре, шесть и пять мутаций, соответственно. Это либо действительно другая популяция R1a1, или случайные мутации на единичных гаплотипах.

Как видно, европейские, или "индоевропейские" гаплотипы R1a1 имеют заметно другие предковые гаплотипы, и имеют общего предка на Русской равнине около 5000 лет назад (4750±500 лет назад, Klyosov, 2009), с ветвями на Русской равнине и в Европе примерно 3000-2500 лет назад и позже, до 1500 лет назад (Рожанский и Клёсов, 2009).

В Индостане «индоевропейские» и «древние» гаплотипы накладываются, оставаясь совершенно разными популяциями. Если древние R1a1 распространены среди дравидов, то "индоевропейские" - в высшей касте. Более того, они неотличимы от русских R1a1 и имеют одного общего предка примерно 4000 лет назад (4050±500 лет назад) (Klyosov, 2009).

Перейдем к рассмотрению гаплотипов указанных 14 популяций северо-западного Китая. Дерево гаплотипов приведено на рис. 3.

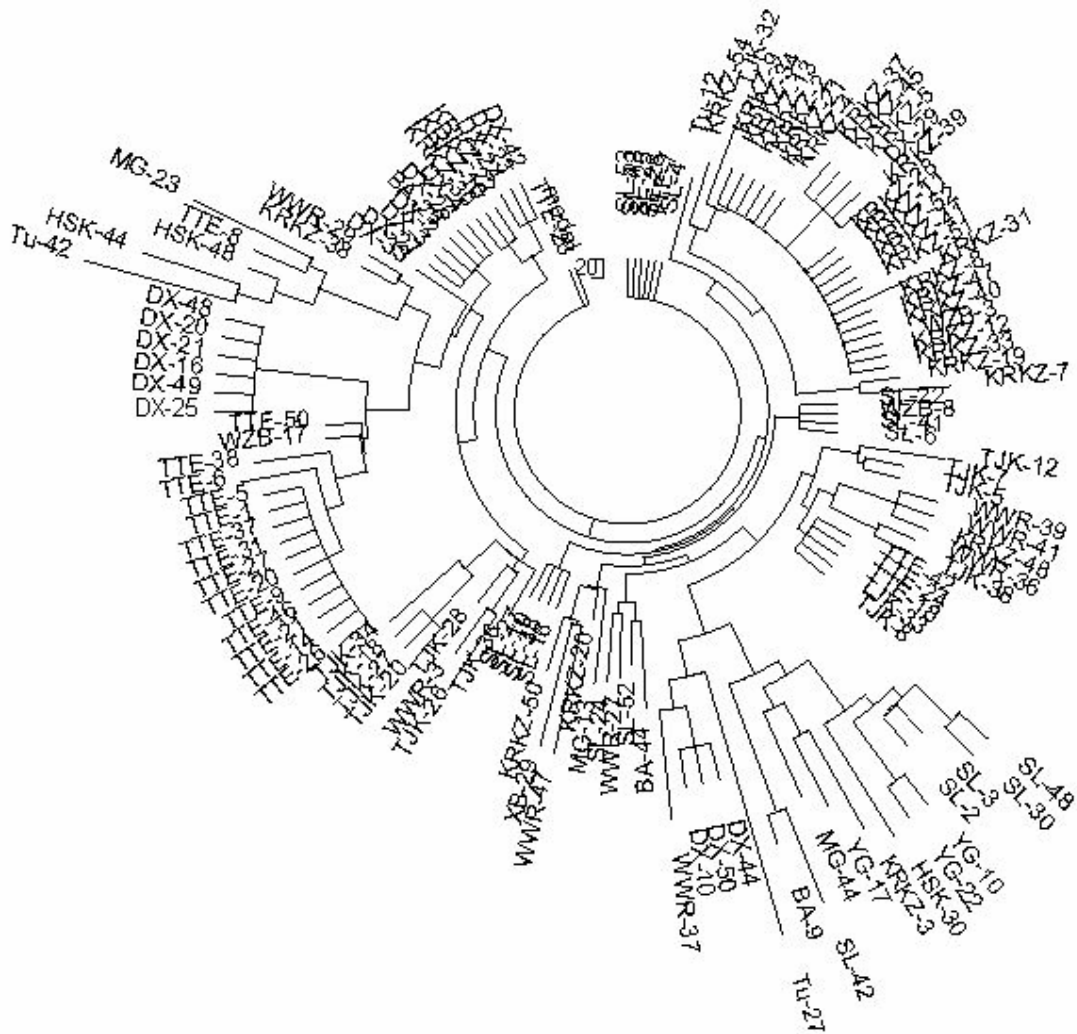


Рис. 3. Дерево из 131-ти восьми-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 в северо-западном Китае, с добавлением ветви справа внизу, состоящей из R1* гаплотипов. Построено по данным (Shou et al, 2010).

Ветвь, резко выделяющаяся справа внизу – это гаплотипы R1*-M173 и R1b1a1-M18, которые в Приложении к цитируемой работе ошибочно названы R1a-M173. Но в самой статье они названы правильно. Поскольку 8-маркерные гаплотипы не обладают хорошей разрешающей способностью, эта ветвь справа внизу состоит из двух подветвей – верхней из M173, а последующая малая подветвь из четырех гаплотипов ниже (три Dongxiang, носители монгольского языка, и один уйгур) – на самом деле типированы как R1a1-M17. Либо типирование неверно, и они на самом деле M173, либо

разрешение дерева неважное. Если первое, то возраст этой ветви 14075 ± 2100 лет (81 мутация на 17 гаплотипов). Если верно второе, то возраст общего предка данной выборки из 13 человек составляет 8725 ± 1500 лет. Это – пять салар (тюркская языковая группа), три югу (тюркская или монгольская языковая группа), один казах (тюркская языковая группа), один киргиз (тюркская языковая группа), один ту (монгольская языковая группа), один бао'ан (монгольская языковая группа) и один монгол (монгольская языковая группа). Базовый гаплотип этой группы из 13 человек (в формате FTDNA) можно записать в виде

13 19 15 11 X X X 12 X 15 14 31

Как видно, этот предковый гаплотип кардинально отличается от базового гаплотипа R1a1 Русской равнины, Центральной Азии, Индии (арийский гаплотип)

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

Различие составляет 9.2 мутаций на 8 маркеров, что соответствует примерно 40 тысяч лет суммарной мутационной разницы между двумя базовыми гаплотипами, и помещает их общего предка на 26600 лет назад, естественно, с заметной погрешностью определения. Но на самом деле этот возраст для гаплогруппы R1 вполне разумен, так как возраст R1a1 оценен примерно в 21000 лет, R1b – в 16000 лет. Так что мы получили вполне разумные результаты, в целом согласующиеся с вырисовывающейся картиной времен возникновения гаплогрупп группы R. Эти расчеты, конечно, совершенно приблизительны, потому что обрабатывались гаплотипы разных субкладов, но к самому вышестоящему субкладу, R1, расчеты отнести в принципе можно.

Если удалить гаплотипы M173 и M18, то в оставшихся 117 гаплотипах гаплогруппы R1a1-M17 имеются 290 мутаций от базового гаплотипа

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

что эквивалентно 5850 лет до общего предка. Но мы уже знаем, что так считать – это вносить неопределенность в расчеты, поскольку не знаем, «умолаживает» ли это общего предка, «удревняет» его или оставляет неизменным. Это можно проверить с помощью применения логарифмического подхода, при счете по количеству базовых гаплотипов в системе. Их семь, с той же последовательностью маркеров, приведенной выше, то есть базовый гаплотип согласуется с тем, что получен при минимизации мутаций. Это позволяет применить логарифмический

подход, согласно которому получаем $[\ln(117/7)]/0.013 = 217$ поколений до общего предка без поправки на возвратные мутации, или 276 поколений с поправкой, то есть 6900 лет до общего предка. Разница с величиной 5850 лет, полученной по мутациям, составляет всего 18%, что в целом подтверждает правильность расчетов, хотя и показывает, что расчет по мутациям действительно несколько умалчивает общего предка за счет более «молодых» ветвей. Действительно, на древе гаплотипов не менее десяти относительно молодых ветвей, все прошли бутылочные горлышки популяций. Остается только гадать, сколько ветвей не выжили, не прошли бутылочное горлышко, и уже не вносят вклада в генеалогический ландшафт современных популяций. Например, почти все татаеры (тюркская языковая группа, вся популяция – только 4900 человек) имеют несколько серий практически одинаковых (в каждой серии) гаплотипов, но сами гаплотипы между сериями значительно различаются. У них два гаплотипа – древние предковые

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

одиннадцать татаеров имеют идентичный базовый гаплотип

13 **24 17 10** X X X 12 X 14 12 31

который отличается на три мутации (на самом деле там 2.42 мутации разницы), что разводит обладателей этих базовых гаплотипов на 5700 лет, и помещает их общего предка на 6600 лет назад. В целом же в этой ветви татаеров 15 гаплотипов, из которых 11 базовых, что дает возраст общего предка как $[\ln(15/11)]/0.013 = 24$ поколения, то есть всего 600 лет. На все 15 гаплотипов 5 мутаций, что дает $5/15 \times 8 \times 0.00163 = 26$ поколений, то есть 650 лет до общего предка, практически та же величина.

Еще одна группа татаеров из трех человек имеет базовый гаплотип, одинаковый с группой таджиков

13 25 **15** 11 X X X 12 X 14 12 31

Здесь различие с древнейшим предковым только на одну мутацию. А в целом два базовых гаплотипа на 33 человека с гаплогруппой R1a1 соответствует $[\ln(33/2)]/0.013 = 216$ поколений без поправки на возвратные мутации, или 274 поколения с поправкой, то есть 6850 лет до общего предка. Замечательно, что это та же самая величина, те же самые отношения, что и для всех 117 гаплотипов R1a1 во всей серии (см. выше - $[\ln(117/7)]/0.013 = 217$ поколений до общего предка без поправки на возвратные мутации, или 276 поколений с поправкой, то есть 6900 лет до

общего предка). Поскольку и базовый гаплотип тот же самый, это показывает, что татаеры, несмотря на свою крошечную популяцию в настоящее время, ведут свое начало от древнейшего предка гаплотипов R1a1 в северо-западной Азии. Это – не «индоевропейский» общий предок, и он не пришел с запада, из Европы. Он мигрировал с востока, из Южной Сибири, видимо, с алтайских краев. Потому и алтайская семья языков, тюркская группа. R1a1, прибывшие в Европу, создали (или переняли) праиндоевропейские, арийские языки, а исходные в Южной Сибири были алтайские. Потому у R1b1 того же происхождения исходно тоже были прото-тюркские языки (Клёсов, 2010).

Заканчивая о татаерах, если выписать подряд все их базовые и отдельно встречающиеся гаплотипы, то получится следующий ряд:

13 25 16 11 X X X 12 X 14 12 31 (древнейший базовый, два гаплотипа)
13 **24 17 10** X X X 12 X 14 12 31 (три одинаковых гаплотипа)
13 25 **15** 11 X X X 12 X 14 12 31 (600-650 лет до общего предка)
13 24 17 10 X X X 12 X 15 12 32 (одинокый гаплотип)

В этом ряду 8 мутаций от древнейшего базового гаплотипа, что помещает общего предка всех серий примерно на 6425 лет назад (4525+1900 лет).

Характерно, что древний базовый гаплотип группы R1a1 в северо-западной части Китая

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

отличается всего на одну мутацию от алтайского базового гаплотипа

13 26 16 11 X X X 12 11 14 **11** 31

прошедшего бутылочное горлышко популяции всего 825±320 лет назад, описанного в работе (Klyosov, 2010).

Аналогичный подход к популяции саларов базируется на том, что пять из 14 гаплотипов группы R1a1-M17 оказались базовыми для всего дерева гаплотипов, что дает 79 поколений без поправки, или 86 поколений с поправкой на возвратные мутации, то есть всего 2150 лет до общего предка. Это не согласуется с мутационной картиной по всем гаплотипам, поскольку семь мутаций от этого базового гаплотип давало бы от 3000 до 4400 лет до общего предка. Поэтому для саларов древний базовый гаплотип оказывается следующий

13 25 16 11 X X X 12 X 14 12 **30** (три одинаковых гаплотипа)

Это дает $[\ln(14/3)]/0.013 = 118$ поколений без поправки, или 134 поколения с поправкой, то есть 3350 лет от общего предка. В то же время все гаплотипы, уравненные по весам (см. ниже), имеют семь мутаций от выявленного базового, что дает $3000+670 = 3670$ лет до общего предка популяции саларов.

13 25 16 11 X X X 12 X 14 12 31 (пять одинаковых гаплотипов)

13 25 16 11 X X X 12 X 14 12 29 (четыре одинаковых гаплотипа)

13 25 16 11 X X X 12 X 14 12 **30** (три древних базовых гаплотипа)

13 24 16 11 X X X 12 X 14 12 29 (одионочный гаплотип)

13 24 16 11 X X X 12 X 14 12 31 (одионочный гаплотип)

Рассмотрим гаплотипы киргизов (31 человек гаплогруппы R1a1). Им принадлежат следующие базовые гаплотипы:

13 25 16 11 X X X 12 X 15 12 33 (шестнадцать одинаковых гаплотипов)

13 25 16 10 X X X 12 X 15 12 33 (четыре одинаковых гаплотипа)

13 25 16 12 X X X 12 X 14 12 31 (три одинаковых гаплотипа)

13 25 16 11 X X X 12 X 15 9 **33** (одионочный гаплотип)

13 25 15 11 X X X 12 X 16 12 34 (одионочный гаплотип)

13 25 16 11 X X X 12 X 16 12 34 (одионочный гаплотип)

13 26 15 11 X X X 12 X 14 12 31 (одионочный гаплотип)

13 25 16 11 X X X 12 X 14 12 32 (одионочный гаплотип)

13 25 17 11 X X X 12 X 14 12 32 (одионочный гаплотип)

13 25 15 10 X X X 12 X 14 12 32 (одионочный гаплотип)

Базовый для всех гаплотипов киргизов (за исключением одного - гаплогруппы R1*)

13 25 16 11 X X X 12 X 14/15 12 18

от которого имеются 20 мутаций. Это помещает общего предка киргизов примерно на 4525 лет назад.

Подобные расчеты можно провести и для других популяций R1a1, но суть ясна. В каждой популяции из 14 перечисленных выше остались только фрагменты древних популяций с недавними общими предками этих фрагментов. Общий же предок всех указанных популяций в данном регионе жил примерно 6900 лет назад.

Если сопоставить базовый гаплотип этих древних R1a1

13 25 16 11 X X X 12 X 14 12 31 (6900 лет назад)

с базовым гаплотипом общего предка на Русской равнине

13 25 16 11 X X X 12 X 13 11 30 (4800 лет назад)

то 2.85 мутаций между ними (см. ниже) помещают общего предка этих двух популяций примерно на 9350 лет назад.

Если допустить, что DYS392=12 (предпоследний маркер в формате выше) у северо-восточно-китайских гаплотипов определен с ошибкой, или в другой системе записи, и на самом деле там DYS392=11, то 1.85 мутаций между ним и базовым гаплотипом на Русской равнине поместят общего предка этих двух популяций на 7900 лет назад. В принципе, это ничего не изменит, популяции все равно останутся разными. На запрос авторов китайской статьи прояснить вопрос о том, какая же величина аллели у DYS392 в данной серии – 11 или 12 – авторы не ответили.

Дерево гаплотипов современных этнических русских и указанных популяций северо-западного Китая приведено на рис. 4. Они практически не перемешиваются (если считать, что DYS392=12). Более 9 тысяч лет от их общего предка – достаточно большой срок, чтобы гаплотипам полностью разделиться. Слева на дереве – русские гаплотипы, справа и внизу – северо-западные китайские популяции. Только два русских гаплотипа из 121 оказались на «китайской» стороне дерева, и ни одного «китайского» – на русской половине. Популяция русских в данной выборке (Derenko et al, 2006) неоднородна, и содержит большое количество относительно молодой популяции. На это указывает большое количество русских базовых гаплотипов – 20, что дает только 1850 лет до общего предка. По мутациям получается вдвое больше, 3950±480 лет, что занижено за счет существенной примеси молодой популяции. Но самом деле известно, что возраст популяции этнических русских гаплогруппы R1a1 – 4750±500 лет (Klyosov, 2009). Но эти детали в данном случае не важны. Видно, что популяции кардинально разделены.



Рис. 4. Комбинированное дерево из 238-ти восьми-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 в северо-западном Китае и гаплотипов R1a1 русских. Построено по данным (Shou et al, 2010), цитируемые авторы взяли гаплотипы русских из статьи (Derenko et al, 2006).

Итак, реконструкция следующая. R1a1 возникли в Южной Сибири 21000±3000 лет назад (Klyosov, 2009) из родительской гаплогруппы P (45-50 тысяч лет назад) через гаплогруппу R (40-35 тысяч лет назад) и далее R1 (30-25 тысяч лет назад), и медленно мигрировали на запад и юго-запад, оставив общих предков 12400 лет назад в Пакистане, 10-8 тысяч лет назад в Индии и около 7 тысяч лет назад в северо-западном Китае (Клёсов, 2009b; Klyosov, 2010, и данные настоящей работы). Там последние и осели. Современный язык у R1a1 по всей этой полосе, от Южной Сибири до северо-восточного

Китая - алтайская языковая группа. Гаплотипов R1b среди них практически нет, всего 10 из 503 человек, причем пять из них у саянцев.

Другая волна R1a1 дошла до Европы ко времени схода ледников, примерно 11500 лет назад, и осели там, видимо, в регионе Балканы - Придунавье. У них выработался (принесен или позаимствован) пра-индоевропейский язык. Определенно у алтайских и пра-ИЕ языков, и даже современных ИЕ языков есть общие элементы. Вопрос, насколько они выражены, хотя разница в 10-15 тысяч лет может нивелировать любой сходство. Примерно 6 тысяч лет назад носители R1a1 начали расходиться по Европе, и около пяти тысяч лет назад перевалили на Русскую равнину. Общий предок современных гаплотипов группы R1a1 на Русской равнине жил примерно 4800 лет назад. Археология показала наличие R1a1 в Германии 4600 лет назад (Haak et al, 2008).

Либо из Европы, либо по маршруту через Индию и Иран на Ближний Восток древние носители гаплогруппы R1a1 достигли Непала, Камбоджи, Ирана, Омана, Египта, Крита и других регионов, отмеченных выше. Возможно, часть из них - более поздние миграции и единичные передвижения паломников, купцов, невольников. Таким образом гаплогруппа R1a1 разнеслась по миру в виде древнего варианта из Южной Сибири, «возрастом» между 21 тысячей лет и 7 тысяч лет, и более недавнего арийского, «индоевропейского» варианта, возрастом примерно 5 тысяч лет и менее.

Интересно, что авторы цитируемой работы отмечают, что им не удалось найти в северо-западных популяциях Китая субкладов R1a1b (M157) и R1a1c (M87). В то же время эти субклады, хотя и в относительно небольших количествах, присутствуют среди европейских R1a1 (Рожанский и Клёсов, 2009), со временем общего предка 13 тысяч лет. Это опять может свидетельствовать о том, что европейские популяции R1a1 не пересекались с популяциями северо-запада Китая вплоть до глубокой древности.

Примерно 4500-4000 лет назад R1a1 из Европы исчезли. Это совпадает со временем прихода в Европу R1b1b2. К тому времени R1a1 с Русской равнины продвинулись на восток, заложили андроновскую культуру в Северном Казахстане, не пересекаясь с «древними» R1a1 на северо-западе Китая, прошли до Южного Урала и создали синташтинскую культуру, подняли металлургию, построили Аркаим и «страну городов». Другие прошли за Урал, и их гаплотипы раскопали на юге Красноярского края (Keyser et al, 2008). Гаплотипы пра-русские, и хорошо укладываются на дерево гаплотипов современных этнических русских R1a1 (Klyosov, 2009). 3600 лет назад R1a1 покинули Южный Урал и Аркаим и ушли на юг, в

Индию. Они не смешались там с древними R1a1, но прошли весь Индостан до юга, оставив на этом пути "индоевропейские" R1a1, в том числе и в племенах в джунглях, как в племени Ченчу (Klyosov, 2009). Возраст гаплотипов в племени Ченчу - 3200 и 350 лет назад (две ветви). Более древних R1a1 у Ченчу не обнаружено.

Поэтому надо понимать, что когда в Китае или Монголии находят R1a1, в современных популяциях или в раскопках, то априори, без самих гаплотипов, нельзя сказать, это "индоевропейские", с запада, или "автохтонные", алтайские, из Южной Сибири, с востока. Но инерционность мышления и стереотипы работают, и при находках R1a1 в Китае или Монголии тут же объявляют, что «восток встречает запад», и что эти R1a1 непременно «индоевропейские», даже не имея самих гаплотипов (см., например, критическое рассмотрение – Klyosov, 2010).

Как показывает настоящее исследование, это далеко не обязательно так.

Литература

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

Клёсов, А.А. (2009a) Еще раз о «популяционной скорости мутаций» Л. Животовского, или как рождаются басни. Развернутый комментарий на Response, M. Hammer et al, Human Genet, October 8, 2009. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, № 7, 1162-1181.

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

Клёсов, А.А. (2010) Основная загадка во взаимоотношениях индоевропейской и тюркской языковых семей и попытка ее решения с помощью ДНК-генеалогии: соображения нелингвиста. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484). 3, № 1, 2-57.

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

Derenko, M., Malyarchuk, B., Denisova, G.A., Wozniak, M., Dambueva, I., Dorzhu, C. et al (2006) Contrasting patterns of Y-chromosome variation in South Siberian populations from Baikal and Altai-Sayan regions. *Hum. Genet.* 118, 591-604.

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.

Keyser, C., Bouakaze, C., Crubézy, E., Nikolaev, V.G., Montagnon, D., Reis, T., Ludes, B. (2009) Ancient DNA provides new insights into the history of south Siberian Kurgan people. *Human Genetics*, 126, 395-410.

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.

Klyosov, A.A. (2010) A comment on the Paper "A Western Eurasian Male Is Found in 2000-Year-Old Elite Xiongnu Cemetery in Northeast Mongolia, by K. Kim, C.H. Brenner, V. H. Mair et al. *Amer. J. Phys. Anthrop.*, Published online, DOI 10.1002/ajpa.21242", *Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии* (ISSN 1942-7484). т. 3, No 4, 623-634.

Shou WH, Qiao EF, Wei CY, Dong YL, Tan SJ, Shi H, Tang WR, Xiao CJ (2010) Y-chromosome distributions among populations in Northwest China identify significant contribution from Central Asian pastoralists and lesser influence of western Eurasians. *J. Human Gen.* advance online publication 23 April 2010; doi: 10.1038/jhg.2010.30

Underhill PA, Myres NM, Rootsi S, Metspalu M, Zhivotovsky MA, King RJ, Lin AA, Chow CET, Semino O, Battaglia V, Kutuev I, Jarve M, Chaubey G, Ayub Q, Mohyuddin A, Medhi SQ, Sengupta S, Rogaev EI, Khusnutdinova EK, Pshenichnov A, Balanovsky O, Balanovska E, Jeran N, Augustin DH, Baldovic M, Herrera RJ, Thangaraj K, Singh V, Singh L, Majumder P, Rudan P, Primorac D, Villems R, Kivisild T. (2009) Separating the post-Glacial coancestry of European and Asian Y chromosomes within haplogroup R1a. *Europ J Human Genet.* online publication, 4 November 2009, doi: 10.1038/ejhg.2009.194.

Неандертальцы

Анатолий А. Клёсов

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

Совсем недавно, 7 мая этого года, вышли две статьи (Green et al, 2010; Burbano et al, 2010), которые в очередной раз перевернули наши представления о неандертальцах. Так, по крайней мере, представляет их, эти статьи, околонучная пресса. Посмотрим, так ли это. Но перед этим, для лучшего осознания, что добавили эти статьи к нашим сведениям и представлениям о неандертальцах, рассмотрим эти представления.

В современной науке существует положение, что все современные люди принадлежат к одному виду *Homo sapiens*, рода *Homo*, семейства гоминид, отряда приматов. Не исключено, впрочем, что тысячелетия последующих скрещиваний людей разных типов и многократные «бутылочные горлышки» популяций привели к практическому уничтожению различий в рамках *Homo sapiens*, если таковые и были.

При указанном положении и при наличии одного общего предка для всех людей один и тот же вид человека, *Homo sapiens*, не мог образоваться параллельно и независимо из разнообразия другого вида, *Homo erectus*, к тому же живущего в совершенно разных концах Земли и в столь разных условиях. Именно о такой разнообразии происхождения человека из разных предшественников и говорит «мультирегиональная теория», сторонников которой за последнее время заметно поубавилось. Разумное обоснование сводится к тому, что современный человек мог произойти только в одном месте, и затем эти потомки мигрировали в разных направлениях, заселив планету. Остальные параллельные или последовательно-параллельные виды или подвиды просто не выжили, не оставили потомства, живущего в настоящее время.

Об этом и свидетельствует ДНК-генеалогия. Строение Y-хромосом и характер мутаций в них, как мутаций-сиппов, практически необратимых, так и обратимых, значительно более быстрых тандемных мутаций в гаплотипах, совершенно надёжно относит всех людей, живущих на Земле, и тестированных на ДНК к настоящему времени на всех континентах и практически всех популяций, к одному общему предку. Этот предок, по совокупности подавляющего количества данных, собранных к настоящему времени, жил в Африке во временном интервале 200 – 60 тысяч лет назад.

Его потомки вышли из Африки примерно 80 – 60 тысяч лет назад и расселились по всем континентам, включая Русскую равнину, о которой речь пойдёт позже.

Следует отметить, что теория «из Африки» вызывает много вопросов, но в отношении этой теории среди специалистов сложился фактический консенсус. Это, естественно, не означает, что теория несет истину, но пока опровергнуть ее не удалось. Иначе говоря, можно в ее отношении закатывать глаза и шептаться в кулуарах, но серьезных альтернативных данных пока никто не представил. Можно, конечно, выдвигать разные предположения, что анатомически современный (и светлокожий) человек образовался за пределами Африки, потом мигрировал в Африку, и затем оттуда «вышел» примерно 70 тысяч лет назад, но по сути это ничего не меняет.

Костные остатки остальных гоминидов, найденные в различных частях света, естественно, показывают, что такие гоминиды существовали, причём во многих случаях существовали задолго до приведённых выше сроков. Но они, судя по всему, не оставили потомства, которое жило бы в настоящее время. Мы не знаем гаплогрупп и гаплотипов этих гоминид, но можно со всей определённо сказать, что они – когда будут определены – будут принципиально отличаться от гаплогрупп и гаплотипов современных людей. У них будут обнаружены мутации-снипы в совершенно необычных участках Y-хромосомы (наряду с обычными снипами, которые унаследованы со времен шимпанзе и ранее) у них будут совершенно необычные тандемные мутации, которые не будут укладываться ни в один из современных человеческих родов. Эта информация окажется чрезвычайно важной для понимания путей развития современного человека в том отношении, что будет показывать тупиковые линии, тупиковые пути развития гоминидов.

Но такой информации пока нет, за исключением данных по немногим неандертальцам. Однако новая область науки, палео-ДНК-генеалогия, уже продвигается в своём развитии. Этот путь колоссальной трудности и фантастически затратный. Это и отвечает на вопрос людей, далёких от ДНК-генеалогии, генетики, да и биологии в целом – а, мол, собственно, в чём дело? Выкопали эректуса или какого другого неандертальца (!) и проанализировали его ДНК. Долго ли умеючи?

Долго. С умением тоже существуют проблемы при работе с такими системами. В мире есть фактически только одна лаборатория, работающая над расшифровкой ДНК неандертальцев – это лаборатория Сванте Паабо в Институте эволюционной антропологии им. Макса-Планка в Лейпциге. И

то исследователи предпочитают работать с митохондриальными ДНК, не с Y-хромосомальными. Y-хромосомальная ДНК – в три тысячи раз больше по размеру, то есть по числу в ней нуклеотидов. Длина мтДНК – 16,5 тысяч нуклеотидов. Длина Y-хромосомы – 50 миллионов нуклеотидов.

Проблема ещё в том, что когда древнюю ДНК извлекают из костей остатков гоминида, то она на 95-99%, а то и более загрязнена ДНК микробов, которые разлагают эту древнюю гоминидную ДНК и давно проникли в кости. То есть эта древняя ДНК ещё и значительно разложена, деградирована, укорочена, расщеплена на куски и фрагменты. Средняя длина ДНК неандертальцев при их анализе – примерно 50 – 85 нуклеотидов. Это, как анализировать сгоревшие книги из библиотеки, собирая и связывая страницы, а потом параграфы, фразы и слова на уцелевших обгорелых кусочках бумаги.

Например, в одном конкретном анализе потребовалось 147 раз прогонять анализ полной мтДНК по 454 нуклеотидов каждый раз, чтобы получить полную последовательность (Rusk, 2009). Это стоило более миллиона долларов. И это для митохондриальной ДНК, в 3500 раз меньшей по размеру по сравнению с Y-хромосомной.

Ещё проблема – загрязнение древней ДНК буквально единичными молекулами ДНК археологов, техников, биологов, генетиков, лаборантов, почти неизбежное в реальных условиях (Stiller, 2009).

Тем не менее, геномы пяти неандертальцев были недавно реконструированы (Stiller, 2009). Оказалось, что они были очень сходны друг с другом, значительно более сходны по сравнению с геномами современных европейцев. Учитывая, что неандертальцы жили в Европе не менее 200 тысяч лет, а предки современных людей – менее 50 тысяч лет назад, то исследователи сделали вывод, что популяция неандертальцев была очень мала (Briggs et al., 2009). И не просто мала, а можно добавить, была на грани экстинкции, вымирания. Сходство Y-хромосом, или их гаплотипов у ряда субъектов означает, что их родительская популяция не столь давно прошла «бутылочное горлышко» популяции, и немного уцелевших особей фактически начали новую ДНК-генеалогическую линию. Видимо, популяция неандертальцев уже давно пульсировала на грани исчезновения, что в итоге и привело к их вымиранию примерно 28 тысяч лет назад в Европе.

Несколько слов о самом термине – «неандертальцы». Хорошее и сжатое изложение происхождения термина и ранней истории вхождения его в оборот приведено в «Археологическом словаре» Г.Н Матюшина (1996), и

пересказывается в нескольких последующих абзацах, хотя и с некоторыми изменениями. Например, Матюшин называет неандертальца «предком современного человека». Уже можно считать доказанным, что это не так, что ниже и поясняется.

Впервые ископаемые останки того, кто позже был назван неандертальцем (по месту первой находки, как это принято в археологии), были найдены в 1856 г. в Германии в долине Неандерталь, вблизи Дюссельдорфа. Черепная крышка, кусок плечевой кости и некоторые кости конечностей отличались от костей современного человека. Находка была случайной. Рабочие, очищавшие небольшой грот для каменоломни, опустили уже на двухметровую глубину, и вдруг увидели кости и череп в глине выброса. Они уже не помнили, с какой глубины выкопали их. Хозяин каменоломни Беккерсгоф решил, что это череп пещерного медведя. Не надеясь на свои знания, он понес обломки учителю Фульротту. Фульротт был председателем естественно-исторического общества в Эльберфельде. Осмотрев черепную крышку, он уверенно определил - человек. У ископаемого существа были мощные надбровные дуги, которых нет у современного человека. Лоб у него выступал вперед, а череп был сплюснутый спереди и выпуклый сзади. Однако известный тогда ученый Рудольф Вирхов категорично заявил: "Это не предок, а урод. Все его особенности - результат патологии, вырождения от сифилиса или алкоголизма..."

Пример Вирхова вдохновил. Один из экспертов назвал ископаемый объект староголландцем, другой - кельтом, третий - дикарем или кромешным идиотом. "Его убили в 1814 г., когда русская армия пришла на Рейн, преследуя Наполеона. Смотрите, - показывал профессор, - у него кость бедра немного изогнута, как у всадников, с детства привычных к лошади..." Перед давлением авторитетов не устоял никто. И кости из долины Неандерталь были забыты на 30 лет.

По прошествии этого времени в Бельгии при раскопках в пещере Спи обнаружили сразу два скелета, похожие на то ископаемое существо. И вместе с ними в одном и том же слое были кости давно вымерших шерстистого носорога, мамонта и других ископаемых млекопитающих. И самое удивительное - здесь были найдены точно такие же оббитые камни, как и те, которые находил Буше де Перт. А он считал их орудиями древнего человека.

Теперь землю с находок удаляли осторожно, тонкими горизонтальными слоями. Находки вынимали из земли при свидетелях, чтобы уже не было сомнений в том, что и кости человека, и орудия, и кости ископаемых

животных лежали вместе. А если они вместе попали в землю, значит, они одновременны. Так постепенно складывались методы археологии.

Новая наука подтверждала, что неандерталец - не урод, а предок человека (теперь мы знаем, что это не так - не предок, а кузен, двоюродный брат, если можно так выразиться - АК). Однако Вирхов так и не признал его до самой смерти. Правда, неандертальца нельзя было назвать "первым" человеком. Он никак не мог быть и "промежуточным звеном" между человеком и обезьяной, потому что был ближе к современному человеку, чем к обезьяне.

Поиски "недостающего звена" продолжались. Несколько позже неандертальца признали только одним из предков современного человека, но не самым древним. Человек разумный (*Homo sapiens*) разошелся с ним на древе эволюции несколько сот тысяч лет назад (см. ниже), но неандерталец принадлежит тому же виду, и был позже отнесен как *Homo neanderthalensis*.

Так что неандерталец - это человек, хотя и был тупиковой ветвью гоминид. Он был немного более тяжелокостный, чем люди сегодня, более примитивный в чертах лица. Но он многое делал как современный человек. Он тоже имел предков, и они тоже были людьми. Перед неандертальцем существовал более примитивный тип *Homo erectus* - человек прямоходящий. Перед эректусом существовал еще более примитивный тип *Homo habilis* - человек умелый, и многие его относят к первому эволюционному «варианту» человека. Хабилис - первый настоящий человек. Перед ним идут австралопитеки. Они тоже были люди по своему облику, однако не изготавливали орудий из камня. Они все были гоминиды. Все они ходили на прямых задних ногах, как и современный человек. Некоторые из них были людьми, другие еще нет.

На этом мы закончиваем пересказ и прямое цитирование статьи Матюшина, и возвращаемся к истории неандертальцев в несколько более современном изложении. При этом введем несколько устаревшее, но полезное понятие архантропов (в «Археологическом словаре» Матюшина его нет), под которым понимают совокупность древнейших ископаемых людей, видов человека. Некоторые расширяют это понятие на всех людей, то есть рода *Ното*, живших в период 750 - 30 тысяч лет назад, то есть включая и неандертальцев. Объём мозга и другие антропологические показатели различны для разных видов архантропов. Территория распространения - Евразия и Африка. Археологические культуры, созданные архантропами, - различные виды шелльских, ашельских культур и культур типа левалуа.

Наиболее ранние архантропы известны в Европе и на Русской равнине, они датированы временем ок. 1 млн. лет назад и имели относительно крупный мозг 1000 – 1350 см³. В Африке архантроп жил позже, примерно 600 – 360 тысяч лет назад. Азиатский ранний питекантроп жил 700 тыс. лет назад, хотя его теоретически относят к архантропам, и имел гораздо большее сходство с обезьяной, а самое главное, имел малый объём мозга – всего 700 см³. В основном восточные архантропы датированы 500 – 250 тыс. лет назад.

Следующей ступенью развития архантропов являются палеоантропы (в Европе разновидность – неандертальцы). Палеоантропы имеют больше черт сходства с современным человеком, их головной мозг по объёму и строению почти не отличается от мозга современных людей. Время обитания палеоантропов – 250 – 20 тыс. лет назад. У «классических» неандертальцев объём мозга достигал 1600 см³.

Стоянки «неандертальцев» на Русской равнине (в обобщении и подготовке этого материала активное участие принимал А.А. Тюняев)

На Русской равнине появление палеоантропа («неандертальца») относят ко времени 400 – 300 тыс. лет назад (Величко и др., 2003). К этому времени относятся следующие стоянки:

- стоянка близ села Выхватинцы на Днестре в Молдавии (в юго-западной части Русской равнины, в основном в междуречье Днестра и Прута) (Сергеев, 1950);
- стоянка Урта-Тубе (Башкирия; восточная окраина Русской равнины) (Бадер, 1973).

Более недавние стоянки следующие:

- стоянка Красная Глинка (70 – 30 тыс. лет назад) на правом берегу Волги в Тетюшском районе Татарстана (на востоке Русской равнины);
- Измерская стоянка в приустьевом Закамье.

На юго-востоке Русской равнины стоянки:

- Тунгуз, Барбашин Овраг, Питъевая Вода на севере Волгоградской области;
- в Дубовском районе Волгоградской области – Челюскинец II (145±18 тыс. лет) и Заикино Пепелище (147±20 тыс. лет);
- в черте г. Волгоград – Сухая Мечетка (178±31 тыс. лет). Площадь раскопа Сухой Мечетки составляет около 650 кв. м. Её обитатели вели свою деятельность у очагов, расположенных в две линии вдоль ручья. Каменный инвентарь стоянки Сухая Мечетка составляет около 4000 предметов, обнаруженных при раскопках памятника (Копытов и др., 2000);

- в Закавказье – Яштух, близ Сухуми (в северо-западной части Закавказья) (Коробков, 1971);
- Ильская (в 45 км к юго-западу от города Краснодар).

На юге Русской равнины:

- в бассейне Северского Донца в Луганской (Красный Яр) и Ростовской областях (Шрамко, 1962);
- на берегу реки Сухие Ялы в Донецкой области (Антоновка) (Гладилин, 1976, стр. 97);
- стоянка Житомирская (Кухарчук и Месяц, 1991, стр. 25 – 27);
- в Крыму – Киик-Коба (к востоку от Симферополя; «неандерталец» «классического» типа) (Бонч-Осмоловский, 1940);
- Чокурча;
- Староселье;
- Заскальненские стоянки (Колосов, 1983, стр. 20 – 133).

Поселения (100 – 35 тыс. лет назад) известны на Нижней Волге, Среднем Урале (Россия), в Днепровском Надпорожье (стоянка Кодак), на Среднем Днестре (Молодова I, 44 тыс. лет назад (Черныш, 1960) и др.

На западе Русской равнины – в Германии, в Эрингсдорфе, деревне близ г. Веймар, на левом берегу р. Ильм найдены костные останки древних людей вместе с орудиями культур, относящихся к палеоантропам (100 тыс. лет назад).

К стоянкам неандертальцев относятся также стоянки:

- Хотыльёво 2 (бассейн р. Десна, Брянская область) – самая северная стоянка неандертальцев (54° с.ш.), датирована по радиоуглероду 25 – 22 тыс. лет назад (Чубур, 2002);
- Бердыж (Гомельская область Белоруссии) (Полікарповіч, 1949).

Стоянки неандертальцев в Европе

Италия:

- Саккопасторе (Saccopastore; на окраине Рима; обнаружены два черепа неандертальцев, ок. 100 тыс. лет назад);
- Монте-Чирчео (Monte Circeo) обнаружен череп неандертальца, сходный по строению с найденным в Ла-Шапель-о-Сен.

Бельгия:

- близ селения Спи (Spy) найдены фрагменты двух скелетов неандертальцев. Для этих существ из Спи характерен очень крупный мозг (1500 – 1600 см³); по антропологическому типу они входят в

- группу поздних неандертальцев Западной Европы. Жили 50 – 40 тысяч лет назад;
- в гроте Ла-Нолет (la Naulette; провинция Намюр; более 50 тысяч лет назад) в слое вюрмского времени найдены нижняя челюсть и обломки других костей неандертальца;
 - Складина (слой 1B), Эглис, пещера Бетч-аль-Роше (40 тыс. л.н.) (Tillier, 1983; Bocherens, 2001).

Швейцария:

- в пещере Драхенлох (Drachenloch, восточная часть Швейцарских Альп) раскопками Э. Бехлера обнаружены остатки очага, каменные и костяные орудия, принадлежавшие неандертальцам (50 тысяч лет назад) (Bachler, 1940).

Англия:

- неандертальцы найдены в слоях культур близ г. Клэктон-он-Си (Замятнин, 1951);
- в Сванскомбе найдены каменные орудия и остатки человека (250 – 200 тыс. лет назад; объём мозга 1325 см³).

Франция:

- на стоянке Ла-Кина (La Quina; департамент Шаранта) в слоях (55 – 35 тыс. лет назад) обнаружены кости более чем двадцати ископаемых людей, относящихся к типу поздних неандертальцев;
- в гроте Лоссель (Laussel; департамент Дордонь) обнаружены восемь культурных слоев, охватывающих эпохи от ашельской и мустьерской культур до солотрейской;
- на стоянке Ла Феррасси (La Ferrassie; департамент Дордонь) найдено шесть погребений неандертальцев;
- пещера Маррилак (Центральная Франция, 45 тыс. л.н.) (Bocherens, 1999);
- Валлония (40 тыс. л.н.) (Drucker, 2004),
- Сен-Сезар (36 тыс. л.н.) (Drucker, 2004);
- грот Ля-Шапель-о-Сен, Неандерталь (до 30 тыс. лет до н.э.) (Медникова, 2002, стр. 59 – 65).

Хорватия:

- пещера Виндижъя (28 тыс. лет назад) (Richards, 2000).

Гибралтар:

- в одной из пещер обнаружен череп неандертальца (40 тыс. лет назад).

Румыния:

- Иосэшел, Чахлэу-Дырцу в Карпатах, Миток на Пруте и др.

Украина:

- Белая скала (22 тыс. до н.э.) и др.

В Австрии и Южной Германии также обнаружены останки неандертальцев.

Кавказ:

- Мезмайская пещера (Голованова и др., 1998, стр. 85 – 98);
- Лаше-Балта (в долине реки Метехская Проне, притока Куры, в Южной Осетии) (Любин, 1960);
- в Абхазии, Имерети, Юго-Осетии (например, Кударо), Нижней Картли, Кахетии;
- в Азербайджане – неандертальцы найдены в пещере Азых.

Стоянки неандертальцев в Азии

Турция:

- в пещере Караин (Karain), близ г. Анталья, содержащей каменные орудия эпохи палеолита, найден зуб неандертальца (Любин, 1957).

Ирак:

- в пещере Шанидар, в предгорьях хребта Загрос, близ оз. Урмия (Иран), обнаружены остатки скелетов девяти людей неандертальского типа (70 – 50 тыс. лет назад). Антропологически люди из Шанидара близки к неандертальцам Западной Европы (Коробков, 1963)

Палестина:

- пещера на склоне горы Кафзех, близ Назарета (Палестина, 60 – 50 тыс. лет назад) (Рогинский, 1966а);
- западный склон горы Кармель в северной части Палестины, в пещерах Табун и Схул (45 – 44 тысяч лет назад).

Узбекистан:

- в пещере Тешик-Таш на стоянке обнаружены остатки скелета ребёнка-неандертальца 8 – 9 лет. Объём мозга 1490 см³ (Тешик-Таш, 1949).

Монголия:

- стоянки открыты в Оцон-маньт в Южно-Гобийском аймаке на юге МНР (Окладников, 1964).

Киргизия:

- Ходжа-Гор, Капчигай, Тосор, Георгиевский бугор.

Индия:

- одна из наиболее ранних древнепалеолитических культур северо-западной Индии и Пакистана – Соан (Борисковский, 1971);
- Мадрас – стоянка Палаварам обнаружена в 10 км к юго-западу от города Мадрас в Индии (Studies in Prehistory, 1966).

Остров Ява:

- близ селения Нгандонг на берегу р. Соло, в центральной части о. Ява обнаружены костные остатки палеоантропов примитивного облика (60 – 50 тысяч лет назад).

Стоянки неандертальцев в Африке

- В южной Африке обнаружены останки родезийского человека (близ г. Кабве в Замбии; объём мозга 1280 см³). Его относят к палеоантропам, хотя некоторые признаки сближают его с питекантропами. Родезийский человек жил довольно поздно, может быть, одновременно с ранними представителями позднепалеолитических людей современного физического типа. Большинство учёных считает его боковой формой в эволюции человека (Рогинский, 1966);
- Наиболее ранняя дата, полученная в пещере Хауа Фтеах в Ливии, 32 – 26 тыс. до н.э. Наиболее поздняя – 6 – 5 тыс. до н.э.

Определение даты самого позднего существования неандертальцев является сложным вопросом. Анализ костей умершего около 30 тысяч лет назад на Алтае ребёнка привёл профессора Сванте Паабо (лейпцигский Институт эволюционной антропологии имени Макса Планка) к выводу, что это неандерталец, причём он имел близкое родство с европейскими неандертальцами.

По результатам исследований ДНК, неандерталец из пещеры Тешик-Таш (Узбекистан) оказался очень похож на неандертальца, найденного в пещере Складина в бассейне реки Мёз на территории современной Бельгии.

В ходе раскопок в районе Белой скалы (Крым) украинские археологи обнаружили идеально сохранившиеся стоянки поздних неандертальцев (30 тыс. л.н.).

Поздние неандертальцы обнаружены в Гибралтаре (28 – 24 тыс. лет назад).

* * *

Археологическая линия развития неандертальцев хорошо изучена и представляет собой ряд последовательно сменявших друг друга археологических культур. Научные данные свидетельствуют о чрезвычайно длительном и относительно мирном сосуществовании указанных двух видов человека – неандертальцев и неантропов (хотя известны примеры, которые интерпретируют как гибель неандертальцев от руки человека, см. ниже) – начиная с 50 тыс. лет назад и несколько позже, вплоть до 28 тыс. л.н. (в Европе). Устоявшимся маркером неандертальской культуры является техника мустье.

Здесь следует отметить, что потомков неандертальцев в наши дни не обнаружено, поскольку у них должны быть совершенно другие гаплотипы в Y-хромосомах. Возможно, под «потомками неандертальцев в наши дни» некоторые исследователи понимают потомков по женской линии, но митохондриальные ДНК неандертальцев у современных женщин тоже не обнаружены. Похоже, что здесь неверно понимаемая антропология некоторых современников запутывает исследователей, и когда они видят скошенный лоб и бочкообразную грудную клетку, они торопятся записать их обладателей в «потомков неандертальцев». ДНК-генеалогия здесь расставляет всё на свои места, показывая, что это – обычные современные люди, потомки современных людей.

Ближний Восток. По мнению П.М. Долуханова, «развитие палеолитических культур здесь подчинялось в основном тем же закономерностям, что и в приледниковой Европе» (Долуханов, 1972, стр. 22). Стоянки неандертальцев Ближнего Востока датированы радиоуглеродом:

- Али Габ (Сирия) – 53 тыс. лет назад (GrN-2640);
- Рас Эль-Кельб – 52 тыс. лет назад;
- Ксар Акил (Ливан) – 44600±1200 лет назад (GrO-2574/5);
- Джерф Аджла (Сирия) – 43±2 тыс. лет назад (NZ-76);
- пещера Шанидар (горы Загрос, Иракский Курдистан) – 48 – 44 тыс. лет назад;
- пещера Кунджи в Луристане (юго-западный Иран) – более 40 тыс. лет назад.

Стоянки неандертальцев с отсталой техникой обработки камня датированы:

- в пещере Табун В (Израиль) – 39,7±0,8 тыс. лет назад (GrN-2534);
- в пещере Хауа-Фтеах (Ливия) – 46 – 40 тыс. лет назад.

Индия. Пещерное местонахождение Ниа на Северном Калимантане, исследованное Т. Гаррисоном (Т. Harrison), дало радиоуглеродные даты слоёв 41500 ± 1000 , 39600 ± 100 , 32630 ± 700 лет назад. Слои, датированный временем 19570 ± 190 лет назад, содержал чопперы, пластинчатые отщепы с фасетированными площадками и костяные орудия ашельской техники (Solheim, 1961). Носителями указанных культур индийского региона являлись архантропы, на поздней, мустьерской стадии, развившиеся в местный вид «неандертальца», аналогичного неандертальцам Европы и Африки.

* * *

Таким образом, вся Европа, и особенно Русская равнина, были достаточно густо населены палеоантропами («неандертальцами» разных видов). Судя по датировкам, самые древние палеоантропы-«неандертальцы» (ок. 210 тысяч лет назад) обнаружены в современной Волгоградской области. Следующая волна палеоантропов (100 тыс. лет назад) – расселилась по Западной Европе. Следующая волна (70 – 50 тыс. лет назад) – расселилась в азиатском направлении.

Как это часто встречается в антропологии, западные исследователи имеют несколько иную точку зрения на географию и динамику распространения неандертальцев, нежели ряд российских ученых. Эта «западная» концепция обобщена в недавней работе (Hublin, 2009), согласно которой ни один из костных остатков неандертальцев не связан ни в какой заметной степени с современными людьми (Green et al, 2006). Это также подтверждается изучением генома неандертальца (Noonan et al, 2006), который позволил заключить, что линия современных людей разошлась с линией неандертальцев 370 тысяч лет назад, ещё до появления анатомически современных людей (принимается, что это произошло в Африке примерно 195 тысяч лет назад).

Не выявлено никакого генетического смешивания неандертальцев и современных людей, во всяком случае, в Европе. Это конкретное исследование было проведено с использованием ДНК, извлеченной из скелетных остатков неандертальца из Vindija (Хорватия) с датировкой 38 тысяч лет назад (Noonan et al, 2006). Следует отметить, что величина 370 тысяч лет базируется на калибровке, согласно которой расхождение линий человека и шимпанзе произошло 6.5 миллионов лет назад, и сдвиг в последней величине приведёт к пропорциональному сдвигу в первой.

Другие, более недавние оценки, дают величину для расхождения неандертальцев и предков современных людей 660 ± 140 тысяч лет назад (Green et al, 2008). Независимые методы, базирующиеся на краниометрических измерениях, дают времена расхождения 435 тысяч или 311 тысяч лет назад, в зависимости от заложенных условий (Weaver, 2009). Костные останки, определенно классифицируемые как принадлежащие неандертальцам, обычно датируются от 130 тысяч лет назад до 35 тысяч лет назад (Weaver, 2009).

Ещё одна фундаментальная работа по датированию времён расхождения предков современного человека и неандертальца привела к выводу, что это расхождение произошло 516 тысяч лет назад, в пределах 95%-го доверительного интервала между 569 и 465 тысяч лет назад (Green et al, 2006). Используя те же методы, авторы заключили, что расхождение между линиями человека сходится (точка коалесценции) к 459 тысячам лет назад, с 95%-ным доверительным интервалом между 498 и 419 тысяч лет назад. Иначе говоря, вероятность временного пересечения между этими линиями, человека и неандертальца, хотя и отлична от нуля, но определенно мала.

Согласно обобщающей работе (Hublin, 2009), в Северной Африке неандертальцы не обнаружены, хотя их остатки найдены в Израиле, на восток доходят до южной Сибири, и на север – до 55-й параллели. Помимо анатомических различий, между неандертальцами и предками современных людей имелось ещё одно характерное различие – неандертальцы питались практически только мясом крупных животных, а люди – рыбой, моллюсками, и мясом как крупных, так и мелких животных.

То, что люди, в отличие от неандертальцев, питались морскими и речными продуктами, было обнаружено по изотопному составу коллагена их костей (Richards and Trinkaus, 2009). Авторы указанной работы проанализировали содержание стабильных изотопов ^{13}C и ^{15}N у тринадцати европейских неандертальцев с датировкой от 120 тысяч лет (Scladina) до 37 тысяч лет назад (Vindija) и показали, что у всех неандертальцев содержание $\delta^{13}\text{C}$ (в промилле, то есть в десятитысячных долях процента) было от -19 до -22, что исключает заметное содержание в их рационе морепродуктов ($\delta^{13}\text{C} = -12 \pm 1$).

Известно, что те, кто питаются исключительно мясом животных, имеют содержание $\delta^{13}\text{C} = -20 \pm 2$, в зависимости от территории обитания. Неандерталец из Сибири имел $\delta^{13}\text{C} = -19.1$. Напротив, скелетные останки 14 людей раннего верхнего палеолита (датировка между 40 тысяч и 27 тысяч лет назад) имели содержание $\delta^{13}\text{C}$ от -19.5 до -17, что указывает на значительное употребление в пищу рыбы и моллюсков.

Дальнейшее подтверждение это предположение нашло при анализе стабильного изотопа ^{15}N , который для хищников, питающихся почти исключительно мясом, имеет величину 10 – 12 промилле (волки) и для морских животных 18 – 20 (тюлени). Оказалось, что для неандертальцев значение $\delta^{15}\text{N}$ было в промежутке от 11.5 до 8 и для древних людей – от 10.5 до 13.5 (Richards and Trinkaus, 2009). Возможно, большее разнообразие рациона отражало большую адаптацию людей к условиям обитания.

Похоже, что плотность обитания неандертальцев была очень низкой, возможно, как результат их недостаточной адаптации к окружающим условиям. Не исключено, что, хотя они как вид просуществовали несколько сотен тысяч лет, их популяция пульсировала на грани исчезновения и в итоге перешла критическую черту в Европе примерно 28 тысяч лет назад. На это указывают и результаты анализа их митохондриальных ДНК. Оказалось, что у шести изученных ДНК разнообразие в мутациях настолько мало, что оно меньше разнообразия у людей, приобретенного за последние 50 – 70 тысяч лет. Это может означать, что все пять неандертальцев прошли «бутылочное горлышко популяции» относительно незадолго до времен их жизни. Иначе говоря, природа поставила неандертальцев на грань выживания всего несколько десятков тысяч лет назад, а для части их, возможно, и нескольких тысяч лет назад, до времени их жизни. Этим и объясняется низкая территориальная плотность неандертальцев.

Более экзотические гипотезы в отношении исчезновения неандертальцев предполагают, что этому способствовали люди. На скелетных остатках неандертальцев находили следы ран (Berger and Trinkaus, 1995), которые трудно приписать «бытовым» случаям или травмам, нанесённым дикими животными. Журнал Time недавно посвятил этому статью под названием «Это мы убили неандертальцев?» (Time, 10 августа 2009), уделив особое внимание смертельному ранению неандертальца, зафиксированного в научных списках под именем Шанидар-3 (Ирак). По заключению профессора эволюционной антропологии Steven Churchill (Rhodes and Churchill, 2009), который провёл баллистическую экспертизу, неандерталец был ранен дротиком, брошенным рукой человека. Неандертальцы, по современным представлениям, ударяли животных копытами, не бросая их.

Дискуссии продолжаются в отношении связи неандертальцев с более ранними гоминидами. Большинство исследователей согласны в том, что африканские и западно-евразийские гоминиды среднего плейстоцена во многом подобны друг другу, с одной стороны, и *Homo erectus* и *Homo heidelbergensis*, с другой. Но переход к *Homo neanderthalensis* уже выявляет существенные различия и другую географию обитания. Дебаты в основном

фокусируются на взаимоотношении Европы, Азии и Африки как ареалах обитания этих гоминидов, и на том, кто был общим предком, например, *H. heidelbergensis* и *H. neanderthalensis*. Некоторые модели вообще снимают различия между ними (Hublin, 2009 и ссылки там же).

Выше уже описывались данные, которые отрицают возможность прямого родства или прямой наследственности между неандертальцами и неантропами. Ещё в 1997 году палеонтолог Сванте Паабо из лейпцигского Института эволюционной антропологии, проанализировав останки неандертальцев возрастом 50 тысяч лет, сделал вывод, что различия в ДНК между неандертальцами и современным человеком слишком велики, чтобы считать их прямыми родственниками. В 1999 году аналогичные выводы были сделаны по результатам исследований останков, найденных на Кавказе, в Грузии.

Из сравнения детских черепов неандертальца и кроманьонца, произведённого в университете Цюриха, Марисия Понсе де Леон (Испания) и Кристоф Цолликофер (Швейцария) сделали вывод о принципиальном различии в генофонде обеих рас. По результатам генных экспертиз американские исследователи также считают, что признаков скрещивания неандертальцев и современного человека в геноме не обнаружено.

Итальянский исследователь Джорджо Берторелле из университета Феррары сравнил фрагменты ДНК из скелетов неантропов (25 – 23 тыс. лет назад), неандертальцев (42 – 29 тыс. лет назад), а также современных европейцев. ДНК неантропов практически полностью совпала с ДНК европейцев, но резко отличалась от ДНК неандертальцев, из чего исследователи сделали вывод, что никаких следов неандертальцев в генетическом фонде европейского человека нет.

Немецкие генетики, напротив, допускают такую возможность и предполагают, что в геноме неандертальцев и людей признаки скрещивания есть (см. например, журнал «Science», 2006). Хотя речь на самом деле идёт не о «скрещивании», а о том, что геномы обоих видов очень близки, и нуклеотидные последовательности одни и те же на 99,5% (Noonan et al, 2006). Но половина процента – это разница в 15 миллионов нуклеотидов и примерно (в среднем) в 150 генов, что и приводит к огромной разнице между неандертальцами и анатомически современными людьми.

В итоге, всё большее число исследователей по всему миру приходит к выводу, что неандертальцы не были предками современного

европеоидного человека. Это были два различных биологических вида, произошедших от разных ветвей древних гоминидов. Неандертальцы – это самостоятельный вид. И неандертальцы, и *Homo erectus* (человек прямоходящий) – всё это представители бокового звена в эволюции, которое к человеку не имеет никакого отношения. И, скорее всего, неандертальцы и неантропы не могли смешиваться и давать общее потомство.

Большая группа антропологов и молекулярных генетиков из Германии, Испании, Италии, Франции и США исследовала фрагменты гена *mc1r* («ген светлокости», способствующий синтезу витамина D под действием солнечного света) неандертальцев и нашла одно отличие от того же гена неантропов: в позиции 919 у европеоидов стоит аденин, а у неандертальцев обнаружился гуанин. Из обследованных 3700 современных людей у всех в позиции 919 находится аденин (Carlez, 2007). Это может означать, что в северных широтах темнокожие (или покрытые шерстью) неандертальцы испытывали нехватку витамина D (который на юге поступает в организм с фруктами), что способствовало появлению рахита и соответствующему дисбалансу кальция в костях.

Недавно появилась статья (Evans et al, 2006), в которой группа исследователей привела результаты, по их мнению, показывающие, что *Homo sapiens* все-таки могли скрещиваться с архаичными видами людей, но неясно, с неандертальцами или с *Homo erectus*. Их расчёты показали, что существует две линии людей – *sapiens* и не-*sapiens*, разошедшихся около 2 млн. лет назад. От второй группы в первую D-вариант гена «микроцефалин» перешёл только 37 тыс. лет назад и сейчас встречается у 70 – 80% людей на планете. Самое простое объяснение, как полагают авторы, – это скрещивание, гибридизация, например, между людьми и неандертальцами.

Российские археологи, особенно те, которые работают на Алтае, археологи из Новосибирска, являются сторонниками того, что гибридизация между людьми и неандертальцами была. По их данным, в Центральной Азии, в Монголии наблюдается максимальная в Евразии частота встречаемости у людей предположительно неандертальского варианта гена микроцефалин. Далее, в Узбекистане недавно нашли в гроте скелет, сочетающий признаки неандертальцев и современных людей (хотя сочетание признаков – совершенно обычное дело у ископаемых костных останков, что и затрудняет их классификацию и отнесение к определённым видам гоминид). Не исключено, что именно в Центральной Азии могла происходить гибридизация, и оттуда микроцефалиновый вариант гена начал распространяться.

Некоторые исследователи в своих интерпретациях не исключают наличия у палеоантропов черт сходства с современным человеком. Более того, этой границы на протяжении 300 – 200 тысяч лет и не существует, или не выявлено. Есть некая мозаичная картина. Например, палеоантропы «пресапиенсы» из Сванскомб (Swanscombe; Англия, 250 – 200 тыс. лет назад) и из Сухой Мечетки (Волгоград, Россия; 210 тыс. лет назад) являются намного более ранними, чем их аналоги из Эрингсдорфа и Штейнгейма (Германия; 100 тыс. лет назад) и из Староселья (Крым; 100 – 40 тыс. лет назад), в последнем обнаружено погребение ребёнка (1,5 – 2 лет) мустьерской эпохи. По мнению исследователей, ребёнок отличается от неандертальцев наличием многих *сапиентных* черт и представляет собой *Homo sapiens* или форму, переходную от неандертальцев к *Homo sapiens* (Алексеев, 1966). Более того, он значительно старше (по времени) палеоантропа-«пресапиенса» из п. Шанидар (Ирак), жившего 70 – 50 тыс. лет назад и антропологически близкого к тем же неандертальцам Западной Европы.

На стоянке Шаньдиндун (Китай, близ Пекина) эпохи позднего палеолита, там же, где были обнаружены останки синантропа, найдены костные остатки т.н. шаньдиндунского человека (25 тыс. лет назад), которого «по умственному развитию возможно относить к современным людям» (Жэньминь, 2003). Его череп характеризуется общим монголоидным обликом, совмещённым с австралоидностью (Чебоксаров, 1964).

Близ австралийского г. Кохуна (Cohuna) найден череп долихокраний, массивный, с низким сводом и мощными надбровными дугами и объёмом мозговой полости 1260 см³. Этого человека относят к неоантропам и рассматривают как представителя протоавстралийской расы. Близ деревни Кейлор (Keilor, Австралия) обнаружен череп неоантропа, предка аборигенов Австралии – долихокраний (20 тыс. лет назад; объём мозга 1593 см³), с высоким сводом, слабым развитием надбровных дуг, низким лицом, выступающим вперёд (прогнатизм) и более узким носом (Гохман, 1966). В. Удальцова, заведующая сектором изобразительных источников Государственного Дарвиновского музея в Москве, предположила, что эти особенности неоантропов каменного века сохранились и поныне в австралийских аборигенах, и что большинство африканских и южноамериканских племён – реликтовые типы людей (Столяров, 2003). Это, впрочем, не вписывается в картину современной ДНК-генеалогии, согласно которой практически все люди на Земле вообще, и в Африке в частности, происходят от одного общего предка, жившего между 100 и 150 тысяч лет назад.

На самом деле «древнейшие» гаплогруппы у австралийских аборигенов принадлежат гаплогруппе С, и, согласно давно отработанному филогенетическому дереву всех популяций Земли, являются «нисходящими» от африканских гаплогрупп. Неудивительно, что этих людей считают «реликтовыми», потому что гаплогруппы «выше» С и «старше» их остальных гаплогрупп, за исключением только африканских гаплогрупп А и В. Иначе говоря, гаплогруппа С – очень древняя, и образовалась десятки тысяч лет назад.

Новые материалы по неандертальцам

После этого довольно беглого обзора настало время вернуться к указанным двум недавним статьям 2010 года, и взглянуть, что нового они нам дают в отношении происхождения человека и неандертальцев.

При этом мы оставляем за рамками вопрос о том, что эти статьи дают в отношении техники анализа древних, то есть ископаемых геномов. Безусловно, это статьи – крупный шаг вперед в этом отношении. Об этом – и сами статьи, и их приложения в несколько сотен страниц.

Статьи – о геномной последовательности трех неандертальцев из пещеры Vindija Cave в Хорватии. Все три – женщины, или, скорее, самки. Датировка костей – $38,310 \pm 2,130$ лет назад, вторая кость не датирована (образец из более древнего слоя, и слишком мало сохранилось коллагена из-за древности образца), и $44,450 \pm 550$ лет назад. Поскольку все три – самки, то речь могла идти только о мтДНК, и, естественно, о всем «женском» геноме. При этом анализ мтДНК показал, что все три кости были от разных неандерталок, но две были родственными друг другу.

Авторы статей не подвергают сомнению самый главный вывод последних работ с генетикой неандертальцев – то, что человек не произошел от неандертальцев, или, что то же самое, что неандертальцы не были предками человека как вида *Homo sapiens*. Авторы только уточняют, когда разошлись линии неандертальцев и предков современного человека. При этом в статье подчеркивают, что есть разница в расхождении популяций и в расхождении ДНК-генеалогических линий. Время расхождения популяций – это когда популяции перестали обмениваться генами. Оно более недавнее, чем время расхождения ДНК-линий, потому что последнее, по данным статьи – это сумма двух показателей: время расхождения популяций плюс усредненное время до общих предков обеих последовательностей ДНК.

Здесь у авторов или ошибка, или нечеткость понятия «время расхождения популяций» (population divergence). Если по разнице в мутациях рассчитывается время МЕЖДУ популяциями, учитывая что популяция изучаемых неандертальцев жила примерно 40 тысяч лет назад, а человеческая популяция живет сейчас, то время расхождения ДНК-линий будет равно $(M+N+Ч)/2$, где М – это время между популяциями, то есть примерно 40 тысяч лет, Н – время до общего предка неандертальцев, и Ч – время до общего предка человека, два последних рассчитываются по мутациям в соответствующих ДНК. Авторы делали непростые расчеты, взяв для расчета времени жизни общих предков человека пять геномов человека – племени Йоруба из Западной Африки, племени Сан из Южной Африки, папуаса с Новой Гвинеи, китайца, и француза. Для оценок времени жизни общих предков неандертальца опирались на геномы шимпанзе и орангутанга, а также на оценки времени расхождения ДНК у человека и шимпанзе (5.6-8.3 миллиона лет назад). Наконец, в геномах человека и неандертальца выявляли определенные снипы, разумно полагая, что чем больше новых снипов, тем более недавний геном. При этом доля таких «новых» снипов составила (в порядке увеличения): неандерталец 18.0%, африканец племени Сан 26.3%, папуас 29.3%, француз 29.7%, китаец 29.8%, африканец племени Йоруба 30.6%. В итоге таких расчетов было предположено, что популяции неандертальцев и современных людей разошлись в интервале 270,000 до 440,000 лет назад. Это в целом согласуется и с другими данными, полученными ранее (см. выше). При этом в статье показано, что расхождение аутосомальных ДНК у неандертальцев и современных людей произошло 825,000 лет назад, хотя авторы подчеркивают, что это очень приблизительная оценка, которая базируется на ряде допущений.

Это опять подтверждает, что неандертальцы – не предки человека. Авторов занимал в основном другой вопрос – а оставили ли неандертальцы и люди общих потомков? Иначе говоря, есть ли в геноме современных людей фрагменты ДНК, попавшие от неандертальцев уже ПОСЛЕ их расхождения с людьми как популяции. Здесь, видимо, есть некоторое противоречие – сначала авторы установили, что популяции разошлись 270-440 тысяч лет назад, а потом спрашивают, а расходились ли популяции? Или все-таки расходились не совсем, чтобы полностью? Анализ этого вопроса затруднен тем, что подавляющее большинство фрагментов ДНК идентично и у человека, и у неандертальца, поскольку они имеют общего предка. Еще один вопрос занимал авторов статьи – а к кому ближе неандертальцы по геному, к африканцам или неафриканцам? Здесь опять рассматривались снипы (SNP) в геномах у неандертальцев и современных людей с разных континентов, а именно у двух американцев европейского происхождения, двух восточно-азиатов, и четырех западно-африканцев. При этом ряд

старых снипов вычеркивался, например те, что есть и у шимпанзе. В целом в геномах пяти современных людей было насчитано 5,615,438 снипов, и примерно в 10% их у неандертальцев были отличия. Было найдено, что неандертальцы равноудалены от европейцев и восточно-азиатов, но значительно дальше от африканцев. Наконец, было показано, что имел место поток (скорее, ручеек) генов между неандертальцами и людьми, причем только от неандертальцев к людям. Полагая, что это могло происходить только между 80 и 50 тысячами лет назад, было рассчитано, что доля «предковости» неандертальцев в современных людях составляет от 1% до 4%.

Следует отметить, что для подтверждения своих выводов авторы использовали еще три образца костей неандертальцев, для которых тоже секвенировали фрагменты ДНК – из пещеры Эль Сидрон (Испания) с датировкой ~ 49,000 лет назад, из пещеры Фельдхофер в Неандертальской долине, а именно из кости самого первого неандертальца, обнаруженного в 1856 году, с датировкой ~42,000 лет назад, и из Мезмайской пещеры на Кавказе, с датировкой 60-70,000 лет назад. ДНК этих трех неандертальцев ничем заметно не отличались от хорватских образцов, и были примерно в одинаковом соответствии с ДНК современных людей.

В заключение авторы пишут, что сформировавшаяся к последнему времени точка зрения на происхождение людей сводится к тому, что предками современных людей была небольшая группа африканцев, которые заменили архаичные формы людей без смешивания с ними. Но, как продолжают авторы, полученные в их двух статьях данные могут противоречить такой схеме. Получается, что неандертальцы ближе к неафриканцам – европейцам и азиатам, чем к африканцам (см., однако, выше). В принципе, обе модели можно совместить, как полагают авторы. Более того, генный поток (ручеек) от неандертальцев к людям происходил, видимо, до разделения их на европейцев и папуасов, то есть вскоре после выхода из Африки, например, на Ближнем Востоке. Археологические данные показывают, что анатомически современные люди были на Ближнем Востоке даже ранее, чем 100 тысяч лет назад, и неандертальцы обитали там же до примерно 50 тысяч лет назад.

Естественно, то, что было авторами получено – это не прямые доказательства, а результаты интерпретаций, к которым есть немало альтернативных объяснений. Например, сам факт, что авторами объявлено, что «доля» генома неандертальцев одинакова в геномах как папуасов, так и европейцев, уже настораживает, поскольку неандертальцы на Новой Гвинее, да и вообще в Юго-Восточной Азии замечены не были. Авторы пытаются выйти из положения тем, что якобы это вливание было

на Ближнем Востоке, но далеко не факт, что носители гаплогруппы С вообще шли через Ближний Восток, а не мигрировали вдоль Индийского океана на восток. Такая же неопределенная ситуация с направлением «генного потока» именно от неандертальцев к людям, но не наоборот, хотя эти показатели обычно симметричны. Такая же ситуация с большим удалением от африканцев, хотя в качестве африканцев использовались явно ограниченные варианты. Более того, в самой Африке было много разных предков человека, и в них могли быть самые разнообразные сочетания «потоков генов» от давно вымерших предков. Так что эти «1 до 4%» вполне могли быть не от неандертальцев, а от других предков человека на той же эволюционной линии, которые тоже могли быть представлены разными популяциями. Авторы, несомненно, отдают себе в этом отчет, потому и постоянные оговорки по тексту, что это всего лишь варианты предположений. Широкая пресса, конечно, подхватила самые экстравагантные, «кассовые» варианты.

Через десять дней после публикации указанных двух статей в Science, а именно 17 мая этого года, итальянские исследователи из Флорентийского университета выпустили пресс-релиз, в котором фактически денонсировали выводы группы Сванте Паабо в публикации в Science. Совершенно очевидно, что это открытое столкновение двух научных школ. Пресс-релиз объявляет, что «последние итальянские генетические исследования подтверждают теорию, что современные европейцы не произошли от неандертальцев, в противовес недавнему исследованию, что ДНК неандертальцев присутствует во многих современных людях». Эти исследования проводятся совместно большой группой генетиков из Италии и Франции, и в первую очередь показывают, что ген микроцефалина не содержался в неандертальцах, и что неандертальцы не ближе к европейцам, чем к африканцам, и в пресс-релизе называют выводы группы Сванте Паабо «спекуляциями».

Так что противоречия пока не разрешены, и исследования продолжаются.

Литература

Алексеев В.П. (1966) Гоминиды второй половины среднего и начала верхнего плейстоцена Европы. Сборник: Ископаемые гоминиды и происхождение человека. – М.

Бадер О.Н. (1973) Новые памятники позднего и древнего палеолита Башкирии. Археология и этнография Башкирии. Уфа.

Бонч-Осмоловский Г.А. (1940) Грот Киик-Коба. Палеолит Крыма в 1 веке. М., Л.

Борисковский П.И. (1971) Древний каменный век Южной и Юго-Восточной Азии. Л.

Величко А.А., Грибченко Ю.Н., Куренкова Е.И. (2003) Позднепалеолитический человек заселяет Русскую равнину. Природа. № 3.

Гладилин В.Н. (1976) Проблемы раннего палеолита Восточной Европы. Киев.

Голованова, Л.В., Хоффкер Д.Ф., Харитонов В.М., Романова Г.П. (1998) Мезмайская пещера. РА, №23.

Гохман, И.И. (1966) Ископаемые неантропы, в сб.: Ископаемые гоминиды и происхождение человека. – М. (Тр. Ин-та этнографии им. Н. Н. Миклухо-Маклая. Новая серия. – Т. 92).

Долуханов П.М. (1972) Хронология палеолитических культур. Проблемы абсолютного датирования в археологии. М.: Наука.

Жэньминь (2003) Обнаружены окаменелые останки людей периода "шаньдиндунского человека". – Жэньминь Жибао.

Замятнин С.Н. (1951) О возникновении локальных различий в культуре палеолитического периода. Происхождение человека и древнее расселение человечества. М.

Колосов Ю.Г. (1983) Мустьерские стоянки района Белогорск. Киев.

Копытов П.С., Васильев И.Б., Дубман Э.Л., Смирнов Ю.Н., Храмов Л.В. (2000) История Самарского Поволжья с древнейших времен до наших дней. Каменный век. Изд. Самарского научного центра РАН.

Коробков И.И. (1963) Новые данные о неандертальских скелетах из пещеры Шанидар (Ирак). Вопросы антропологии.

Коробков И.И. (1971) К проблеме изучения нижнепалеолитических поселений открытого типа с разрушенным культурным слоем. Материалы и исследования по археологии СССР. Л., № 173.

Кухарчук Ю.В. Месяц В.А. (1991) Ранний палеолит Украинского Полесья. Житомирская стоянка (мустье). Киев.

Любин В.П. (1957) Палеолит Турции и проблема раннего расселения человечества. Советская археология. М., т. 27.

Любин В.П. (1960) Нижнепалеолитические памятники Юго-Осетии. Материалы и исследования по археологии СССР. М.-Л., № 79.

Матюшин, Г.Н. (1996) Археологический словарь. - М.: Просвещение: АО "Учебная литература", 304 с.

Медникова М.Б. (2002) Эпохальная изменчивость размеров тела человека: мифы и реальность. Opus. Междисциплинарные исследования в археологии. М., вып. 1 - 2.

Окладников А.П. (1964) К вопросу о древнейшей истории Монголии. Первобытная Монголия: в сборнике: *Studia Archeologica Instituti Historiae Academiae Scientiarum Republicae Populi Mongoli.* v. 3. fasc. 8 - 10. - Ulan-Bator.

Полікарповіч К.М. (1949) Проблема палеоліта у Беларусі: в сборнике: Материалы юбілейнай сесіі АН БССР. Мінск.

Рогинский Я.Я. (1966) Внеевропейские палеоантропы: в сборнике: Ископаемые гоминиды и происхождение человека. М.

Рогинский Я.Я. (1966) Палестинские и близкие им формы гоминид. В сборнике: Ископаемые гоминиды и происхождение человека. М.

Сергеев Г.П. (1950) Позднеашельская стоянка в гроте у сел. Выхватинцы (Молдавия): в сб.: Советская археология. М.,-Л. т. 12.

Столяров, Д.Ю. (2003) Антропологи спорят о причинах гибели неандертальцев. Независимая газета, 22.10.2003.

Тешик-Таш (1949) Палеолитический человек. Сб. ст. - М.

Чебоксаров, Н.Н. (1964) Основные этапы формирования антропологического состава населения Восточной Азии. - М.

Черныш А.П. (1960) Остатки жилища мустьерского времени на Днестре. Советская этнография. № 1.

Чубур А.А. (2002) Мамонт *Mammunthus primigentius* (blumenbach) с палеолитической стоянки Хотылево 2. Сборник трудов Дарвиновского музея. Вып.8. – М.

Шрамко Б.А. (1962) Древности Северского Донца. Харьков: Издательство Харьковского Государственного Университета.

Bachler E. (1940) Das alpine Palaolithikum der Schweiz. – Basel.

Bocherens H., Billiou D., Pathou-Matis M. et al. (1999) Palaeoenvironmental and paleodietary implications of isotopic biogeochemistry of late interglacial Neandertal and Mammal bones in Scladina Cave (Belgium). Arch. Sci., 26, 599 – 607.

Bocherens H., Billiou D., Mariotti A., Toussaint M. et al. (2001) New isotopic evidence for dietary habits of Neandertals from Belgium. Hum. Evol., 40, 497 – 505.

Briggs, A.W., Good, J.M., Green, R.E., Krause, J., Maricic, T., Stenzel, U., Lalueza-Fox, C., Rudan, P., Brajković, D., Kučan, Z., Gušić, I., Schmitz, R., Doronichev, V.B., Golovanova, L.V., de la Rasilla, M., Fortea, J., Rosas, A., Pääbo, S. (2009) Targeted Retrieval and Analysis of Five Neandertal mtDNA Genomes. Science 325, 318-321.

Burbano, H.A., Hodges, E., Green, R.E., Briggs, A.W., Krause, J., Meyer, M., Good, J.M., Maricic, T., Johnson, P.L.F., Xuan, Z., Rooks, M., Bhattacharjee, A., Brizuela, L., Albert, F.W., de la Rasilla, M., Fortea, J., Rosas, A., Lachmann, M., Hannon, G.J., Pääbo S. (2010) Targeted Investigation of the Neandertal Genome by Array-Based Sequence Capture. Science 238, 723-725.

Drucker D., Boujot H. (2004) Carbon and nitrogen stable isotopes as tracers of change in diet breadth during Middle and Upper Paleolithic in Europe. Osteoarchaeology, 14, № 3 – 4, 162 – 177.

Evans, P.D., Mekel-Bobrov, N., Vallender, E.J., Hudson, R.R., Lahn, B.T. (2006) Evidence that the adaptive allele of the brain size gene *microcephalin* introgressed into *Homo sapiens* from an archaic *Homo* lineage. Proc. Natl. Acad. Sci. US 103, 18178-18183.

Green, R.E., Krause, J., Ptak, S.E., Briggs, A.W., Ronan, M.T., Simons, J.F., Du, L., Egholm, M., Rothberg, J.M., Paunovic, M., Paabo, S. (2006) Analysis of one million base pairs of Neanderthal DNA. *Nature*, 444, 330-336.

Green, R.E., Malaspinas, A.S., Krause, J., Briggs, A.W., Johnson, P.L., Uhler, C., Meyer, M., Good, J.M., Maricic, T., Stenzel, U., Prüfer, K., Siebauer, M., Burbano, H.A., Ronan, M., Rothberg, J.M., Egholm, M., Rudan, P., Brajkovic, D., Kucan, Z., Gusic, I., Wikstrom, M., Laakkonen, L., Kelso, J., Slatkin, M., Paabo, S. et al. (2008) A complete Neandertal mitochondrial genome sequence determined by high-throughput sequencing. *Cell*, 134, 416-426.

Green, R.E., Krause, J., Briggs, A.W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Patterson, N., Li, H., Zhai, W., Fritz, M.H.-Y., Hansen, N.F., Durand, E.Y., Malaspinas, A.-S., Jensen, J.D., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Prüfer, K., Meyer, M., Burbano, H.A., Good, J.M., Schultz, R., Aximu-Petri, A., Butthof, A., Höber, B., Höffner, B., Siegemund, M., Weihmann, A., Nusbaum, C., Lander, E.S., Russ, C., Novod, N., Affourtit, J., Egholm, M., Verna, C., Rudan, P., Brajkovic, D., Kucan, Z., Gušić, I., Doronichev, V.B., Golovanova, L.V., Lalueza-Fox, C., de la Rasilla, M., Fortea, J., Rosas, A., Schmitz, R.W., Johnson, P.L.F., Eichler, E.E., Falush, D., Birney, E., Mullikin, J.C., Slatkin, M., Nielsen, R., Kelso, J., Lachmann, M., Reich, D., Pääbo, S. (2010) A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science* 328, 710-722.

Hublin, J.J. (2009) The origin of Neandertals. *Proc. Natl. Academy of Sciences US*, 106, 16022-16027.

Lalueza-Fox, C., Römpler, H., Caramelli, D., Stäubert, C., Catalano, G., Hughes, D., Rohland, N., Pilli, E., Longo, L., Condemi, S., de la Rasilla, M., Fortea, J., Rosas, A., Stoneking, M., Schöneberg, T., Bertranpetit, J., Hofreiter, M. (2007) A melanocortin 1 receptor allele suggests varying pigmentation among Neanderthals. *Science*, 318, 1453 - 1455.

Noonan, J.P., Coop, G., Kudaravalli, S., Smith, D., Krause, J., Alessi, J., Chen, F., Platt, D., Paabo, S., Pritchard, J.K., Rubin, E.M. (2006) Sequencing and analysis of Neandertal genomic DNA. *Science*, 314, 1113-1118.

Rhodes, J.A., Churchill, S.E. (2009) Throwing in the Middle and Upper Paleolithic: Inferences from an analysis of humeral retroversion. *J. Hum. Evol.*, 56, 1-10.

Richards, M.P., Trinkaus, E. (2009) Isotopic evidence for the diets of European Neanderthals and early modern humans. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*. 106, 16034-16039.

Richards, M.P., Hedges, R.E.M. (2000) Gough's Cave and Sun Hole human stable isotope values indicate a high animal protein diet in the British Paleolithic. *Archaeological Sci.*, 27, 1 - 3.

Rusk, N. (2009) Targeting ancient DNA. *Nature Methods* 6, 629.

Science (2006) Sequencing and Analysis of Neanderthal Genomic DNA, "Science", 17 ноября.

Solheim W.G. (1961) Archeology in Borneo. *Archaeology*, 14, № 1.

Stiller, M., Knapp, M., Stenzel, U., Hofreiter, M., Meyer, M. (2009) Direct multiplex sequencing (DMPS)--a novel method for targeted high-throughput sequencing of ancient and highly degraded DNA *Genome Res.*, 19, 1843 - 1848.

Studies in prehistory (1966) Robert Bruce Foote memorial volume (ed. by D. Sen and A. K. Ghosh). Calcutta.

Tillier A.M. (1983) Le crane d'enfant d'Engic 2: un exemple de distribution des caracteres juvenilis primitives et neandertaliens. *Bull. Soc. R belge Anthropol. Prehist*, 34, 51 - 70.

Weaver, T.D. 2009. The meaning of Neandertal skeletal morphology. *Proc. Natl. Acad. Sci. US*. 106, 16028-16033.

Berger, T., Trinkaus, E. 1995. Patterns of trauma among the Neandertals. *J. Archaeol. Sci.* 22, 841-852.

Вести с Симпозиума

Анатолий А. Клёсов

22-24 апреля 2010 года в Берлине, Германия, проходил большой Симпозиум под названием «Гапloidные маркеры ДНК в судебной генетике». Название, конечно, отражает пристрастия организаторов Симпозиума, возможно, источники финансирования, возможно, профессии главных организаторов. Так что имеем уже – по названиям – популяционную генетику, судебную генетику и ДНК-генеалогию. Каждая из всех трех подразумевает совершенно разные цели и задачи, хотя исходные объекты во многом пересекаются. Это – гаплотипы и гаплогруппы.

Похоже, есть одна нить, которая связывает почти все доклады и представленные сообщения, и, видимо, эта нить и послужила основным критерием отбора материалов для Симпозиума. Это – использование 17-маркерных гаплотипов Yfiler. Не удивлюсь, если сам Симпозиум финансировался компанией, производящей наборы для тестирования на 17-маркерные гаплотипы. Похоже, что «судебная генетика» нынче и есть использование 17-маркерных гаплотипов в формате Yfiler. И наоборот.

Доклады почти не касались судебных дел и процедур, за исключением нескольких сообщений. Во всяком случае, не на них был фокус Симпозиума. Вряд ли, например, изучение генного полиморфизма южноамериканских приматов (стр. 64) относится к судебной медицине. В Симпозиуме приняли участие 230 человек из 34 стран, прочитано 52 доклада и представлено 43 стендовых сообщений. Пока опубликованы только аннотации (абстракты) докладов и постеров, которые содержат не так много конкретных данных. Но некоторые данные есть, которые стоит здесь привести. Это – тоже экспериментальный материал, на который можно ссылаться при необходимости и желании. Эта наука находится в начале своего развития, и каждая цифра ценна, поскольку эти цифры или согласуются с появляющейся общей картиной, или ей противоречат, или, наконец, добавляют новые данные. Кое-где я буду давать комментарии.

Я не буду переписывать названия докладов и фамилии авторов. Желающие могут найти их по следующему линку:

http://www.yhrd.org/files/7th_y_user_workshop_programme_abstracts.pdf

Надо сказать, что большинство аннотаций, и, похоже, самих докладов не вносят ничего нового в рамках понятий ДНК-генеалогии. Это – опять типичные подходы популяционной генетики. Приводятся списки маркеров, которые применялись в работе, а самих количественных выводов нет. Приводятся некие «разнообразия» (diversity), которые для одной популяции равны, например, 0.9943 ± 0.0018 (в данном случае штат Alagoas в северо-восточной Бразилии, по 11-маркерным гаплотипам), а если добавить еще три маркера, то «разнообразие» станет 0.9993 ± 0.0005 . Это, конечно, не уму, ни сердцу, поскольку популяции не были разделены на генеалогические ветви, но таковы уж подходы «популяционной генетики». Еще сообщается, что это «разнообразие» было получено на 247 мужчинах, причем первое «разнообразие», для 11-маркерных гаплотипов, выявило 187 «линий» (то есть, как можно понимать, остальные 60 гаплотипов были в разных дублях, триплетах и прочих), а когда добавили еще те три маркера (DYS447, 458 и 464), то уже 230 гаплотипов из 247 были разными, только 17 были в дублетах и прочих. Было сообщено, что эти маркеры дают «мощное средство дискриминации между мужскими линиями».

Вопрос – зачем я эту пустую «информацию» даю? А чтобы показать, насколько ДНК-генеалогия по сути отличается от такой «популяционной генетики», и показать, как НЕ НАДО работать. Или как НЕ НАДО описывать полученные данные. К сожалению, таких работ на Симпозиуме было большинство.

Далее, приведенные ниже выдержки почти не включают, как правило, представленные данные по мтДНК. Как вполне справедливо выразился один участник Симпозиума (стр. 59), «снипы мтДНК менее информативны, чем снипы ядерной ДНК, или гаплотипы ядерной ДНК». В общем, так это и есть, и очевидно при рассмотрении материалов Симпозиума.

Стр. 14 - Интересные данные приведены в литовской работе. Радует, что в Вильнюсском университете ведутся такие исследования, совместно с Институтом судебной медицины в Вильнюсе. У 194 литовца из разных мест страны определили 17-маркерные гаплотипы (Yfiler), но не типировали на гаплогруппы; последние определяли по предиктору Whit Athey. Нашли 13 гаплогрупп, самые распространенные R1a1 - 46.4% и N1c - 30.4%. Остальные были на уровне 6.2-0.5%, в том числе и R1b (от 4% до 11% по разным регионам Литвы). Гаплогруппы J1 не выявлено.

Мой комментарий: на сайте www.genofond.ru приведены данные тестирования 406 латышей, из которых 41% оказались N1c, 39% R1a1, и далее идет резкий сброс (естественно, поскольку имеем уже 80% популяции) до 9% R1b, 5% I1a, и по 1% I1b и E3b. Литовцы по этим данным

(234 человека) оказались 45% R1a1 (что близко к 46.4% в цитируемой работе), 37% N1c (несколько выше, чем 30.4% в цитируемой работе), по нулям для J2 и N2, по остальным гаплогруппам не тестировали или не сообщали.

Стр. 15 – о популяции Бангладеш. Отмечается, что в Пакистане четыре основные этнические группы – Бенгали (98% от всех), дравиды, австралоиды и монголы. Определили 211 17-маркерных гаплотипа, из которых 206 были «уникальны».

Мой комментарий: Опять, к сожалению, «популяционная генетика». Все, что можно сказать, что общий предок вполне древний, но об этом можно было и так догадаться. Если пять «неуникальных» гаплотипов одинаковы (что, конечно, далеко не обязательно, и могут быть два и три разных базовых гаплотипа), и если они и есть базовые, то общий предок жил как минимум $[\ln(211/5)]/0.034 = 110 \rightarrow 123$ поколений назад, то есть 3075 лет назад. Но скорее это $[\ln(211)/3]/0.034 = 125 \rightarrow 143 = 3575$ лет назад или $[\ln(211/2)]/0.034 = 137 \rightarrow 159 = 3975$ лет назад или еще раньше. И то, если бы гаплогруппа для всех была одной и той же, что вряд ли. Поскольку авторы не дали сведений по гаплогруппам, то никакой ценности это сообщение для нас, увы, не представляет.

Стр. 22 – совместная работа итальянцев и Российской Академии образования (Андрей Козлов и Галина Вершубская). Определяли 16-маркерные гаплотипы у 636 мужчин в 24 районах России, Белоруссии, Азербайджана и Грузии. У удмуртов, северных коми, тальшей, якутов и башкиров нашли «пониженное разнообразие», с «модальными гаплотипами» от 17.6 до 57% в популяциях. Это были гаплогруппы R1a, R1(xR1a) и N1c.

Мой комментарий: С якутами понятно – у них в популяции из 172 человек было 74 базовых 9-маркерных гаплотипа (Адамов, 2008, см. ниже, и ссылки там же), то есть 43%. Это дает $(\ln(172/74))/0.017 = 50$ поколений \rightarrow 53 поколения (с поправкой) \rightarrow 1325 лет до общего предка. По мутациям оказалось 1550 ± 200 лет до общего предка, что в пределах погрешности расчетов (Адамов, 2008). Для 16-маркерных гаплотипов 17.6% базовых гаплотипов в популяции дают $54 \rightarrow 57$ поколений = 1425 лет до общего предка (видимо, те же якуты), и 57% дают 18 поколений, то есть 450 лет до общего предка. Иначе говоря, у удмуртов, северных коми, тальшей, якутов и башкиров популяции относительно недавно прошли бутылочные горлышки. У башкиров, видимо, R1b, которые авторы даже не типировали. Но известно, что у них гаплотипы недавние, то есть общий предок жил всего столетия назад. Хотя сами гаплотипы так и не опубликованы.

Адамов, Д.С. (2008) Расчет возраста популяции якутов, принадлежащих к гаплогруппе N1c. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии, 1, 646-655.

Стр. 27 – совместная испано-португальская работа, на **X-хромосоме** определяли 10-маркерные гаплотипы у 112 троек – отец-дочь-внук. На 1950 трансмиссиях нашли две одноступенчатых мутации, то есть средняя скорость мутаций была 0.00103 мутаций на гаплотип на поколение, или 0.000103 мутаций на маркер на поколение.

Мой комментарий: Это примерно в 20 раз медленнее, чем в среднем на обычных маркерах Y-хромосомы.

Стр. 29 – работа с 25 авторами, из которых легко узнаются Gusmao (Португалия), Tofanelli (Италия) и Capelli (Англия), обсуждает миграции R1b1b2-M269, не приводя, впрочем, данных. Авторы отмечают, что недавно в литературе обсуждалось появление этой гаплогруппы в Европе за счет миграции из Анатолии. Авторы сообщают, что они рассмотрели датировки общих предков ряда субкладов M269, и пришли к выводу, что миграции были неолитическими, и они не могут быть объяснены только путями из Анатолии.

Мой комментарий: Этот вывод, хотя и обтекаемо-глухой, перекликается тем не менее с первыми двумя статьями в этом номере Вестника. Уже хорошо, что авторы говорят о неолите, а не палеолите, что согласуется с прибытием носителей гаплогруппы R1b1b2 в Европу около 4500 лет назад. Хотя это уже скорее переход в ранний бронзовый век. Тоже хорошо, что авторы возражают, что Анатолия якобы была единственным местом для миграции R1b1b2 в Европу. Это, конечно, был один из путей. Помимо него были и пути через Северную Африку и Гибралтар на Пиренеи и далее на континент (культура колоколовидных кубков), и пути с Русской равнины и через Балканы, и через территорию современной Польши, и, видимо, по прибалтийскому пути через территорию современной Германии до Скандинавии.

Стр. 31 – сообщается, что средние частоты гаплогрупп А и В в Африке составляют 14-34%.

Стр. 35 – определяли гаплогруппы аборигенов Аргентины, составляющих ~1% населения страны. Из тестированных 401 человек >85% имели гаплогруппу Q3a1a. >95% имели мтДНК гаплогруппы А2, В2, С1 и D1.

Стр. 41 – 104 мужчины из восточной Ливии были тестированы по 17-маркерным гаплотипам (Yfiler). Из них 4 гаплотипа были идентичными, и 100 «уникальными». Рассчитано, что «дискриминационная мощность» (discriminating power) 17-маркерных гаплотипов равна 0.9984.

Мой комментарий: Если все 104 мужчины были бы действительно от одного общего предка, что неизвестно (и вряд ли), поскольку гаплогруппы, судя по сообщению, не определялись, то $\ln(104/4)/0.034 = 96 \rightarrow 107$ поколений (с поправкой на возвратные мутации), то есть 2675 лет до общего предка. Этот расчет не имеет в данном случае никакой ценности, и просто служит примером, что четыре базовых 17-маркерных гаплотипа из сотни при наличии общего предка помещает общего предка примерно на 2600 лет назад.

Стр. 47 –Tofanelli et al сообщают, что по их мнению гаплогруппа Q* образовалась в Центральной Азии 15-22 тысяч лет назад, в настоящее время она разбросана с малыми частотами по евразийскому континенту, а также в Северной Африке и Полинезии, с наиболее высокими частотами среди автохтонных популяций Сибири и Америки. Авторы изучали состояние этой гаплогруппы среди южно-американских индейцев (племя Whicî, 127 человек) и смешанных креольских популяций (105 человек), и установили, что среди американских индейцев доля гаплогруппы Q1a3a-M3 составляет 0.866% (видимо, 86.6% - АК), и среди креолов 0.331% (видимо, 33.1% - АК). Субклада Q* или других субкладов Q1a3a не было найдено.

Мой комментарий: 15-22 тысячи лет назад – крайне маловероятно для гаплогруппы Q* в Евразии. В этот период времени носители гаплогруппы Q, а именно субклада M3 (Q1a3a) уже прибыли в Америку, а им еще понадобились многие тысячелетия на переход из Сибири. Исходя из скорости миграции в 1 км в год, принятой в генетике древних популяций, им могло понадобиться не менее 15-20 тысяч лет на эту миграцию, что помещает гаплогруппу Q* в Сибири на уровень 35-40 тысяч лет назад. Это в целом согласуется с предполагаемыми временами расхождения гаплогруппы R на Q и R.

Стр. 50 –Roewer et al сообщают результаты тестирования 77 мужчин из Эквадора, причем тестирование велось по трем мультиплексам на определенную группу снипов, нисходящих иерархически. Первый мультиплекс включал «вводную» серию из 12 гаплогрупп (снипы M42-VT, M145-DE, M174-D, P170-E, M213-F, M9-K, M45-P, M242-Q, M3-Q1a3a, M207-R, M168, и RPS4Y711). Вторым мультиплексом «работал» по субкладам Q (M19, M194, P292, M3, M199). Третий – по субкладам гаплогруппы C3-M217. Доминирующей гаплогруппой в выборке была Q-M3.

Стр. 60 – анализировали 11-маркерные гаплотипы «автохтонных басков», сопоставляя их с наиболее частыми европейскими гаплогруппами (в формате FTDNA + DYS438) – западноевропейской из Атлантического региона

13 24 14 11 11 14 X X 12 13 13 29 – 12

(«Атлантический модальный гаплотип»),

североевропейской

13 25 16 10 11 14 X X 11 13 11 29 – 11

и восточноевропейской

- 23 14 - - - - X X - 12 - 28 - -

(приведены только четыре аллели – DYS390, 19, 389-1 и 389-2). Было показано, что автохтонные баски и прочие жители Страны Басков более всего похожи по гаплотипам на первый («Атлантический модальный»), составляя в этом 69% и 53%, соответственно, и не имеют гаплотипов из второй и третьей серии. В отличие от этого гаплотипы из Германии отчасти походят на вторую и третью группу (10.6% и 13.6% соответственно), но больше всего – на первую (30.3%).

Мой комментарий: Сообщение выше, несомненно, принадлежит руке совершенно начинающего автора. Фактически оно говорит, что автохтонные баски и прочие жители Страны Басков имеют гаплогруппу R1b и практически не имеют I1 (которую автор почему-то назвал «восточноевропейской») и R1a1 (которую автор почему-то назвал «североевропейской»), а Германия имеет все три гаплогруппы, причем тестирование велось в основном в западной части Германии, судя по виду гаплотипов. Это все широко известные факты.

Стр. 62 – представлены данные по составу гаплогрупп в Бельгии, а именно в Duchy of Brabant в регионе «нижних стран», в состав которого входят три бельгийских провинции и голландская провинция Северный Брабант. Тестировали 477 мужчин, и нашли, что они относятся к восьми гаплогруппам, причем 70% их относятся к четырем субкладам – U106, P312*, U152 (все три субклады R1b1b2), и I1* (M253). В северных районах частота гаплогруппы R1b1b2 была выше, чем в южных.

Стр. 67 – 37 мужчин из Гвинея-Биссау были тестированы на Y- и мтДНК, которые показали типичный западно-африканский профиль популяции. Наиболее частой гаплогруппой (68%) была E1b1a-M2, второй (19%) E1a-M33. Остальные 13% составляли гаплогруппы A и R1b1. Наиболее частой гаплогруппой мтДНК была L2a1 (13%), за которой следовали L1b1 (11%), L3d (10%), L3e4 (9%), L1c1 (8%), L2c (8%), L3b (8%).

Стр. 74 – 1338 итальянцев из 15 регионов Италии были тестированы на все основные гаплогруппы, и доминирующей оказалась R1b.

Стр. 75 – 915 мужчин были тестированы в парах отец-сын по 17-маркерным гаплотипам, и были обнаружены 24 мутации (23 одношаговых и одна двухшаговая). В трех случаях были выявлены сразу две мутации в одном поколении, между отцом и сыном. Больше всего мутаций было выявлено в DYS19. Средняя скорость мутации составила 0.002955 с 95%-ным доверительным интервалом между 0.0018 и 0.0046. Средний возраст отца не влиял на количество мутаций, и составил 33.22 года при наличии мутаций, и 35.67 без мутаций.

Стр. 82 – группа российских генетиков (Малярчук, Деренко) совместно с польскими упоминают субклад R1a1a1-M458, относя его к периоду 6400-8200 лет назад. Опять приходится помянуть популяционных генетиков, которые не только не умеют правильно рассчитывать времена до общих предков, но и не интересуются литературой дальше своего ограниченного ареала. Читали бы Вестник – не писали бы таких совершенно ненаучных вещей. Плохо, когда «профессионалы» не имеют понятия о том, что делается вокруг. А вокруг только ленивый не высмеивал «скорость Животовского», на которой они базируют свои положения. Включая и обсуждения на международных сетевых форумах. На самом деле – это середина первого тысячелетия до нашей эры.

Стр. 93 – немецкие исследователи описали суть проекта по изучению сорбов, также известных как венды, проживающих в Восточной Германии, в Верхней и Нижней Лузатии, вблизи Польши и Чехии. Описывается, что в конце их миграционного периода (600-650 года н.э.) два племени осели в Лузитании, лужичи и мильсени, и между 7 и 9 веками их стали называть сорбами. Сейчас они в основном католики, говорят на сорбском языке, и живут в восточной Саксонии в количестве 15 тысяч человек. В работе сообщается, что тестировали 124 сорба. Гаплотипы и гаплогруппы не приведены.

Стр. 94 – изучали мтДНК 138 португальских цыган. «Разнообразие» гаплотипов было очень низким, и из 138 гаплотипов только 31 были

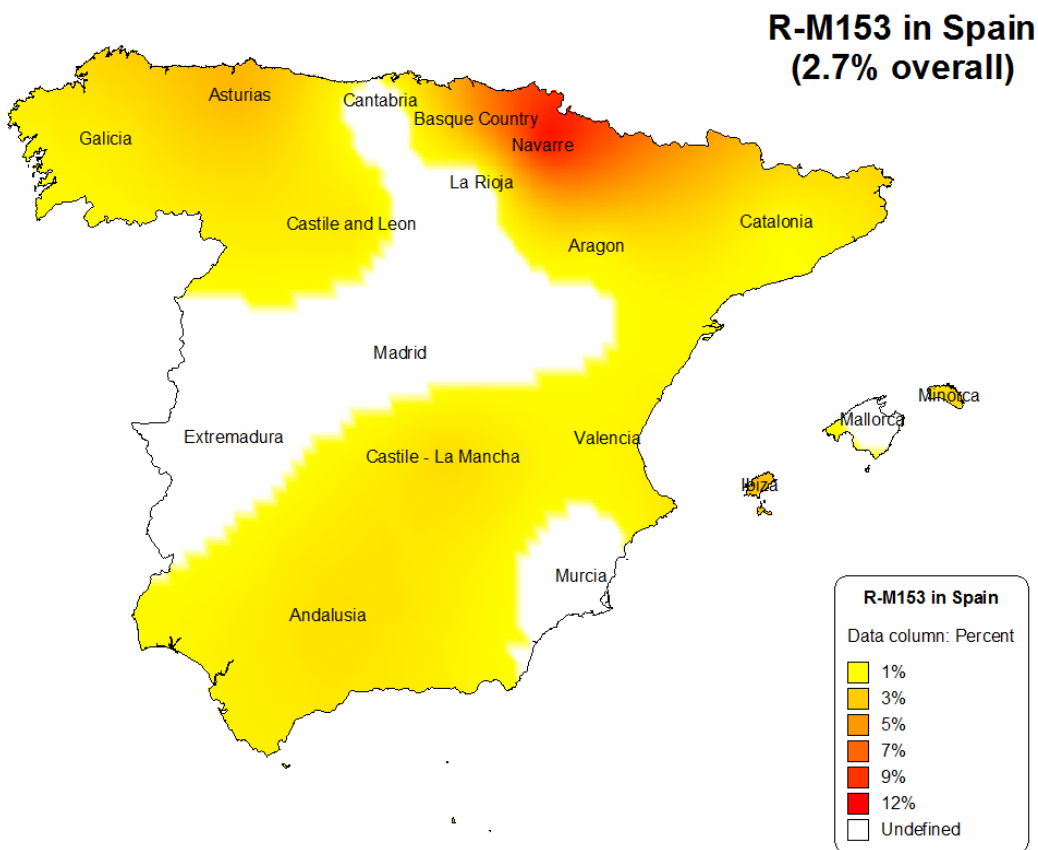
различными, в сравнении с 112 различных гаплотипов из 118 «обычных» португальцев. 74.6% цыган имели гаплогруппы U3, J1b3, J1c1, M5. Эти гаплогруппы встречались только у 4.8% «обычных» португальцев. M5 – это типично индийская мтДНК гаплогруппа.

Мой комментарий: Эти данные дают возможность приблизительно оценить среднюю скорость мутации мтДНК. Если считать, что все 138 португальских цыган относятся к одной гаплогруппе (а на это указывает и низкое «разнообразие», и данные по Y-ДНК гаплогруппам цыган), то время до их общего предка равно примерно 750 лет (оно обычно варьируется между 500 и 1000 лет по разным странам), то есть 30 поколений (принимая поколение за 25 лет), то $[\ln(138/107)]/x = 30$, где x – средняя скорость мутаций в мтДНК, и равна 0.0085 мутаций на гаплотип на поколение. Эта величина может быть принята за условную калибровку до ее проверки по другим моделям. Интересно применить ее для «обычных» португальцев: $[\ln(118/6)]/0.0085 = 350$ поколений, или примерно 8800 лет до общего предка, без учета степени обратных мутаций. Это, конечно, совершенно условная величина, потому что мы не знаем, какие гаплогруппы имелись у тестированных португальцев, но шесть одинаковых гаплотипов явно принадлежали к одной гаплогруппе. Поэтому их следует отнести к числу гаплотипов той же гаплогруппы, и задача становится неопределенной. Она имеет решение только если все 118 гаплотипов относятся к той же гаплогруппе, и тогда общий предок жил во время, показанное выше.

Субклад R1b1b2-M153 на Пиренейском полуострове и среди басков

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

Коллега по международному форуму по ДНК-генеалогии Robert Tarin обратил моё внимание на тот факт, что среди 750 гаплотипов группы R1b1 на Пиренейском полуострове, опубликованных в работе (Adams et al., 2008), имеются 37 гаплотипов, типированных как субклад M153 гаплогруппы R1b1b2. Поскольку это субклад нисходящий от гаплогруппы R1b1b2-P312, он должен иметь более недавнего общего предка всего субклада, и это, возможно, повысит «возраст» остальной популяции R1b1b2 на Пиренеях (в основном P312), включающей и басков. Это Роберт, естественно, не предполагал и обсуждал, он просто отметил наличие этого субклада в опубликованной работе, и построил карту распределения субклада, которую любезно предоставил:



Карта распределения субклада R1b1b2-M153, представленная Robert Tarin

Как видно, наибольшая плотность субклада M153 наблюдается в Стране Басков. Там – 15 гаплотипов из 37. В остальных регионах – по одному-двум гаплотипам (Арагон, Каталония, Кастилла-де-Манча, Галиция, Валенсия, западная Андалузия, Ибица, Майнорка, северо-восточная Кастилия, северо-западная Кастилия, северная Португалия, или максимум трем-четырем (Восточная Андалузия, Гаскония), или вообще нет (Экстремадура, Майорка, южная Португалия). Как будет сейчас показано, все эти гаплотипы расходятся от одного общего предка, который жил 2325 ± 340 лет назад и, судя по распределению гаплотипов, жил именно в Стране Басков.

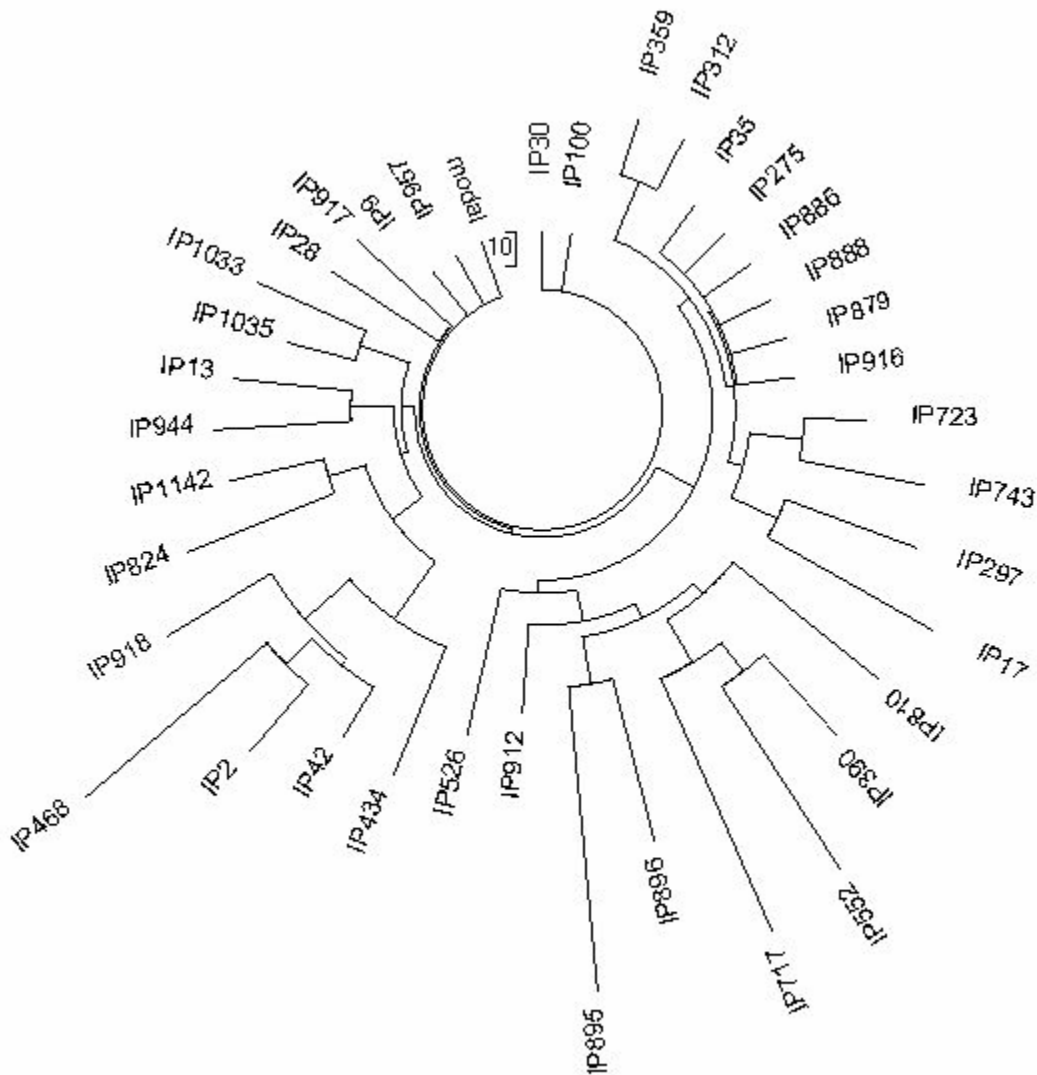


Рис. 1. Дерево из 37 19-маркерных гаплотипов субклада R1b1b2-M153 на Пиренеях. Построено по данным (Adams et al., 2008).

Дерево гаплотипов субклада M153 на рис. 1 имеет четыре базовых гаплотипа (на самой вершине дерева), которые в формате первой панели FTDNA можно записать так (во второй панели здесь порядок следующий - DYS 437, 460, 438, 461, 462, 436, 434, 435):

13 24 14 11 11 14 X 12 12 13 13 29 -- **14 10** 12 12 11 12 9 11

Здесь выделены аллели, которые отличаются от базового гаплотипа всех 750 гаплотипов R1b1b2 Пиренейского полуострова, в основном принадлежащих субкладу P312 (Klyosov, 2009a,b):

13 24 14 11 11 14 X 12 12 13 13 29 -- 15 11 12 12 11 12 9 11

(аллель предпоследнего маркера, DYS434, понижена на две единицы по сравнению с данными Adams et al, чтобы привести ее к стандарту FTDNA и NIST)

<http://www.cstl.nist.gov/strbase/index.htm>

http://www.cstl.nist.gov/strbase/str_y434.htm

Если все гаплотипы происходят от одного общего предка, то возраст его составит $[\ln(37/4)]/0.0285 = 78$ поколений без поправки на возвратные мутации, или 85 поколений с поправкой, то есть примерно 2125 лет. Здесь 0.0285 мутаций на гаплотип на поколение – это средняя скорость мутаций, рассчитанная для 19-маркерных гаплотипов, использованных в статье (Adams et al, 2008), и опубликованная в работе (Klyosov, 2009a). Все 37 гаплотипов содержали 90 мутаций, что дает $90/37/0.0285 = 85$ поколений без поправки на возвратные мутации, или 93 поколения с поправкой, то есть 2325 ± 340 лет до общего предка 37 человек, гаплотипы которых приведены в статье. Как правило, такая статистика вполне достаточна при неупорядоченном отборе тестируемых, и соответствующий доверительный интервал показан выше. Более того, «возраст» общего предка, рассчитанный логарифмическим методом и по мутациям (линейным методом) различается всего на 9%, что подтверждает достаточную корректность выборки, и что действительно все представители данного субклада имеют одного общего предка.

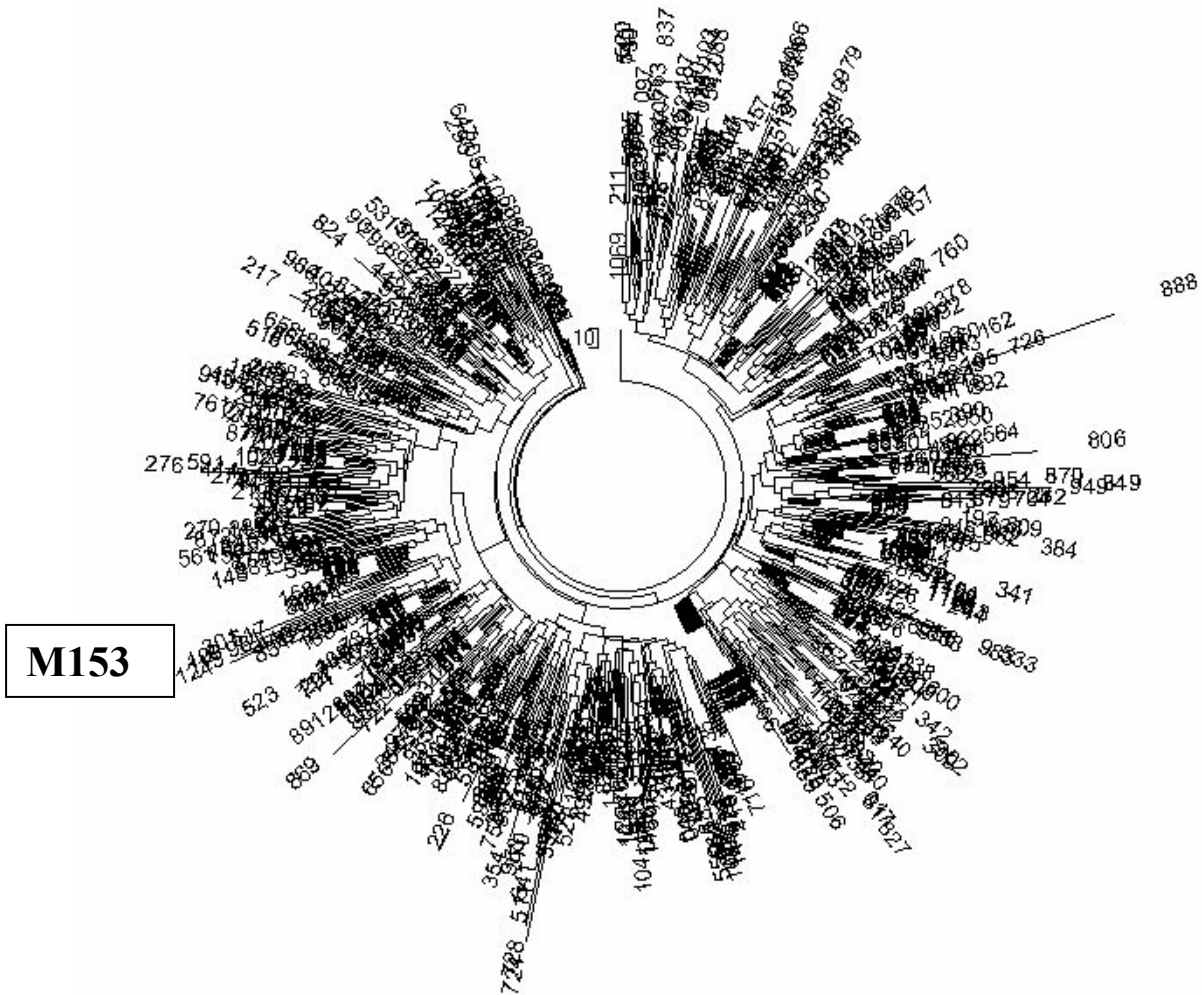


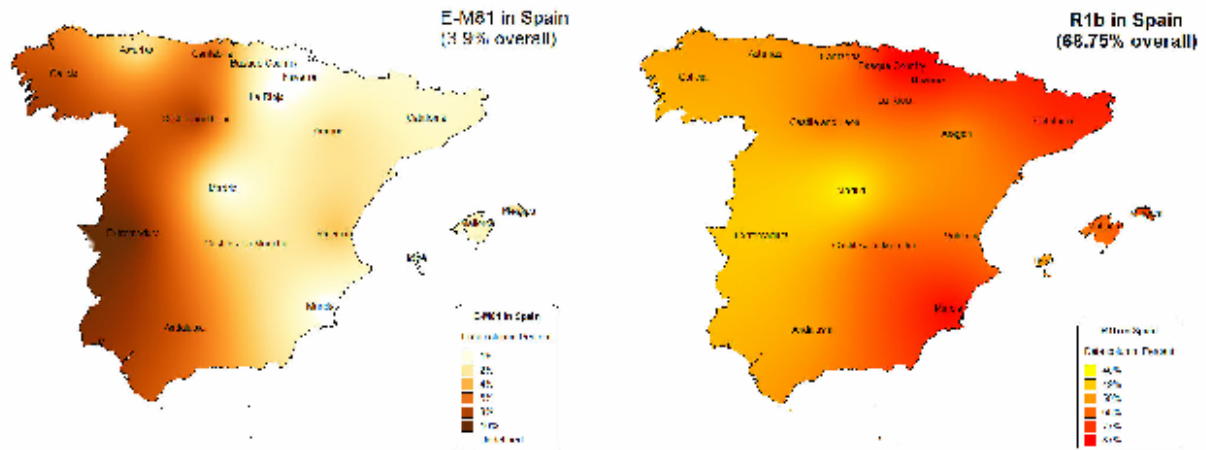
Рис. 2. Дерево из 750 19-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1b2 (с подгруппами) на Пиренейском полуострове. Построено по данным (Adams et al., 2008). Показана ветвь R1b1b2-M153. Выпадающий гаплотип 888 имеет строение 13-25-16-10-11-15-X-12-11-14-11-30, то есть напоминает гаплотип группы R1a1, но типирован как R1b1b2*, базовый гаплотип которых обычно 13-24-14-11-11-14-X-12-12-13-13-29, то есть отличается на 9 мутаций на 11 маркерах, что помещает их общего предка на 10 тысяч лет назад. Альтернативные объяснение – просто ошибка в типировании гаплогруппы.

Итак, действительно, «возраст» общего предка M153, 2325 ± 340 лет, заметно «моложе» «возраста» общего предка, рассчитанного ранее для 750 гаплотипов Иберии, 3625 ± 370 лет. Можно показать, что M153 является прямым потомком R312, как, собственно, и вытекает из филогении

гаплогруппы R1b1b2. Это делается следующим образом. Во-первых, удалим все 37 гаплотипов субклада M153 из общего списка в 750 гаплотипов сводной гаплогруппы R1b1b2 в Иберии. Оставшиеся 713 гаплотипов имеют 2648 мутаций (вместо прежних 2796 мутаций в 750 гаплотипах). Это дает 3725 ± 380 лет до общего предка для R1b1b2(xM153) в Иберии. Как видно, изменение незначительное, от прежних 3625 ± 370 лет, фактически все в пределах погрешности расчетов. Базовый гаплотип в Иберии остался тем же. Во-вторых, определим разницу в мутациях между двумя базовыми гаплотипами – P312 и M153 (см. выше). С округленными аллелями она составляет две мутации. На самом деле там $(14.728 - 14.030 =) 0.70$, плюс $(10.68 - 10.19 =) 0.49$, в сумме 1.19 мутаций. Это соответствует временной (мутационной) дистанции между ними в 1100 (которые нужны для аккумуляции 1.19 мутаций между базовыми гаплотипами), и общий предок обоих базовых гаплотипов жил $(1100 + 3725 + 2325) / 2 = 3575$ лет назад. Это фактически и есть те самые 3725 ± 380 лет назад, что и есть общий предок субклада 3312 на Пиренеях.

Тем не менее, я продолжаю считать, что возраст общего предка субклада P312 на Пиренеях должен быть не менее 4500-4800 лет, чтобы объяснить наличие его нисходящего субклада L21 во Франции с возрастом примерно 4200 лет. Сценарий, видимо, был такой – носители гаплогруппы R1b1b2-P312 прибыли на Пиренеи с Северной Африки примерно 4800 лет назад, продвинулись на юг будущей Франции в ходе миграции, которая потом получила название «культуры колоколовидных кубков» и датируется 4800-3900 лет назад, оставили на юге Франции общего предка субклада L21 4200 лет назад, и далее распространились по Европе. После этого субклад P312 на Пиренеях прошел бутылочное горлышко популяции, потеряв тысячу лет своей истории, и оставив общего предка примерно 3725 лет назад, от которого 2325 лет назад отпочковался субклад M153.

Такова в основных чертах картина заселения Европы субкладом R1b1b2-P312 и его нисходящими субкладами в 3-м тысячелетии до нашей эры. Но есть еще интересный аспект этой истории, и к нему привлек моё внимание все тот же Robert Tarin. Он прислал мне еще одну карту, на которую были нанесены распределения гаплогрупп R1b1b2-P312 и E1b1b1b-M81 на Пиренеях.



Карта распределения гаплогрупп E1b1b1b-M81 и R1b1 на Пиренеях, построенная и представленная Robert Tarin

Подобную карту я давно ждал. Дело в том, что еще год назад я рассчитал время появления гаплогруппы E1b1b1b на Пиренеях, которое составило примерно 4825 лет назад (Клёсов, 2009). То есть такое же, какое и предполагаемое время появления там гаплогруппы R1b1b2-P312. Иначе говоря, оба рода – R1b и E1b – предположительно занимали Пиренеи примерно в одно и то же историческое время. Судя по зеркальному расположению обеих гаплогрупп на карте, сохранившимся и до настоящего времени, эта оккупация Пиреней была отнюдь не мирной между R1b и E1b. Должен отметить, что в частной беседе со мной историк и лингвист И. Бызов сообщил, что у него имеются данные (или соображения), что между этими двумя гаплогруппами шла война на истребление. Данных таких я пока не видел, но увидеть их было бы крайне интересно.

Литература

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

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

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

Susan M. Adams, Elena Bosch, Patricia L. Balaresque, Stéphane J. Ballereau, Andrew C. Lee, Eduardo Arroyo, Ana M. López-Parra, Mercedes Aler, Marina S. Gisbert Grifo, Maria Brion, Angel Carracedo, João Lavinha, Begoña Martínez-Jarreta, Lluís Quintana-Murci, Antònia Picornell, Misericordia Ramon, Karl Skorecki, Doron M. Behar, Francesc Calafell and Mark A. Jobling (2008) The Genetic Legacy of Religious Diversity and Intolerance: Paternal Lineages of Christians, Jews, and Muslims in the Iberian Peninsula. *The American Journal of Human Genetics*, 83, No. 6, 725-736.

ARTICLES IN ENGLISH

DNA-lineages and origin of the “Tenths”, the North-Western European subfamily R1a1 with DYS388=10

Anatole A. Klyosov

**Newton, Massachusetts 02459, aklyosov@comcast.net
<http://aklyosov.home.comcast.net>**

About 20% of both English and Irish haplotypes have a mutated allele in eighth position in the FTDNA format (DYS388=12→10). This DYS388=10 mutation is observed in northern and western Europe, mainly in England, Ireland, Norway, and to a much lesser degree in Sweden, Denmark, Netherlands and Germany. In areas further east and south that mutation is practically absent.

Introduction - Preliminary data (61 of 25 marker haplotypes)

Earlier (Klyosov, 2009) we have collected 61 of R1a1 25-marker haplotypes with DYS388=10 in YSearch database, and the tree, reproduced from that publication, is presented in Fig. 1. In this publication we consider as many as 131 of 37-marker haplotypes and 60 of 67-marker haplotypes from this subfamily, aiming at (1) comparing the results obtained earlier with 1525 alleles total (25 marker haplotypes), with 4847 alleles (37 marker haplotypes) and 4020 alleles (67 marker haplotypes) considered in this work; in other words, we address a question of reliability of data obtained with significantly smaller haplotype dataset, in terms of the base (ancestral) haplotype for the dataset, a number of DNA-lineages (branches) identified in the study, and timespans to their common ancestors, (2) refining the data, and (3) revealing the origin of the Tenths (DYS388=10) as much as possible in the available R1a1 landscape.

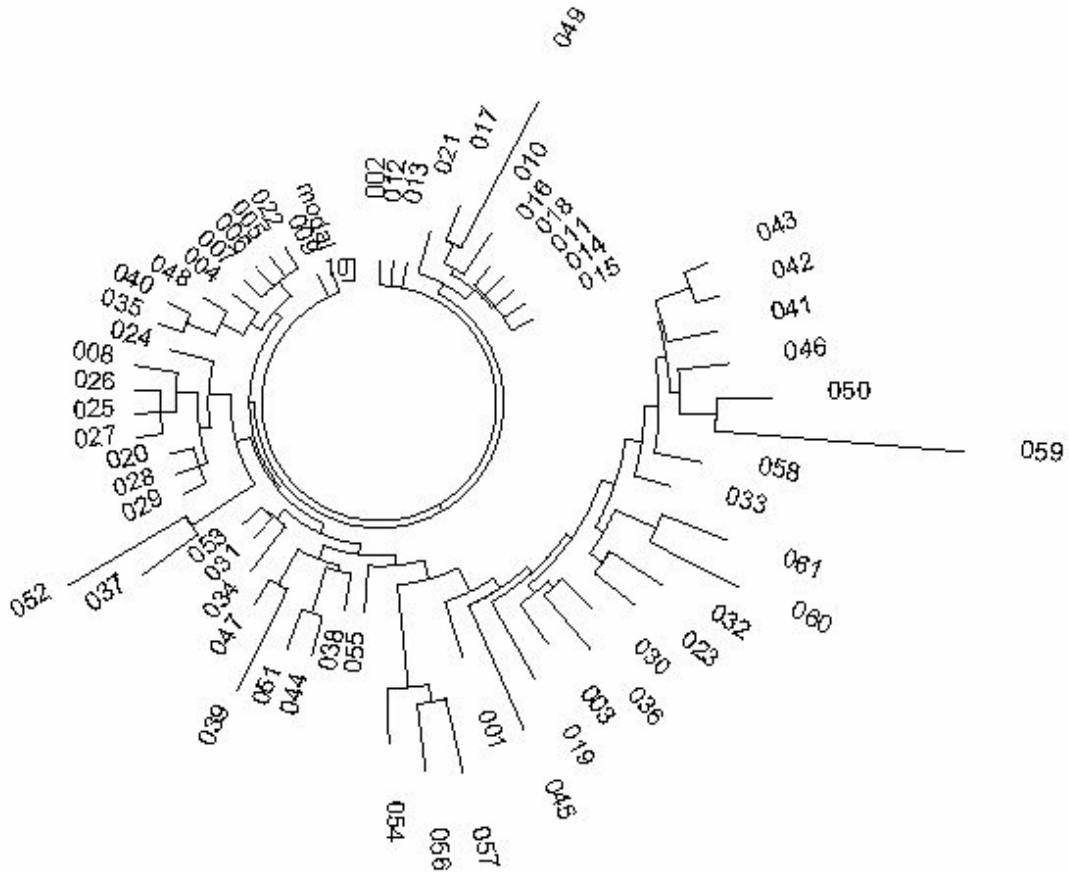


Figure 1. The 25-marker haplotype tree for 61 North West-European haplotypes with DYS388 = 10. The haplotypes were collected from YSearch database. From (Klyosov, 2009)

As one can see in Fig. 1, the 25-marker tree splits into two main branches - a relatively younger 31-haplotype branch on the left, with a base haplotype

13 25 **15** 10 11 14 12 10 10 13 11 30 - 15 9 10 11 11 **25** 14 19 32 12 14 **14 17**

which corresponds to 1625 ± 240 years to the common ancestor, and the older 30-haplotype branch on the lower right-hand side, with a base haplotype

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

which gives 3575 ± 450 years to the common ancestor, judging from a number of mutations in the branch off the base haplotype. Mutated alleles are shown in bold.

One, more recent common ancestor of the left-hand side branch lived around the 4th century AD. The older one lived in the middle of the 2nd millennium BC, just in the times when the Aryans (haplogroup R1a1) were moving to India. Obviously, that common ancestor of the future DYS388=10 family was not among the Aryans, since the R1a1 “Indo-European” Indians do not have such a mutation. Apparently, that common ancestor had resided in the Western part of the R1a1 areal those times.

These two DYS388=10 base haplotypes differ from each other by less than four mutations, if to count between the averaged alleles along the whole dataset. This brings their common ancestor to about 3500 ybp. It is very likely that it is the same common ancestor as that of the right-hand branch in Fig. 1. In other words, the left-hand side branch descended from the right-hand side one.

The upper, “older” base haplotype differs by six mutations on average from DYS388=12 base haplotypes from the same area (English and Irish branches of R1a1 family, see [Klyosov, 2009]). This brings their common ancestor in R1a1 haplogroup to about 5,700±600 ybp.

Data from YSearch database (2009), 27 of 67 marker haplotypes

The next step in the DYS388=10 consideration was done in (Rozhanskii and Klyosov, 2009). 27 of 67-marker, 62 of 37-marker, and 99 of 25-marker haplotypes were considered.

The 25 marker haplotype tree is shown in Fig. 2. One can see that the tree is similar in kind with that in Fig. 1, however, contains 99 haplotypes, not 61. There are two principal branches on the tree, a younger one on the left, and older on the right. The older 34-haplotype branch consists of three sub-branches, which might be real sub-branches, or, taking into account not a great statistics here, it might be just an illusion, an apparent “separation” of one large branch. If to consider it as a whole, its base haplotype is as follows (on the first 25 markers):

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

It is almost exactly the same at the base haplotype in the preceding section (Klyosov, 2009), except one allele (15, in bold) which was 14 in the base haplotype above. One mutational difference in 25 marker formally corresponds to only about 275 years to their common ancestor, if the mutation is real. This unit can easily be fractional, if to consider average values of alleles, not rounded up, as in the base haplotypes shown above. At any rate, it is an insignificant difference. All 34 haplotypes in the “old” branch have 164 mutations from the

base haplotype, which brings its common ancestor to 2925 ± 370 years bp. It is within the margin of error with 3575 ± 450 ybp, determined earlier (Klyosov, 2009).

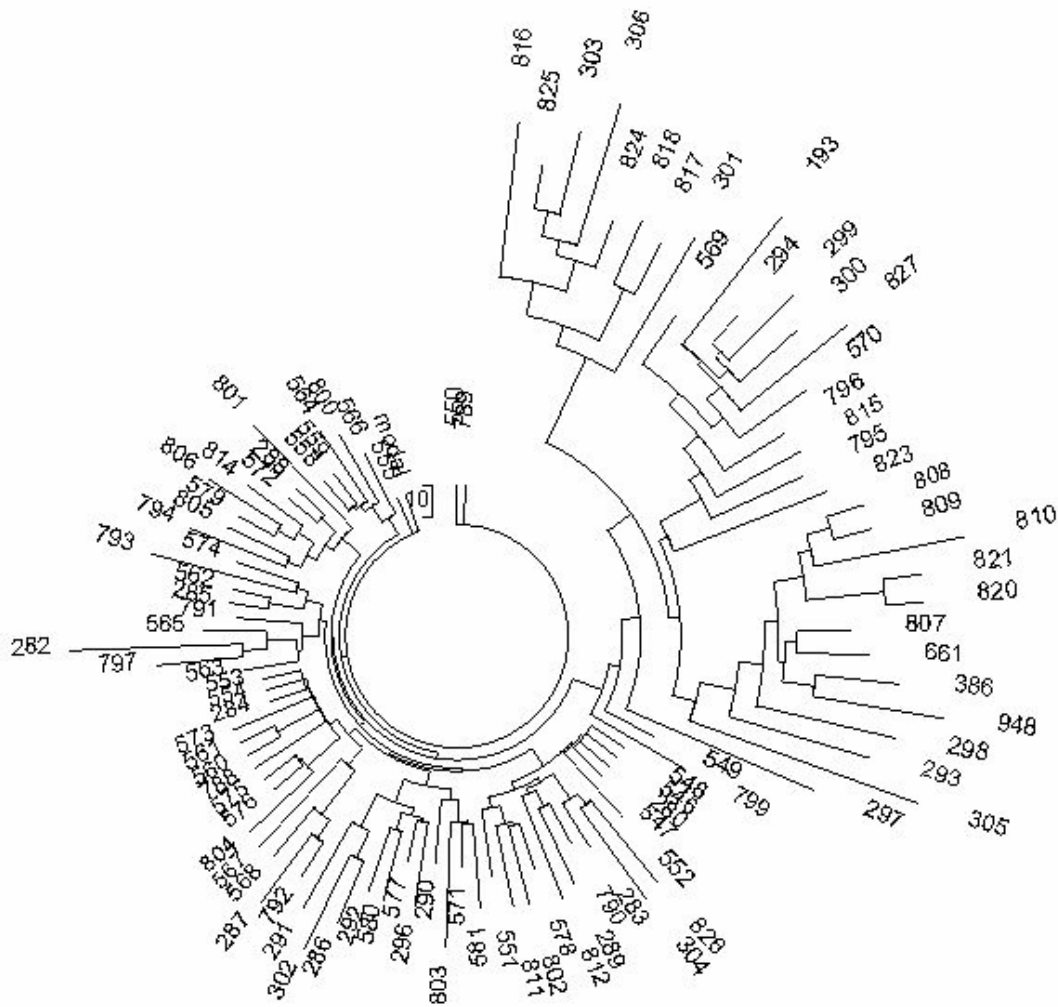


Figure 2. The 25-marker haplotype tree for 99 haplotypes with $DYS388 = 10$. The haplotypes were collected from YSearch database (Rozhanskii and Klyosov, 2009).

If, however, calculate each of those three sub-branches of the older branch separately, then their apparent base haplotypes are as follows:

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

and their common ancestors lived 1300 ± 330 , 1325 ± 300 , and 1925 ± 360 years bp, respectively. All three base haplotypes have 7.5 mutations between them, which brings THEIR common ancestor to 2970 years bp ($1520 + 1450$ ybp, where 1520 is the average “age” of all the three sub-branches, and 1450 is the timespan to accumulate 7.5 mutations in three 25-marker haplotypes).

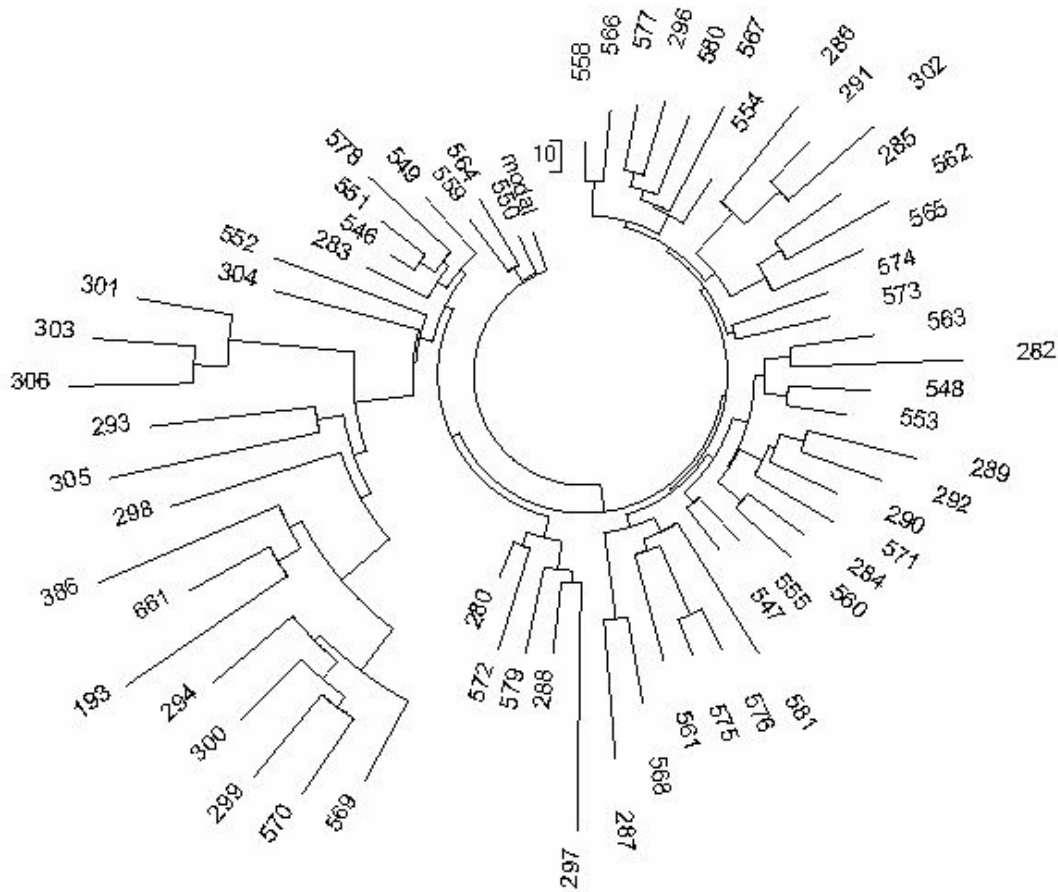


Figure 3. The 37-marker haplotype tree for 62 haplotypes with DYS388 = 10. The haplotypes were collected from YSearch database (Rozhanskii and Klyosov, 2009).

As one can see, 2925 ± 370 ybp calculated by the “shotgun” approach and 2970 ybp calculated by a separate analysis of the sub-branches are the same thing. Such a good fit occurred because all the three sub-branches are approximately equal in size and in age, hence, their “weights” are almost the same. Generally, if size and age of weights are different, it is strongly recommended to conduct a separate analysis of the branches to avoid “phantom common ancestors” and their phantom “ages”.

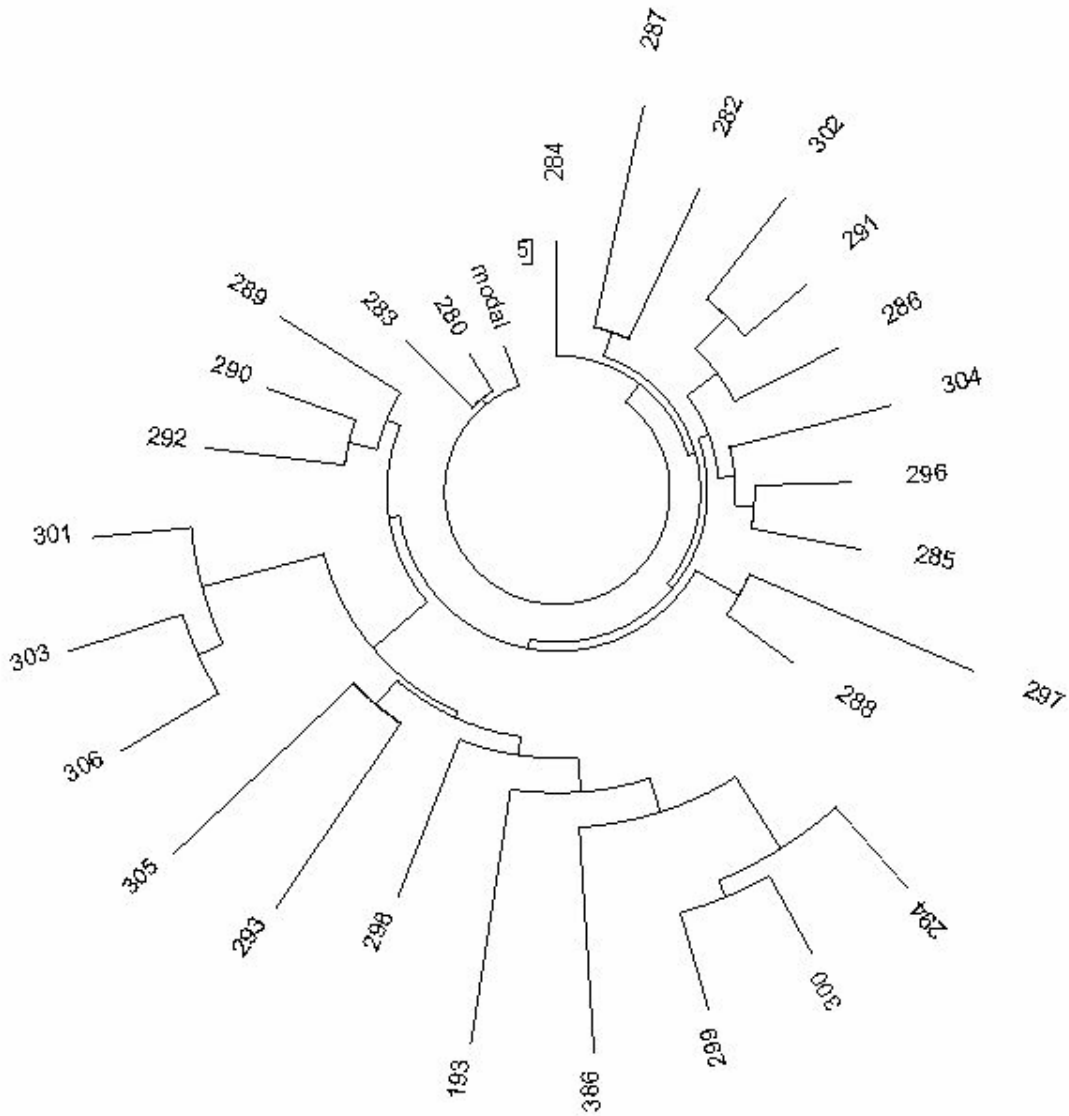


Figure 4. The 67-marker haplotype tree for 27 haplotypes with DYS388 = 10. The haplotypes were collected from YSearch database (Rozhanskii and Klyosov, 2009).

The “young” left-hand side 65-haplotype branch in Fig. 2 has the following base haplotype

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

Again, it is almost identical with the “younger” base haplotype in the preceding section, with only one difference (DYS389-2 was 30). However, there were only 31 haplotypes in the “younger” branch there. All the 65 haplotypes in the branch

contain 161 mutations (in their first 25 markers), which results in 1425 ± 180 years to a common ancestor of the branch. In the preceding section it was 1625 ± 240 ybp, which is again within margin of error.

The 37- and 67-marker haplotype trees are shown in Figs. 3 and 4. Both of them also contain a “young” and an “old” branch. The branches were better resolved in terms of their separation from each other, however, there were no distinct sub-branches, as it was shown in the 25-marker tree. 67 marker base haplotypes for the “old” (2925 ± 370 ybp) and the “young” (1425 ± 180 ybp) are as follows:

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

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

Mutational differences are shown in bold. There are 14 mutations between the two base haplotypes, which places THEIR common ancestor to approximately 3525 years before present. If to compare the base haplotypes more accurately, in terms of fractional mutations, their common ancestor lived 3700 years before present (Rozhanskii and Klyosov, 2009). It is again within margins of error.

The “common” (DYS388=12) R1a1 base haplotypes in Norway

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

or England

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

differs from the “older” (DYS388=10) base haplotype by four mutations (per 25 markers) in the both cases. This places a common ancestor of both (DYS388=12 and (DYS388=10) base haplotypes to 4900 years before present. This is a timespan to a common ancestor of R1a1 haplotypes on the Russian Plain (Klyosov, 2009). In other words, this finding suggests that the Tenth lineage split from the Russian Plain R1a1 common ancestor, and the individual having (DYS388=10) who would become the Tenth common ancestor moved to the West, and his descendants eventually reached the European North West.



Figure 5. Locations of the Tenth (DYS388=10) of R1a1 in Europe. The locations were compiled from YSearch database and corresponds to the most distant known ancestor of the individuals presented their data (from Rozhanskii and Klyosov, 2009).

As it was suggested and justified in (Rozhanskii and Klyosov, 2009), the presence of the Tenth in the British Isles can be bound to the Norman invasion to the Islands headed by William the Conqueror in 1066. There were many mercenaries including those from Scandinavia in his army. It is very likely that among them were the Tenth.

This study, 60 of 67 marker haplotypes

Fig. 6 shows a 67 marker haplotype tree. It again contains two distinct branches. A 20-haplotype branch on the right is composed of DYS388=10 haplotypes with a “null mutation” at DYS448, and has the following base haplotype:

13 24 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 0 32 14 14 15 15 -- 10 11 19
 23 17 17 19 18 34 39 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 11 12 12 13 8 12 23
 22 12 12 11 13 11 11 12 12

Haplotype 146 sits separately though it has the null-mutation as well. As it is shown below, it belongs to a different, older sub-branch of null-mutated haplotypes, most of them were determined only in 37-marker format, hence, are absent in Fig. 6.

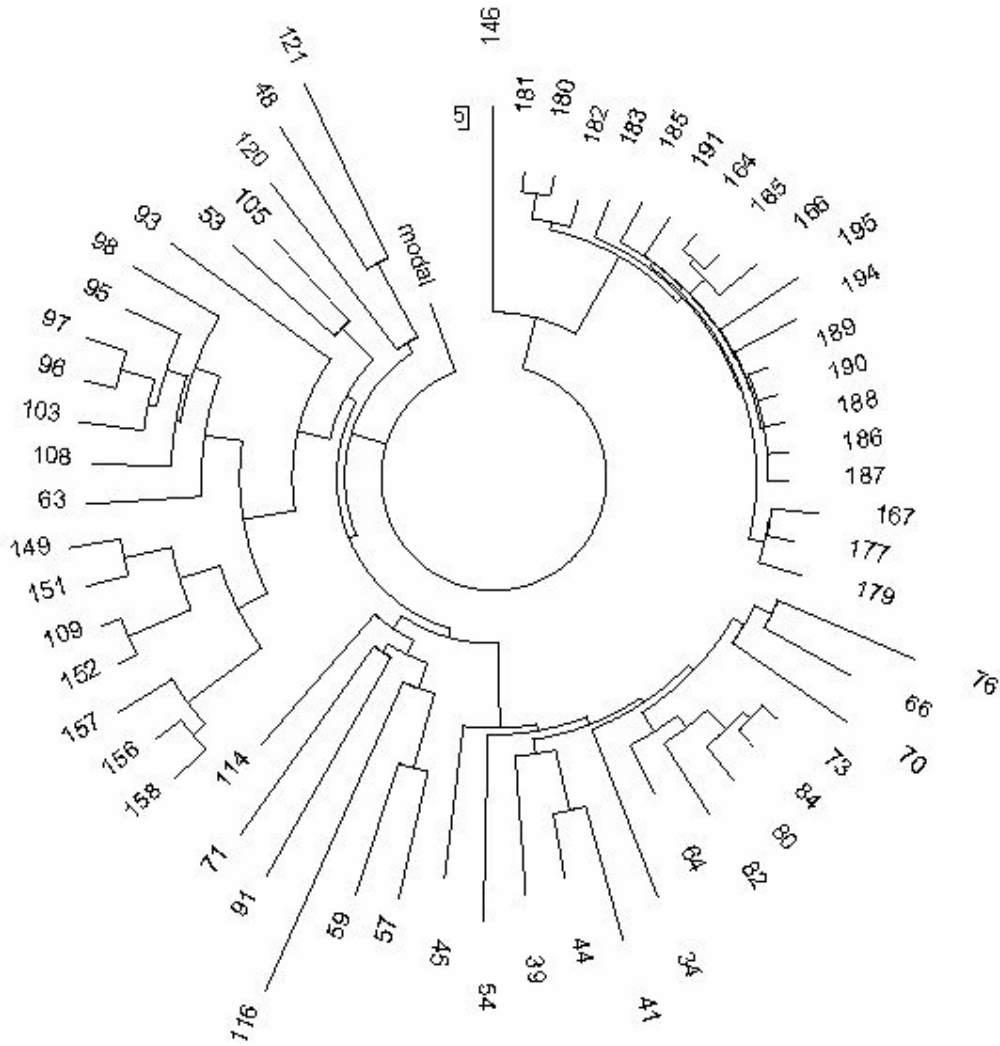


Figure 6. The 67 marker haplotype tree for R1a1 haplotypes with DYS388=10. The tree contains 60 haplotypes, selected from databases of FTDNA Projects and kindly provided by Martin Voorwinden.

All 19 haplotypes in the rather uniform branch contain only 22 mutations from the above base haplotype in the 67 marker format, and 18 mutations in the 37-marker format. It gives, respectively, 200 ± 50 and 275 ± 70 years from their most recent common ancestor. As one can see, these figures are within the margins of error.

As I was informed by the bearers of the null-mutated haplotypes - "most of those, if not all, of our Tucker 67 marker modal haplotypes are descendants of Robert Tucker who died 1750 in Amelia County, Virginia". That is, 260 years before present. This is the date the "null" branch points at, within margin of error.

This statement is actually related to the above base haplotype with DYS607=17 (the 31st marker, marked in bold). There is one more lineage, with DYS607=16, which is less represented in the tree (haplotypes 167, 173-177, 179, only three of which were tested in 67-markers and shown in Fig. 6). The two families live for more than two centuries being separated by only a few miles in Amelai and Prince George Counties of Virginia (Amelia County was cut from Prince George in 1736), and from records there was no connection between the families, despite nearly 25 years of research by genealogists. Only Y-chromosome tests have reconnected the two lineages.

One can see that the above base haplotype differs rather significantly from the 25 marker haplotype shown in the Introduction. It is not surprising since none of those 61 of 25-marker haplotypes collected in the Ysearch database has the null-mutation in DYS448. Only the more extended series revealed this null-DYS448 branch.

The second, extended branch on the left-hand side and the bottom of the tree splits onto four sub-branches. All of them are relatively "young", and all descended from the same common ancestor of the whole haplotype tree, who lived around 5000 years before present. This common ancestor lived on the Russian Plain, as it will be shown below. However, on the Russian Plain the DYS388=10 mutation did not survive. Alternatively, a bearer of this mutation had moved to the North-Western Europe around 5000 years before present, without leaving his offspring behind.

Briefly, common ancestors of all the four sub-branches lived (clock-wise):

- 1375 ± 280 ybp (the first 25-markers were employed for calculations) or 1675 ± 250 ybp (37 markers) or 1275 ± 180 ybp (67 markers) [which is again within the margins of error], that is the 1st millennium AD (the branch between haplotypes 76 and 45); his base haplotype was as follows

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

There are 10, 18 and 25 mutations between the base 25-, 37- and 67- markers in null-mutated branch (DYS448=0) and this one (DYS448=19), which brings THEIR common ancestor to approximately 4300, 4100 and 2800 ybp, respectively. However, they are only two branches out of five in the haplotype tree.

- 4500±830 ybp (the branch between haplotypes 57 and 114, the first 25-markers were employed for calculations) or 3850±600 ybp (37 markers) or 3225±460 ybp (67 markers), that is likely the common ancestor of the whole tree; his base haplotype was as follows

13 25 17 10 11 14 12 10 10 13/14 11 31 - 15/16 9 10 11 11 23/24 14 19 33 12 14/15
 15 17 - 11 11 19 23 15/16 16 19 18 34 37 12/13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22
 22 15 10 12 12 13 8 14 23/24 22 12 12 11 13 11 11 12 13

The difference between the two last base haplotypes (of one double branch at the bottom of the tree on Fig. 6), namely 5 and 11 mutations on the first 25 and 37 markers points at 3050-3500 year difference between their common ancestors. It means that the first (DYS448=19) sub-branch is the “daughter” branch of the first one.

- The same story is with the third branch on the left, between haplotypes 158 and 105. Its common ancestor lived 1525±275 years before present (calculated using the first 25 markers), and he was a descendant of the one who lived approximately 4500 years before present.
- The fourth, small branch on the top of the tree (haplotypes 48, 120 and 121) is not stable and falls apart on the 37-marker tree (see Fig. 7 below). However, a tentative consideration of its mutations shows that it is also relatively young, 2625±770 years before present, and also likely to descend from the 4500 ybp common ancestor.
- A detailed consideration of a mutational difference between the 4500 ybp base haplotype and that of the “null” branch on the right showed that they differ by 9.16 mutations on average on the first 25 markers. This points on THEIR common ancestor who lived 5300±700 years before present. It is very likely the same common ancestor of the whole dataset DYS388=10, with both DYS448=19 and DYS448=0.

To sum it up, the 67 marker haplotype tree and its consideration showed that there are currently several separate DNA-lineages (branches) descending from a common ancestor who lived around 5000 years before present, and likely between 4500 and 6000 years before present.

Since the available dataset contains many more of 37-marker haplotypes (131) compared to 67-marker ones (60), let us consider the 37-marker haplotype tree.

This study, 131 of 37 marker haplotypes

The 37 marker tree is shown in Fig. 7. It is principally the same as that of the 67 marker tree. However, the 67 marker one was more accurate in terms of separation of the branches, and the 37 marker tree is more representative one since it contains many more haplotypes. A thorough consideration should include the both.

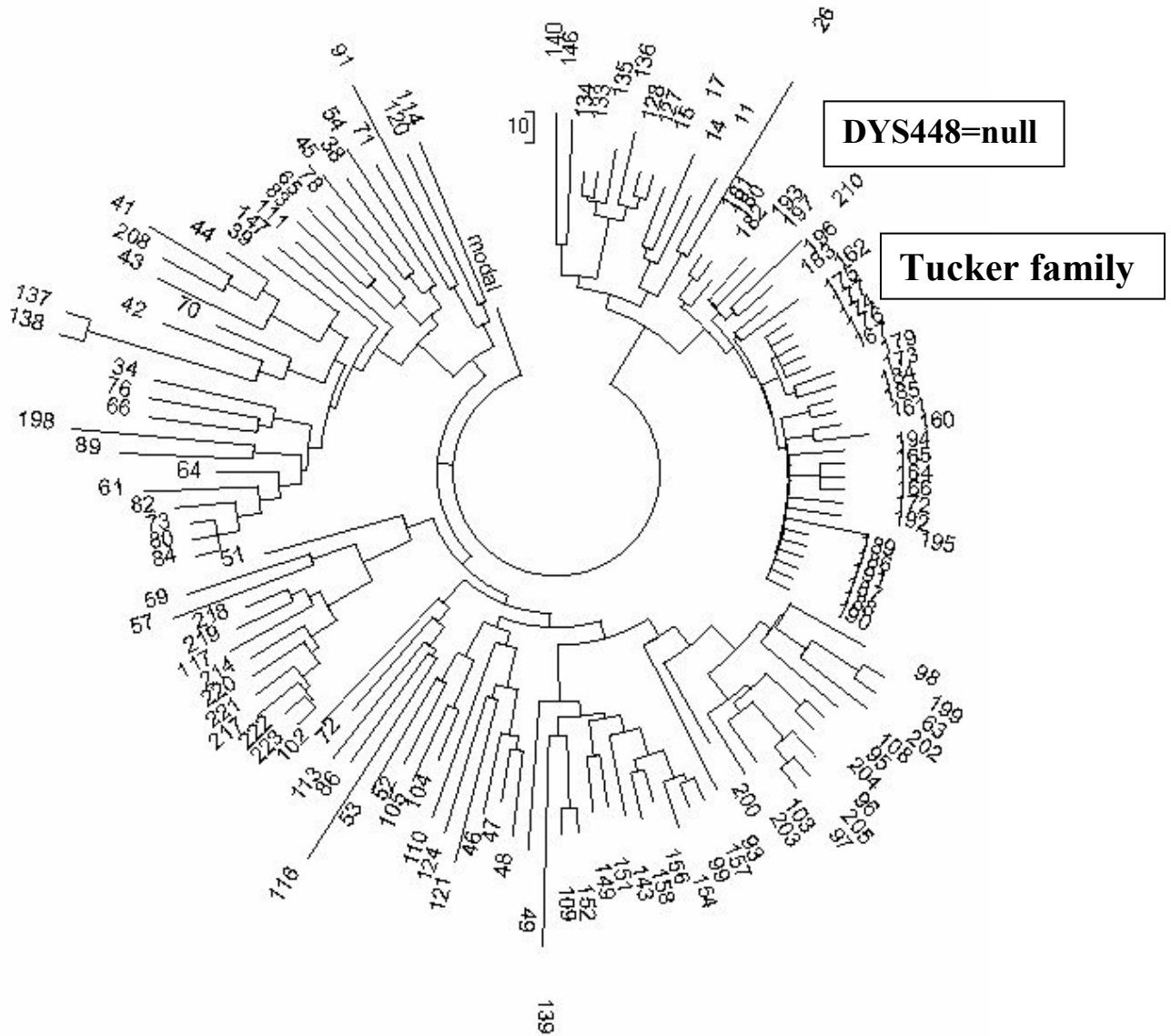


Figure 7. The 37 marker haplotype tree for R1a1 haplotypes with DYS388=10. The tree contains 131 haplotypes, selected from databases of FTDNA Projects and kindly provided by Martin Voorwinden. Haplotypes #15 in the upper right branch (DYS448=null) is positive on R-L12, ##14, 17 and 179 are negative. In fact, the whole right-hand side branch is DYS448=null, and contains two sub-branches, with TMRCA of ~ 2,000 ybp and ~260 years, respectively.

The 37 marker tree is certainly more informative with respect to the null-mutation (DYS448=0) branch on the right. This branch is separated very cleanly in both 67 and 37 marker trees, since the mutation is a very distinct one. Furthermore, where in 67 marker tree was just one haplotype, standing alone

(#146), in the 37 marker tree there is a whole branch of its “relatives”, including #146.

It turned out that the null-mutation haplotypes with DYS388=10 split into two separate branches, derived from two quite different the most recent common ancestors, though the more recent one had descended from the ancient one. The flat sub-branch on the right, between haplotypes 181 and 190, containing 33 haplotypes total, has only 14 mutations in the first 25 markers and 43 mutations in all the 37 markers from the following base haplotype:

13 24 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 0 32 14 14 15 15 -- 10 11 19
23 17 17 19 18 34 39 14 11

It is exactly the same base haplotype in the first 37 alleles in the 67-marker “null-mutation” haplotype shown in the preceding section. That number of mutations results in 225 ± 65 and 350 ± 65 years before present for a common ancestor of the branch. This is the Tucker family. With a much smaller dataset of 19 haplotypes it was 200 ± 50 and 275 ± 70 years to a common ancestor. All these values are within the same margin of error, with an average 260 ± 60 ybp, and match the dates from the actual common ancestor of the bearers of the null-mutated haplotypes as indicated above (“Robert Tucker who died 1750 in Amelia County, Virginia”), that is 260 years before present, according to the classical genealogy data, provided by the descendants (see above).

The adjacent older “null-mutation” sub-branch, as one can see from its “fluffiness”, has the following base haplotype:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 0 32 14 14 15 15 - 10 11 19
23 17 17 18 18 34 36 13 11

The 13-haplotype branch contains as many as 54 mutations from the above 25-marker base haplotype, and 79 mutations from the 37-marker haplotype, which translates to 2500 ± 420 and 1825 ± 275 years to a common ancestor of the branch. Again, it is within the same margin of error. Interesting that #11 has DYS448=19, not null, but sits comfortably in the branch. The bearer of haplotypes #15 in the middle of this branch has determined his deep subclade, it was R-L12 assigned as private SNP. The bearers of #14, #17, and #179 are R-L12 negative.

There are five mutations between the above two base “null” 37-marker haplotypes (“visually” it is six mutations, however, there are five of them, if to consider fractional average values of alleles), “young” and “old”, which corresponds to 1475 years between their common ancestors. Indeed, it is $1825 - 260 = 1565$ years, plus-minus margin of error of two-three centuries. It shows that

the “young” null base haplotype descended directly from the “old” one. It seems that the “young null” DYS388=10 ancestral haplotype has appeared after the emigration of its bearer or his recent ancestor from Europe to the USA in the 17th-18th century.

The 32-haplotype branch on the upper left side in Fig. 7 is the same one as that next to the “null”-mutation branch clock-wise, the 14-haplotype branch in Fig. 6. It now has the following base haplotype

13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 25 14 19 32 12 14 14 17 - 11 11 19
23 15 16 18 18 33 39 12/13 11

It is exactly the same as that determined in the 67 marker format, but in the first 37 markers. However, with a smaller amount of haplotypes it gave 1375 ± 280 ybp in the first 25 markers, and with the larger 37-marker dataset the branch resulted in 2350 ± 315 ybp. This base haplotype has as many as 6.95 mutations compared to the right-hand side “older” base haplotype (it “visually” looks as 9, however, many of mutations are partial ones). Since both of them are of about the same “age” (the “older” null-mutation branch is of 2500 ± 420 ybp) and both have appeared in the middle of the 1st millennium BC, when R1a1 have re-populated Europe from the Russian Plain, and 6.95 mutations in 25 marker haplotypes are accumulated on average in the course of 4475 years, then THEIR common ancestor lived approximately 4700 ybp. Again, it points out at the Russian Plain as the principal source of the above ancestral haplotypes, since the ancestral R1a1 haplotype on the Russian Plain is 4750 ± 500 years “old” (Klyosov, 2009).

There is one more rather complex branch on the tree in Fig. 7, in its lower part. The 12-haplotype sub-branch on the left has the following base haplotype:

13 25 17 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 7 10 11 11 23 14 19 35 12 15 15 17 - 10 11 19
23 16 16 18 18 35 38 14 11

Its common ancestor lived 2125 ± 390 years bp (calculated on the first 25 markers) or 1725 ± 270 ybp (all the 37 markers). There was no such a branch on the 67-marker tree.

The adjacent branch (counter-clockwise) of 41 haplotypes with the base

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 15 18 19 33 39 13 11

has a common ancestor of 2125 ± 275 ybp (calculated on 25-markers) or 2925 ± 330 ybp (on all 37 markers).

Since these two base haplotypes differ by 7.8 mutations on the first 25 markers, and by 15 mutations on all the 37 markers, THEIR common ancestor lived 4700 years ago (on 25 markers) or 4800 years ago (on 37 markers). It is the same common ancestor as we have identified above. Different branches of his offspring descended from him, and they went different ways.

The R1a1 25 marker base haplotype of the Russian Plain looks as follows (Klyosov, 2008; 2009):

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

An independent study identified the 67-marker Russian Plain base haplotype as follows (Rozhanskii and Klyosov, 2009):

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

It is pretty close to the 41-haplotype branch on the 37-marker tree in Fig. 7, and has only 4 mutations from it in the first 25 markers (including the double mutation at DYS388), and two more mutations in the following 12 markers, total 6 mutations in all 37 markers:

13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16 -- 11 11
19 23 16 15 18 19 33 39 13 11

4 mutations per 25 markers mean that the branch is the descendant one from the Russian Plain base haplotype of 4700 ybp, and 6 mutations per 37 markers places their common ancestor to 4800 ybp. It is the same value, and corresponds to the ancestral haplotype on the Russian Plain 4800 years before present.

This is the origin of the DYS388=10 subfamily of R1a1 haplotypes.

In order to compare reproducibility of the principal results of our studies concerning the Tenth, and to present the data in concise format, the data are collected in the following Table.

TABLE
Main DYS388=10 R1a1 lineages (branches of the haplotype tree) identified in various datasets and published in 2009-2010

Reference	Base Haplotypes and a number of haplotypes considered	Timespan to a common ancestor
Klyosov, J. Genet Geneal, 2009	<p>13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 14 15 16</p> <p>13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 30 - 15 9 10 11 11 25 14 19 32 12 14 14 17</p> <p>(61 of 25-marker haplotypes)</p>	<p>3575±450</p> <p>1625±240</p>
Rozhanskii and Klyosov, Proc. Russian Academy of DNA Genealogy, 2009 (99 of 25-marker, 62 of 37-marker, and 27 of 67-marker haplotypes)	<p>13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16 - 11 11 19 23 15 16 18 18 33 36 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 22 12 12 11 13 11 11 12 13</p> <p>13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 25 14 19 32 12 14 14 17 - 11 11 19 23 15 16 18 20 33 39 13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 22 12 12 11 13 11 11 14 13</p>	<p>2925±370</p> <p>1425±180</p>
This study (131 of 37-marker and 60 of 67-marker haplotypes)	<p>13 24 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 0 32 14 14 15 15 -- 10 11 19 23 17 17 19 18 34 39 14 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 16 11 12 12 13 8 12 23 22 12 12 11 13 11 11 12 12</p> <p>(null-mutation in DYS442, young branch)</p> <hr/> <p>13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 0 32 14 14 15 15 - 10 11 19 23 17 17 18 18 34 36 13 11</p> <p>(null-mutation in DYS442, old branch)</p>	<p>260±50</p> <p>2500±420 (67-markers) 2200±350 (average on 37- and 67-markers)</p>

	<p>13 25 15 10 11 14 12 10 10 13 11 31 -- 15 9 10 11 11 25 14 19 32 12 14 14 17 - 11 11 19 23 15 16 18 18 33 39 12/13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23 22 12 12 11 13 11 11 14 13</p> <hr/> <p>13 25 17 10 11 14 12 10 10 13/14 11 31 - 15/16 9 10 11 11 23/24 14 19 33 12 14/15 15 17 - 11 11 19 23 15/16 16 19 18 34 37 12/13 11 - 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23/24 22 12 12 11 13 11 11 12 13</p> <hr/> <p>13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16 - 11 11 19 23 16 16 18 18 35 38 14 11</p> <hr/> <p>13 25 17 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 7 10 11 11 23 14 19 35 12 15 15 17 - 10 11 19 23 16 16 18 18 35 38 14 11</p> <hr/> <p>13 25 16 10 11 14 12 10 10 13 11 30 -- 15 9 10 11 11 24 14 19 32 12 15 15 16 -- 11 11 19 23 16 15 18 19 33 39 13 11</p>	<p>1375±280 (25-markers) 1440±240 (average of 25-, 37- and 67-markers)</p> <p>4500±830 (25-markers in 67-marker tree) 3860±630 (average of 25-, 37- and 67-markers)</p> <p>4875±580 (25-markers in 37-marker tree) 4200±490 (average of 25- and 37- markers)</p> <p>2125±390 (25-markers) 1725±270 (37-markers)</p> <p>2125±275 (25 markers) 2925±330 (37 markers)</p>
<p>From (Rozhanskii and Klyosov, 2009)</p>	<p>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</p> <p>(The Russian Plain base haplotype)</p>	<p>4800±500</p>

Literature

Klyosov, A.A. (2008) Haplotypes of R1a1 haplogroup in a post-Soviet area. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), 1, No. 5, 947-957.

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.

Rozhanskii, I. and Klyosov, A.A. (2009) Haplogroup R1a1: haplotypes, genealogy lineages, history, and geography. Proc. Russian Academy of DNA Genealogy (ISSN 1942-7484), 2, No. 6, 974-1099.

ADDENDUM

A list of DYS388=10 R1a1 haplotypes, considered in this study, and kindly provided by Martin Voorwinden. The haplotypes are listed in the FTDNA format.

67 marker haplotypes (61 total)

34	13	23	17	10	11	14	12	10	11	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	16	17	20
	35	39	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	11	14
	8	13	23	22	12	12	11	13	11	11	14
	13										
39	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	31	12
	14	14	18	11	11	19	23	15	15	18	20
	34	38	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	14	23	22	13	12	11	13	11	11	14
	13										
41	13	24	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	33	14	9	10	11	11	25	15	19	32	12
	14	14	17	11	10	19	23	15	15	18	21
	33	39	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	11	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	13	23	22	12	12	11	13	11	11	14
	13										
44	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	14	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	18	11	11	19	23	15	15	18	21
	33	39	13	11	11	8	17	17	8	12	10

	8	11	10	12	22	22	15	9	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	14
	13										
45	13	24	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	11	10	19	23	15	16	19	18
	34	40	12	11	13	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	13	23	22	12	12	11	13	11	11	14
	13										
48	13	24	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	29	14	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	15	15	16	10	11	19	23	15	16	18	17
	35	38	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	21	22	15	10	12	12	13
	8	13	22	23	12	12	11	13	11	11	12
	14										
53	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	8
	30	15	9	10	11	11	24	15	19	32	12
	13	15	16	11	11	19	21	15	16	18	18
	36	38	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	13										
54	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	15	9	10	11	11	25	14	19	31	12
	14	14	17	11	11	19	24	15	16	17	18
	33	40	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	14	22	23	12	12	11	13	11	11	14
	13										
57	13	24	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	16	7	10	11	11	23	14	19	33	12
	14	15	17	11	11	19	23	15	16	17	18
	33	36	14	11	11	8	17	17	8	11	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	13	24	22	12	12	11	13	11	11	12
	13										
59	13	24	17	10	11	15	12	10	10	14	11
	31	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	16	18	18
	34	36	14	11	11	8	17	17	8	11	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	14	24	22	12	12	11	13	11	11	12
	13										
63	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	10	19	24	15	15	19	21
	33	40	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	17	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	13	11	13	11	11	12
	13										

64	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	15	17	11	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	14
13											
66	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	33	15	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	16	17	20
	32	39	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	14
12											
70	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	15	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	16	18	19
	34	40	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	13	11	14	11	11	14
13											
71	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	33	12
	15	15	17	11	11	19	23	16	14	19	18
	36	37	13	11	11	8	13	17	8	11	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	9	12	23	22	11	12	11	13	11	11	12
13											
73	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	14
13											
76	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	10	19	23	15	16	17	20
	35	38	13	11	11	8	17	17	8	11	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	12	14
13											
80	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	14
13											
82	13	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	16	18	19

	33	39	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	10	12	12	13
	8	14	22	22	12	12	11	13	11	11	14
	13										
84	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	14
	13										
91	13	25	15	11	11	14	12	10	10	14	11
	32	17	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	15	15	17	12	11	20	23	16	16	19	18
	34	39	12	11	11	8	17	17	8	13	10
	8	10	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	14
	12										
93	13	25	16	10	10	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	17	11	10	19	24	16	16	18	18
	33	38	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	12	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	12	25	21	12	12	11	13	11	11	12
	13										
95	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	14	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	18	20
	33	39	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	10	12	12	14
	8	14	23	22	12	13	11	13	11	11	12
	13										
96	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	12
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	19	20
	33	41	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	10	12	12	14
	8	14	23	22	12	13	11	13	11	11	12
	13										
97	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	12
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	20	20
	33	41	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	10	12	12	14
	8	14	23	22	12	13	11	13	11	11	12
	13										
98	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	10	19	24	15	15	18	20
	34	37	12	11	11	8	17	17	8	11	10
	8	11	10	12	22	22	16	10	12	12	14

	8	14	23	22	12	13	11	13	11	11	12
	13										
103	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	17	20
	33	38	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	10	12	12	14
	8	14	24	22	12	13	11	13	11	11	12
	13										
105	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	15	20	32	12
	13	15	16	12	11	19	23	16	15	17	18
	36	38	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	13										
108	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	16	17	11	12	19	24	16	15	19	20
	34	39	12	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	10	12	12	14
	8	14	23	22	12	13	11	13	11	11	12
	13										
109	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	9	11	11	24	14	19	30	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	15	18	20
	33	39	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	14	24	22	12	13	11	13	11	11	12
	13										
114	13	25	17	10	10	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	13	15	16	11	11	19	23	15	16	20	18
	34	37	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	14	23	22	13	12	11	13	11	11	12
	12										
116	13	25	17	10	11	14	12	10	11	13	11
	29	17	9	10	11	11	23	14	20	33	12
	12	15	15	11	11	19	23	18	15	20	19
	34	39	15	11	11	8	17	17	8	11	10
	8	12	10	12	21	22	15	10	12	12	13
	8	14	25	21	13	12	11	13	11	11	12
	13										
120	13	26	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	13	15	15	11	11	19	23	15	16	19	17
	36	38	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	11	12	12	12
	8	12	22	22	12	12	11	13	10	11	12
	13										

121	13	26	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	15	15	16	11	11	19	23	16	16	18	19
	36	40	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	13	22	22	16	10	12	12	13
	8	14	22	23	12	12	11	13	11	11	12
14											
146	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	25	14	0	33	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	17
	33	37	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	12	12	12	13
	8	13	23	22	13	12	11	13	11	11	12
13											
149	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	12	15	15	11	11	19	23	15	15	19	20
	33	39	13	11	11	9	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	14	24	22	12	13	11	13	11	11	12
13											
151	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	15	19	19
	33	39	13	11	11	9	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	14	24	22	12	13	11	13	11	11	12
13											
152	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	9	11	11	24	14	19	30	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	15	18	20
	33	39	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	14	24	22	12	13	11	13	11	11	12
13											
156	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	24	15	15	19	19
	33	38	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	13	25	22	11	13	11	13	11	11	12
13											
157	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	24	15	15	20	19
	33	40	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	13	25	22	11	13	11	13	11	11	12
12											
158	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	24	15	15	21	19

	33	38	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	15	10	12	12	14
	8	13	25	22	11	13	11	13	11	11	12
	13										
164	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
165	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
166	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	13	12	11	13	11	11	12
	12										
167	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	23	12	12	11	13	11	11	12
	12										
177	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
179	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	40	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
180	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	38	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13

	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
181	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	38	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
182	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
183	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	37	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
185	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	13	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
186	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
187	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
188	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										

189	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
190	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
191	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	10	12	22	22	17	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
194	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	12	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11	11	8	17	17	9	12	10
	8	11	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
195	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	15	15	15	10	11	19	23	17	17	19	19
	34	39	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	12	10	12	22	22	16	11	12	12	13
	8	12	23	22	12	12	11	13	11	11	12
	12										
Add1	13	25	17	10	11	13	12	10	11	13	11
	30	15	9	10	11	12	22	14	19	31	12
	14	15	16	11	11	19	23	16	16	18	18
	35	38	14	11	11	8	17	17	8	12	10
	8	11	9	12	22	22	15	10	12	12	13
	8	13	25	22	13	12	11	13	10	11	12
	13										

37-marker haplotypes (132 total, including those available in the 67 marker format)

11	13	25	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	30	16	9	10	11	11	24	14	19	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	37	15	11							

14	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29	14	9	10	11	11	24	14	0	31	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	35	13	11							
15	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29	14	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	36	38	13	11							
17	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29	14	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	18	18	17
	34	38	13	11							
26	13	25	17	10	11	14	12	10	10	12	11
	30	16	9	10	11	11	24	14	0	31	14
	14	14	14	10	11	19	23	17	17	17	18
	34	37	15	11							
34	13	23	17	10	11	14	12	10	11	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	16	17	20
	35	39	13	11							
38	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	33	12
	14	15	17	11	12	19	23	15	16	18	22
	34	40	12	11							
39	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	31	12
	14	14	18	11	11	19	23	15	15	18	20
	34	38	13	11							
41	13	24	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	33	14	9	10	11	11	25	15	19	32	12
	14	14	17	11	10	19	23	15	15	18	21
	33	39	13	11							
42	13	24	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	33	15	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	16	12	11	19	23	15	16	18	19
	35	37	13	11							
43	13	24	15	10	11	14	12	10	10	12	11
	31	14	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	12	14	14	11	11	19	23	15	15	18	20
	33	40	13	11							
44	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	14	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	18	11	11	19	23	15	15	18	21
	33	39	13	11							
45	13	24	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	11	10	19	23	15	16	19	18
	34	40	12	11							
46	13	24	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	30	16	9	10	11	11	26	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	23	15	16	18	17
	35	38	14	11							

47	13	24	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	29	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	23	15	16	18	17
	35	39	14	11							
48	13	24	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	29	14	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	15	15	16	10	11	19	23	15	16	18	17
	35	38	14	11							
49	13	24	16	10	11	14	12	10	11	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	14	15	16	11	11	19	24	15	15	18	20
	33	42	13	11							
51	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	24	14	19	34	11
	15	15	17	11	10	19	23	16	15	18	18
	34	36	14	11							
52	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	15	19	32	12
	13	15	16	11	10	19	23	16	16	18	18
	37	38	14	11							
53	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	8
	30	15	9	10	11	11	24	15	19	32	12
	13	15	16	11	11	19	21	15	16	18	18
	36	38	13	11							
54	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	15	9	10	11	11	25	14	19	31	12
	14	14	17	11	11	19	24	15	16	17	18
	33	40	12	11							
57	13	24	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	16	7	10	11	11	23	14	19	33	12
	14	15	17	11	11	19	23	15	16	17	18
	33	36	14	11							
59	13	24	17	10	11	15	12	10	10	14	11
	31	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	16	18	18
	34	36	14	11							
61	13	25	15	10	11	12	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	15	17	19
	33	37	12	11							
63	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	10	19	24	15	15	19	21
	33	40	12	11							
64	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	15	17	11	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	13	11							
65	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	16	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	15	19	20
	34	39	12	11							

66	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	33	15	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	16	17	20
	32	39	13	11							
70	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	15	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	16	18	19
	34	40	12	11							
71	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	33	12
	15	15	17	11	11	19	23	16	14	19	18
	36	37	13	11							
72	13	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	34	12
	13	15	15	11	11	19	23	16	16	18	18
	34	37	12	11							
73	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	12	11							
76	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	10	19	23	15	16	17	20
	35	38	13	11							
78	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	25	14	19	31	12
	14	14	17	10	11	19	23	15	15	17	20
	34	40	11	11							
80	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	12	11							
82	13	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	11	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	12	11							
83	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	17	11	11	19	23	14	16	19	20
	33	38	12	11							
84	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	11	19	23	15	16	18	19
	33	39	12	11							
86	13	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
	29	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	15	15	15	11	11	19	23	16	15	18	17
	34	38	14	11							
89	13	25	15	10	11	15	12	10	10	14	11
	32	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	10	19	23	16	16	18	18
	33	39	12	11							

91	13	25	15	11	11	14	12	10	10	14	11
	32	17	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	15	15	17	12	11	20	23	16	16	19	18
	34	39	12	11							
93	13	25	16	10	10	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	17	11	10	19	24	16	16	18	18
	33	38	12	11							
95	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	14	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	18	20
	33	39	12	11							
96	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	12
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	19	20
	33	41	12	11							
97	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	12
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	20	20
	33	41	12	11							
98	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	10	19	24	15	15	18	20
	34	37	12	11							
99	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	24	15	15	20	19
	33	40	13	11							
102	13	25	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	29	14	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	14	15	15	11	9	19	23	16	17	18	18
	35	36	14	11							
103	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	17	20
	33	38	12	11							
104	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	15	19	32	12
	13	15	16	11	11	19	23	16	15	17	18
	36	37	14	11							
105	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	15	20	32	12
	13	15	16	12	11	19	23	16	15	17	18
	36	38	14	11							
108	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	16	17	11	12	19	24	16	15	19	20
	34	39	12	11							
109	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	9	11	11	24	14	19	30	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	15	18	20
	33	39	13	11							

110	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	33	12
	14	15	16	11	12	19	23	16	16	17	17
	35	38	14	11							
111	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	12	14	14	11	11	19	23	15	16	18	19
	33	35	13	11							
113	13	25	16	10	12	14	12	10	11	13	11
	30	17	9	10	11	11	25	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	23	16	15	18	18
	34	37	14	11							
114	13	25	17	10	10	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	13	15	16	11	11	19	23	15	16	20	18
	34	37	13	11							
116	13	25	17	10	11	14	12	10	11	13	11
	29	17	9	10	11	11	23	14	20	33	12
	12	15	15	11	11	19	23	18	15	20	19
	34	39	15	11							
117	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	23	14	19	34	12
	12	15	15	11	11	19	19	16	16	18	18
	35	38	14	11							
120	13	26	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	13	15	15	11	11	19	23	15	16	19	17
	36	38	14	11							
121	13	26	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	31	15	9	10	11	11	25	14	19	33	12
	15	15	16	11	11	19	23	16	16	18	19
	36	40	13	11							
124	14	25	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	30	15	9	10	11	11	26	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	23	15	16	17	17
	36	39	13	11							
127	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	12
	12	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	36	13	11							
128	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	12
	12	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	36	13	11							
133	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	12
	12	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	36	13	11							
134	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	12
	12	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	36	13	11							

135	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	12
	12	15	15	10	11	19	23	17	17	18	19
	34	36	13	11							
136	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	33	12
	12	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	36	13	11							
137	14	25	15	10	12	14	12	10	10	13	11
	32	16	9	9	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	16	10	11	19	23	15	16	18	19
	33	40	13	11							
138	14	25	15	10	12	14	12	10	10	13	11
	32	16	9	9	11	11	25	14	19	33	12
	14	14	16	10	11	19	23	15	16	18	19
	33	40	13	11							
139	13	25	15	10	11	14	12	10	11	14	11
	31	15	9	9	11	11	24	14	19	31	15
	15	15	15	12	11	19	24	17	15	18	20
	33	33	13	11							
140	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	9	11	11	24	14	0	31	14
	14	15	15	10	11	19	23	16	17	18	17
	34	37	13	11							
143	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	15	20	19
	33	41	13	11							
146	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	25	14	0	33	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	17
	33	37	13	11							
147	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	16	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17	12	11	19	23	15	17	18	21
	33	39	13	11							
149	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	12	15	15	11	11	19	23	15	15	19	20
	33	39	13	11							
151	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	15	19	19
	33	39	13	11							
152	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	9	11	11	24	14	19	30	12
	15	15	17	11	11	19	23	15	15	18	20
	33	39	13	11							
154	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	15	15	20	19
	33	40	13	11							

156	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	24	15	15	19	19
	33	38	13	11							
157	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	24	15	15	20	19
	33	40	13	11							
158	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16	11	11	19	24	15	15	21	19
	33	38	13	11							
160	13	23	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	31	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
161	13	23	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
162	13	24	16	10	11	11	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	40	14	11							
164	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
165	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
166	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
172	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	23	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
173	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	38	14	11							
174	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	39	14	11							
175	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	39	14	11							

176	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	39	14	11							
177	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	39	14	11							
167	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	39	14	11							
179	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	16	19	18
	34	40	14	11							
180	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	38	14	11							
181	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	38	14	11							
182	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	18	18
	34	39	14	11							
183	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	37	14	11							
184	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	13	11							
185	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	13	11							
186	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
187	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
188	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							

189	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
190	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
191	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
192	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	35	39	14	11							
193	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	18	17	19	18
	34	38	14	11							
194	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	12	19	23	17	17	19	18
	34	39	14	11							
195	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	15	15	15	10	11	19	23	17	17	19	19
	34	39	14	11							
196	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	33	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	38	14	11							
197	13	24	16	10	12	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	34	38	14	11							
198	13	25	15	10	11	11	12	10	10	14	11
	31	15	9	9	11	11	25	14	0	32	14
	14	14	14	12	11	19	23	15	16	16	20
	33	39	12	11							
199	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	10	19	24	15	15	19	21
	33	40	12	11							
200	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16	12	11	19	24	16	15	17	19
	34	39	12	11							
202	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	10	19	24	16	15	19	21
	33	39	12	11							

203	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	14	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	23	16	15	17	20
	33	40	12	11							
204	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	14	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	18	20
	33	39	12	11							
205	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	12
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	31	12
	15	15	16	11	11	19	24	16	15	20	20
	33	41	12	11							
208	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32	14	9	10	11	11	25	15	19	32	12
	14	14	17	12	11	19	23	15	15	18	21
	33	41	13	11							
210	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	31	14
	14	15	15	10	11	19	23	17	17	19	18
	33	38	13	11							
214	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	15	17		10	11	19	23	16	16	18	18
	35	38	14	11							
217	13	25	17	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	15	17	17	10	11	19	23	16	16	18	18
	35	38	14	11							
218	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	12	15	15	10	11	19	23	15	16	18	18
	35	38	14	11							
219	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	12	15	15	10	11	19	23	16	16	18	19
	35	38	14	11							
220	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	15	16	17	10	11	19	23	16	16	18	18
	35	38	15	11							
221	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	15	17	17	10	11	19	23	16	16	17	18
	35	38	14	11							
222	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	15	17	17	10	11	19	23	16	16	18	18
	35	38	14	11							
223	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	7	10	11	11	23	14	19	35	12
	15	17	17	10	11	19	23	16	16	18	18
	35	38	14	11							

Add1	13	25	17	10	11	13	12	10	11	13	11
	30	15	9	10	11	12	22	14	19	31	12
	14	15	16	11	11	19	23	16	16	18	18
	35	38	14	11							

25-marker haplotypes (11 total, not included in the above lists of 67- and 37-marker haplotypes)

16	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29	14	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15								
62	13	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	33	12
	15	15	17								
106	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	14	15	16								
118	13	25	18	11	11	13	12	10	11	13	11
	30	16	9	10	11	11	22	14	19	31	12
	14	15	16								
142	13	25	15	10	11	14	12	10	11	14	11
	31	15	9	9	11	11	24	14	19	31	15
	15	15	15								
148	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	16	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17								
155	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16								
159	13	25	15	10	11	15	12	10	10	14	11
	31	14	9	10	11	11	25	14	19	32	12
	14	14	17								
201	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	19	32	12
	15	15	16								
231	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	24	14	0	32	14
	14	15	15								
Add2	14	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30	15	9	10	11	11	25	14	19	34	12
	14	14	17								

12-marker haplotypes (192 total, included in the above lists, and those determined only in the 12-marker format)

11	13	25	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	30										

14	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29										
15	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29										
16	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29										
17	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29										
18	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29										
19	13	25	16	10	11	14	12	10	10	12	11
	29										
22	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
26	13	25	17	10	11	14	12	10	10	12	11
	30										
34	13	23	17	10	11	14	12	10	11	13	11
	31										
35	13	24	15	9	11	14	12	10	10	14	11
	33										
36	13	24	15	10	10	11	12	10	10	13	11
	31										
38	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31										
39	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31										
40	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32										
41	13	24	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	33										
42	13	24	15	10	11	14	12	10	10	14	11
	33										
43	13	24	15	10	11	14	12	10	10	12	11
	31										
44	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32										
45	13	24	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	31										
46	13	24	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	30										
47	13	24	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	29										
48	13	24	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	29										
49	13	24	16	10	11	14	12	10	11	14	11
	31										
51	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
52	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
53	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	8
	30										

54	13 32	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
55	13 31	24	16	10	11	15	12	10	10	13	8
56	13 30	24	16	10	11	15	12	10	10	13	11
57	13 31	24	17	10	11	14	12	10	10	13	11
58	13 31	24	17	10	11	14	12	10	8	14	11
59	13 31	24	17	10	11	15	12	10	10	14	11
60	13 31	25	15	10	11	11	12	10	10	14	11
61	13 31	25	15	10	11	12	12	10	10	13	11
62	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
63	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
64	13 31	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
65	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
66	13 33	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
67	13 33	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
68	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
69	13 32	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
70	13 32	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
71	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
72	13 30	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
73	13 31	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
74	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
75	13 30	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
76	13 32	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
77	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
78	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
79	13 31	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11

80	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31										
81	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32										
82	13	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
	31										
83	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
84	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31										
85	13	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
	29										
86	13	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
	29										
87	13	25	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	31										
89	13	25	15	10	11	15	12	10	10	14	11
	32										
90	13	25	15	10	12	14	12	10	10	13	11
	31										
91	13	25	15	11	11	14	12	10	10	14	11
	32										
92	13	25	16	9	11	14	12	10	10	13	11
	30										
93	13	25	16	10	10	14	12	10	10	13	11
	30										
94	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	29										
95	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
96	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	12
	30										
97	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	12
	30										
98	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
99	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31										
100	13	25	16	10	11	14	12	10	11	14	11
	32										
102	13	25	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	29										
103	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
104	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
105	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
106	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31										
107	13	25	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	30										

108	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
109	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31										
110	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31										
111	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31										
112	13	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
	31										
113	13	25	16	10	12	14	12	10	11	13	11
	30										
114	13	25	17	10	10	14	12	10	10	13	11
	31										
115	13	25	17	10	11	13	12	10	11	13	11
	30										
116	13	25	17	10	11	14	12	10	11	13	11
	29										
117	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
118	13	25	18	11	11	13	12	10	11	13	11
	30										
119	13	26	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	31										
120	13	26	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	31										
121	13	26	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	31										
122	14	25	15	10	11	14	12	10	11	13	11
	30										
123	14	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
124	14	25	16	10	11	14	12	10	11	13	11
	30										
127	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
128	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
129	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
130	13	25	15	10	11	15	12	10	10	13	11
	30										
131	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
132	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
133	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
134	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
135	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										

136	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
137	14 32	25	15	10	12	14	12	10	10	13	11
138	14 32	25	15	10	12	14	12	10	10	13	11
139	13 31	25	15	10	11	14	12	10	11	14	11
140	13 30	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
142	13 31	25	15	10	11	14	12	10	11	14	11
143	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
144	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
145	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
146	13 30	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
147	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
148	13 30	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
149	13 31	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
150	13 31	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
151	13 31	25	15	10	11	14	12	10	10	14	11
152	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
153	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
154	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
155	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
156	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
157	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
158	13 31	25	16	10	11	14	12	10	10	14	11
159	13 31	25	15	10	11	15	12	10	10	14	11
160	13 30	23	16	10	11	14	12	10	10	13	11
161	13 30	23	16	10	11	14	12	10	10	13	11
162	13 30	24	16	10	11	11	12	10	10	13	11

163	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30										
164	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30										
165	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30										
166	13	24	16	10	11	14	12	10	9	13	11
	30										
167	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
168	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
169	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
170	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
171	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
172	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
173	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
174	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
175	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
176	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
177	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
167	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
179	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
180	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
181	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
182	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
183	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
184	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
185	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
186	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
187	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
188	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										

189	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
190	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
191	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
192	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
193	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
194	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
195	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
196	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
197	13	24	16	10	12	14	12	10	10	13	11
	30										
198	13	25	15	10	11	11	12	10	10	14	11
	31										
199	13	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
200	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
201	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
202	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	31										
203	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
204	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
205	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	12
	30										
208	13	24	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	32										
209	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
210	13	24	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
212	13	24	16	10	11	15	12	10	10	13	11
	30										
213	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
214	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
215	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
216	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
217	13	25	17	10	11	14	12	10	10	14	11
	31										

218	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
219	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
220	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
221	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
222	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
223	13	25	17	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
231	13	25	16	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										
Add1	13	25	17	10	11	13	12	10	11	13	11
	30										
Add2	14	25	15	10	11	14	12	10	10	13	11
	30										

Irish Haplotypes and Haplogroups

Anatole A. Klyosov

Newton, Massachusetts 02459, aklyosov@comcast.net

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

The following letter has recently appeared in one on the international Forums on DNA genealogy:

Sent: May, 11, 2010

Subject: [DNA] Comparing Irish Clades

Has anyone compared any of the recognized Irish clades - NWI, South Irish, Type III, to see how long ago they would have had a common ancestor?? I know these three are not the only ones, but they may be the largest.

What would be an appropriate methodology - would you use the modal haplotype for each or take a selection of members of the clades. Would you compare each to the other separately or all three together?

I know choice of mutation rates and years per generation and which loci are chosen will make a difference - perhaps a considerable one - but even the relativity of age would be interesting. Which is the youngest, I wonder?

Thanks for any advice.

In two days a new letter appeared:

Sent: May 13, 2010

Subject: Re: [DNA] Comparing Irish Clades

I've received no response to my note below, which I gather means no one thinks my idea is a good one. Can someone perhaps explain the folly of my approach and suggest some other way to investigate the concept?

Thank you.

A few rather passive comments have appeared since then, with no any really positive information.

Here it is.

-- North Western Irish, aka R1b1b2-M222, aka R1b1b2-a1a2f2,
base (ancestral) haplotype

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17 -
11 11 19 23 17 16 18 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 21 23 16 10 12 12
16 8 12 25 20 13 12 11 13 11 11 12 12

The common ancestor lived 1450±160 years before present.

-- Irish Type III, aka R1b1b2-L226, aka R1b1b2-a1a2f4,
base (ancestral) haplotype

13 24 14 11 11 14 12 12 11 13 13 29 - 17 8 9 11 11 25 15 19 29 13 13 15 17 -
11 11 19 23 15 15 18 17 36 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 15 10 12 12
15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

The common ancestor lived 1325±225 years before present.

-- South Irish, base (ancestral) haplotype

13 24 14 10 11 15 12 12 11 13 13 29 - 17 9 10 11 11 24 15 19 29 15 15 17 17 -
11 11 19 23 15 15 18 17 36 37 13 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 11

The common ancestor lived 1400±190 years before present.

There is one more distinct branch in the Ireland Heritage haplotype tree (see below), of 13 haplotypes, with the base haplotype

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 17 17 -
11 11 19 23 16 15 18 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 11 10 12 23 23 16 10 12 12
14 8 12 22 20 13 13 11 13 11 12 12 12

with a timespan to a common ancestor of 1325±275 years (it looks like it is the Northern Irish branch, though it has to be verified).

It is of a certain interest that all four branches each has a common ancestor of around 1400 years before present, that is in the middle of the 1st millennium AD. Something has happened there. Was it the fall of the Roman Empire which had caused it? They split and moved around to new territories? As it is shown below, all these four lineages, or branches on a haplotype tree, or subclades (though two

of them, South Irish and North Irish, have not any certain SNP assigned to them), descended directly from an R1b1b2 common ancestor who lived around 4000 years before present. It was, apparently, R1b1b2-L21, for which 3725±380 and 4200±350 years before present have been determined earlier (Klyosov, 2010a,b)

Since we know the TMRCA values for all four “clades”, or branches, we can determine a timespan to THEIR common ancestor. The rules of calculations are essentially the same as those published earlier (Klyosov, 2009). For this, we should write down all the four base haplotypes (in this particular case) and summarily count mutations either between them, keeping a number of mutations minimized for each allele, or, if a base haplotype of their common ancestor is known (or deduced), mutations should be counted summarily from it. Then a timespan to THEIR common ancestor should be calculated as it was described in (Klyosov, 2009), however, in this case an average TMRCA for all the four base haplotypes should be added to the calculated value. This operation is not needed when we consider contemporary haplotypes (in this case the average timespan to the contemporary haplotypes is zero, hence, we add zero, if we follow the procedure; for base haplotypes a timespan is not zero, but equals to hundreds and thousands of years). For the R1b1b2 base haplotypes, shown above, the average TMRCA is equal to $(1450+1450+1400+1325)/4 = 1406$ years, or approximately 1400 years.

Compared to the “R1b1b2 European Base Haplotype”

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 –
 11 11 19 23 15 15 18 17 36 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

(which is loosely called “Atlantic Modal Haplotype”, though typically for its 12-marker variant), all four base haplotypes have accumulated 7 mutations in the first 12 marker panel, 21 mutations in the 25 marker panel, 33 mutations in the 37 marker panel, and 45 mutations in all 67 markers (mutations are marked)

13 **25** 14 11 11 **13** 12 12 12 13 **14** 29 – 17 9 10 11 11 25 15 **18 30** 15 **16 16** 17 –
 11 11 19 23 **17 16** 18 17 **38 39** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 **21** 23 16 10 12 12
16 8 12 **25** 20 13 12 11 13 11 11 12 12

13 24 14 11 11 14 12 12 **11** 13 13 29 – 17 **8 9** 11 11 25 15 19 29 **13 13 15** 17 –
 11 11 19 23 15 15 18 17 36 38 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 **15** 10 12 12
 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

13 24 14 **10** 11 **15** 12 12 **11** 13 13 29 – 17 9 10 11 11 **24** 15 19 29 15 15 17 17 –
11 11 19 23 15 15 18 17 36 **37** **13** 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 **11**

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 – 17 9 10 11 11 25 15 19 **30** 15 15 17 17 –
11 11 19 23 **16** 15 18 17 **38** **39** 12 12 – 11 9 15 16 8 10 10 8 **11** 10 12 23 23 16 10 12 12
14 8 12 22 20 13 **13** 11 13 11 **12** 12 12

This gives 3575 years from their common ancestor calculated per 12-markers, 4650 years (per 25-markers), 3950 years (per 37 markers) and 3525 years (per 67 markers), 3925±400 years on average. As it was mentioned above, TMRCA of R1b1b2-L21 in Europe is in the range of 3725±380 and 4200±350 years before present (Klyosov, 2010a,b), hence, a good fit.

If we count mutations between the above four haplotypes, without comparing them to the base European R1b1b2 haplotype, the number of “minimized” mutations are 7 mutations in the first 12 marker panel, 21 mutations in the 25 marker panel, 33 mutations in the 37 marker panel, and 45 mutations in all 67 markers, that is exactly the same mutational differences as above.

Now, let us consider how we obtained those base haplotypes for four clades (branches) and a number of mutations for each of them. There are two principal ways to go – either to have a list of haplotypes typed for the respective SNPs, or to identify the respective branches on a haplotype tree. We have explored both of those methodologies.

Fig. 1 shows the Irish Heritage 67 marker haplotype tree (1036 haplotypes) in which said four subclades were located.

The location has been done by consideration of distinct branches of the tree. For example, the very upper left-hand side part of the tree contains a branch shown in Fig. 2. This branch can be tentatively assigned to Northern Ireland, based on some information presented in the Project

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

The branch is obviously “young”. All 13 haplotypes contain 30 mutations in the first 25 markers from their base haplotype (shown above), which gives $30/13/0.046 = 50$ generations without correction for back mutations, or 53 generations with the correction (Klyosov, 2009), that is 1325±275 years to their common ancestor. The branch is also small, 13 out of 1036 Irish haplotypes is merely 1.25%.

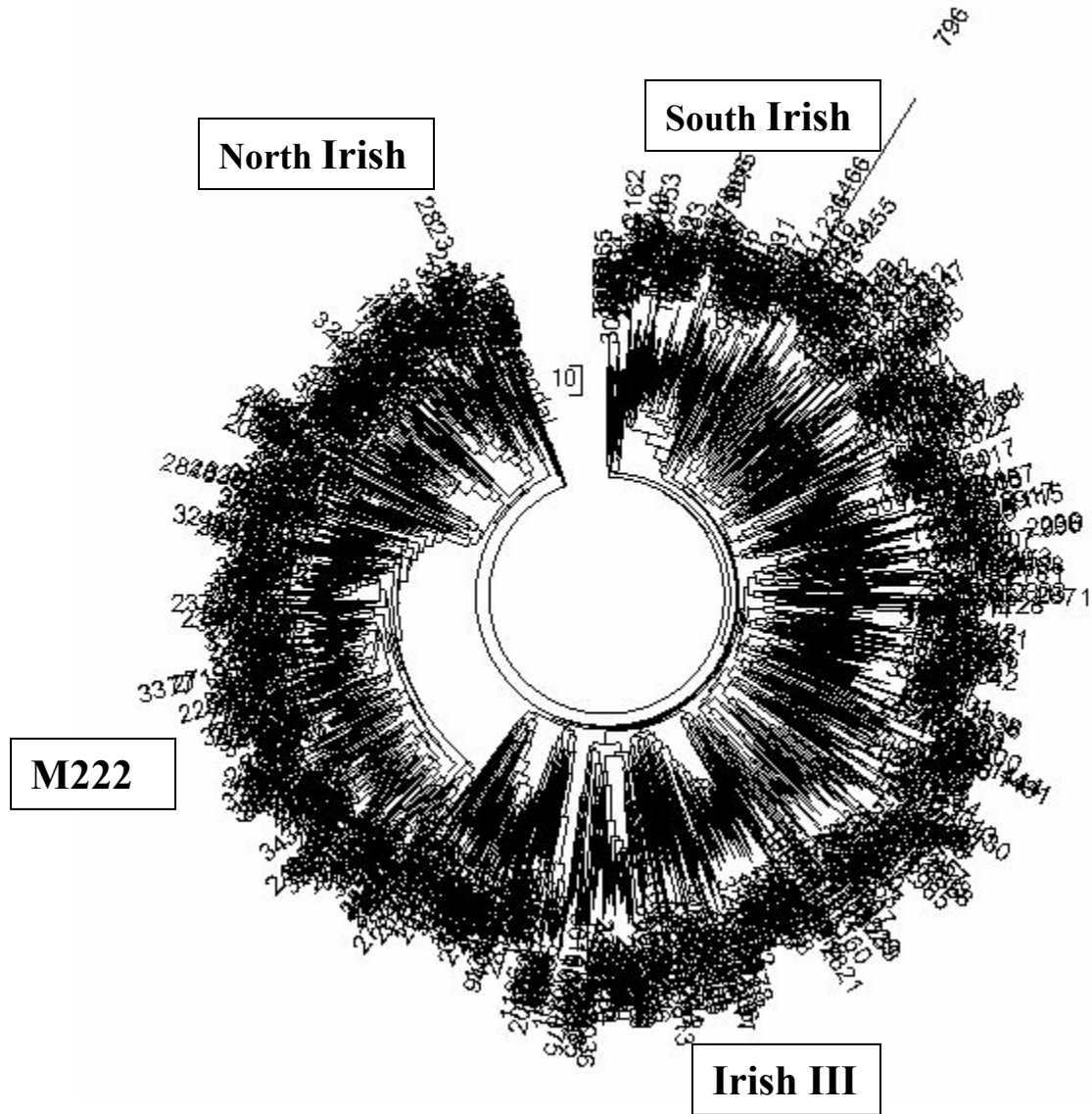


Fig. 1. A 67-marker haplotype tree for 1036 haplotypes (mainly subclades of R1b1b2) of the Ireland Heritage project
<http://www.familytreedna.com/public/IrelandHeritage/default.aspx>
 The outlier 796 belongs to R1b1 haplogroup. Branches for four clades described in the text are indicated.

The next, very small branch consists of only seven haplotypes, as can be clearly seen in Fig. 2 (between haplotypes 3019 and 1521), however, according to the Heritage Project data, the outlying 3019 was typed as R1b1b2-SRY2627, that is M167, R1b1b2-a1a2c, a downstream of P312, while the remaining six haplotypes were either L21 (3083, 3212, and, presumably, 2381), or undertyped, being assigned to

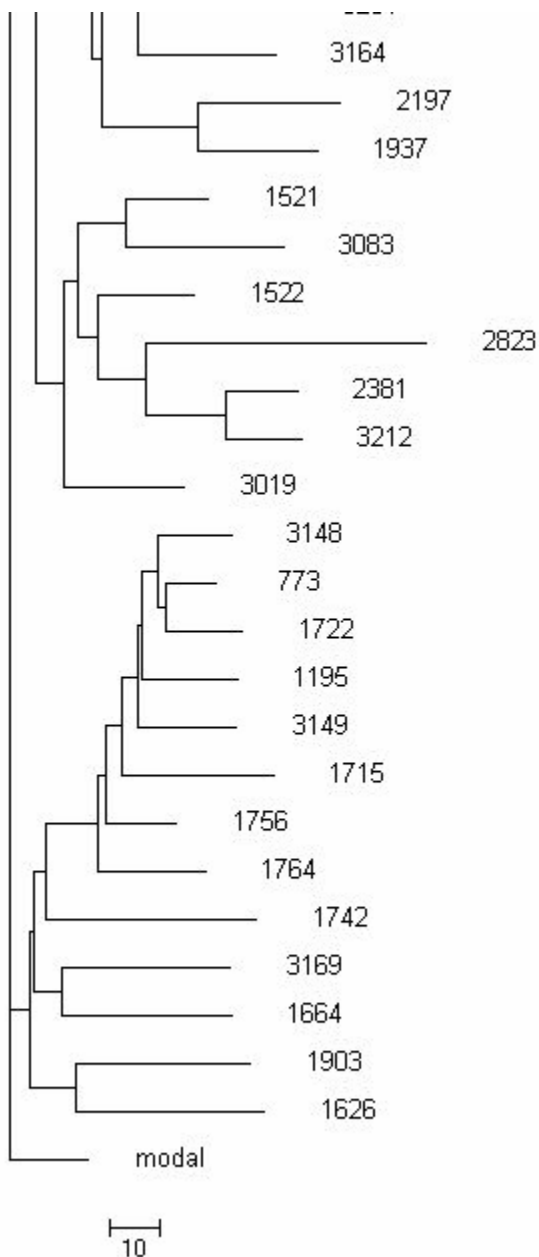


Fig. 2. A fragment of the 67-marker haplotype tree in Fig. 1, showing a distinct branch of 13 haplotypes, between haplotypes 3148 and 1626. Most of the 13 haplotypes in the Project are not assigned to a certain territory, however, some of them point at Northern Ireland.

R1b1b2 only (1521, 1522, 2823), and might have been L21 judging from their positions in the small branch. Those six remaining haplotypes have the following base haplotype:

13 24 14 11 11 **13** 12 12 **11** 13 13 29 - 16/17 9 10 11 11 25 15 19 29/30 15 15 17 17 -
 11 11 19 23 15 15 **19** 17 **37/38** 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 22/23 23
 15/16 10 12 12 **16** 8 12/13 22 20 **12** 12 11 13 11 11 12 12

Due to a small number of haplotypes in the branch, some base alleles are unresolved, when they contain, say, three alleles of 16 and three 17, as in DYS458. All $67 \times 6 = 402$ markers contained 69 mutations from the above base haplotype, which gives $69/402/0.00216 = 79$ generations without a correction for back mutations, or 86 generations with the correction (Klyosov, 2009), that is 2150 ± 340 years from a common ancestor. It is likely a descending branch from (or within) the L21 subclade, which itself is 3725 ± 380 years "old". Mutational differences in the base haplotype of the branch compared to the European R1b1b2 Base Haplotype are marked in bold. There are 9 of them. Since the L21 subclade has exactly the same 67 marker base haplotype (Klyosov, 2010b), those nine mutations place a common ancestor of L21 and this small branch of 6 haplotypes to 3760 years before present, that is practically exactly 3725 ± 380 years, the "age" of L21. This means that this small branch very likely descended from the L21 common ancestor with the branch's common ancestor having 9 mutations in its haplotype. His six likely descendants either do not have territories assigned or have US-based data, which is of little help with assigning the branch origin to a certain territory. It might have its own subclade, not yet identified.

Let us consider a large branch of the tree in Fig. 1, marked as M222. It contains 257 haplotypes, that is 25% of the all 1036 Irish haplotypes of the tree, and has the following base haplotype:

13 **25** 14 11 11 **13** 12 12 12 13 **14** 29 - 17 9 10 11 11 25 15 **18 30** 15 **16 16** 17 -
 11 11 19 23 **17 16** 18 17 **38 39** 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 **21** 23 16 10 12 12
16 8 12 **25** 20 13 12 11 13 11 11 12 12

Its mutational differences with that of the European R1b1b2 Base Haplotype (aka R-L21, R-P312, and R-U152 with only one mutation on 67 markers) are marked, there are 19 of them in all 67 markers. The size and shape of the M222 branch can be seen in Fig. 3. It shows how the branch stems from the "trunk" of the tree and expands to more and more mutation haplotypes with time. The branch contains 89 base (that is identical) 12-marker haplotypes and 18 base 25-marker haplotypes. This gives $[\ln(257/89)]/0.022 = 48$ generations without a correction, or 51 generations with the correction for back mutations, that is 1275 ± 185 years to a common ancestor of the branch. Based on 25-marker haplotypes, without mutation counting, it gives $[\ln(257/18)]/0.046 = 58 \rightarrow 62$ generations, that is 1550 ± 400 years from the common ancestor, which is within the margins of error.

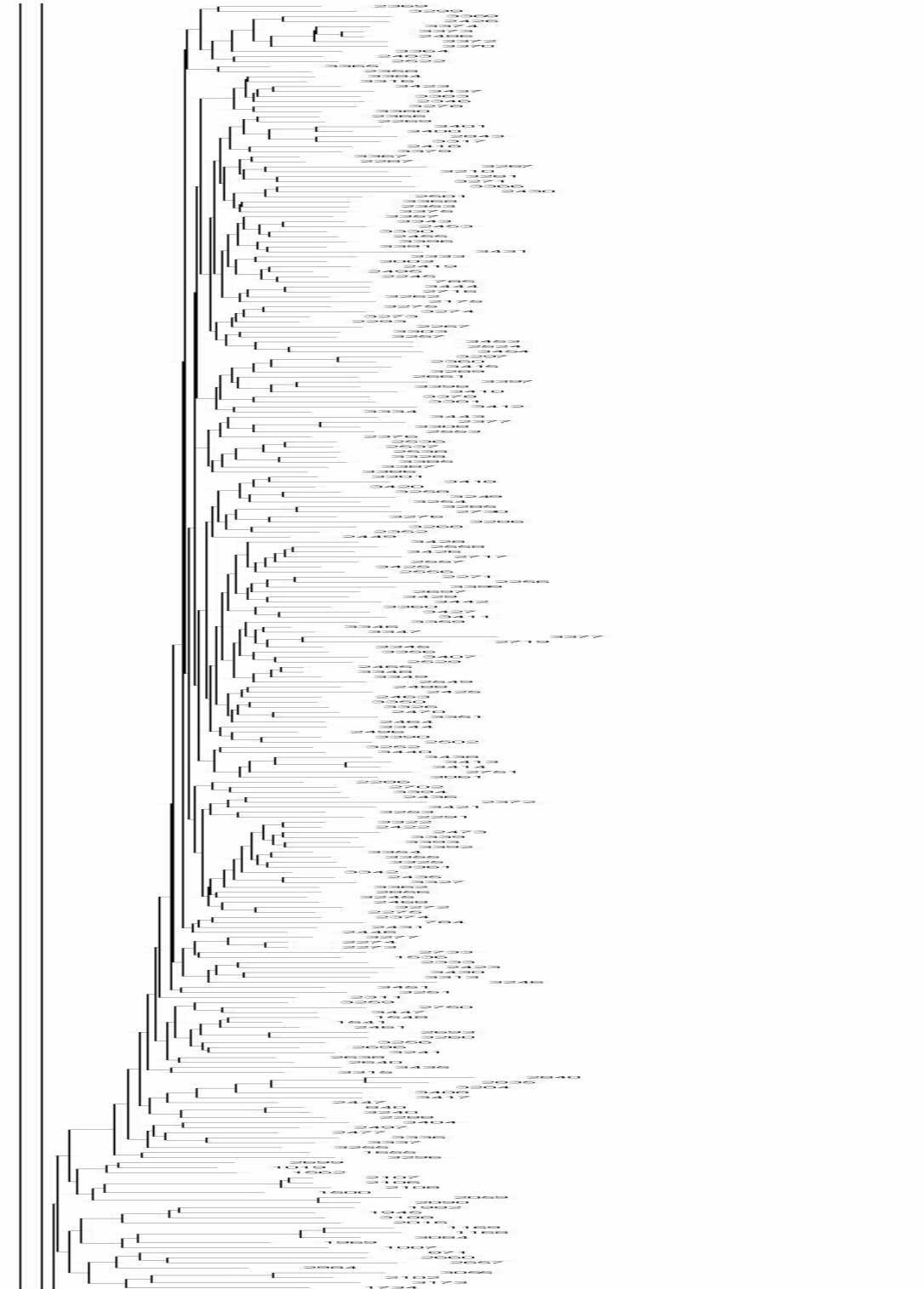


Fig. 3. M222 67 marker haplotype branch (257 haplotypes) from the Irish Heritage tree, shown in Fig. 1.

In order to verify the obtained figures, we have considered an independent list of 67 marker haplotypes, typed for the M222 subclade. In fact, I have considered first a list containing 18 of 25-marker M222 haplotypes (Fig. 4) [only 13 of 67-marker haplotypes were available that time], and then lists of 155, 172, and 266 of 67-marker haplotypes. Data obtained show a power of calculations of timespans for series of haplotypes even in rather small datasets. The 67-marker lists were provided by Michael Walsh, administrator of R-L21Plus Project <http://www.familytreedna.com/public/R-L21/default.aspx>

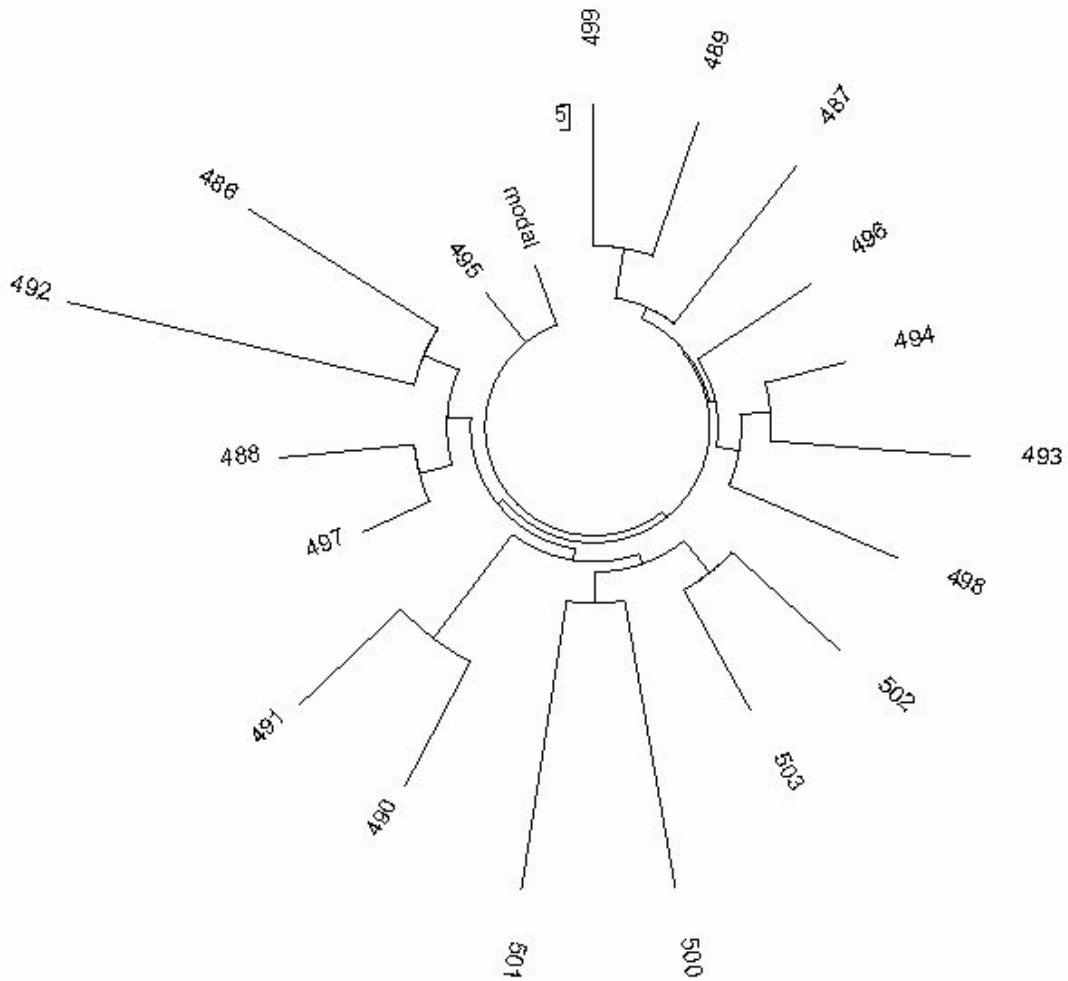


Fig. 4. A 25-marker haplotype tree for 18 of M222 haplotypes, the source of haplotypes was <http://www.familytreedna.com/public/R-L21/default.aspx>.

All 18 of 25-marker haplotypes contain 47 mutations from the M222 base haplotype in the dataset (see above the 67 marker base haplotype)

13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17

(the base haplotype is number 495 in the Fig. 4, on the top of the tree)

which gives $47/18/0.046 = 57 \rightarrow 61$ generations (with a correction for back mutations), that is 1525 ± 270 years to a common ancestor of those 18 individuals. If there was indeed one common ancestor for the whole 18-haplotype dataset, the tree should contain x base haplotypes, where x can be determined from the formula $[\ln(18/x)]/0.046 = 57$, and x here is 1.3. Indeed, there is only one base haplotype on the tree.

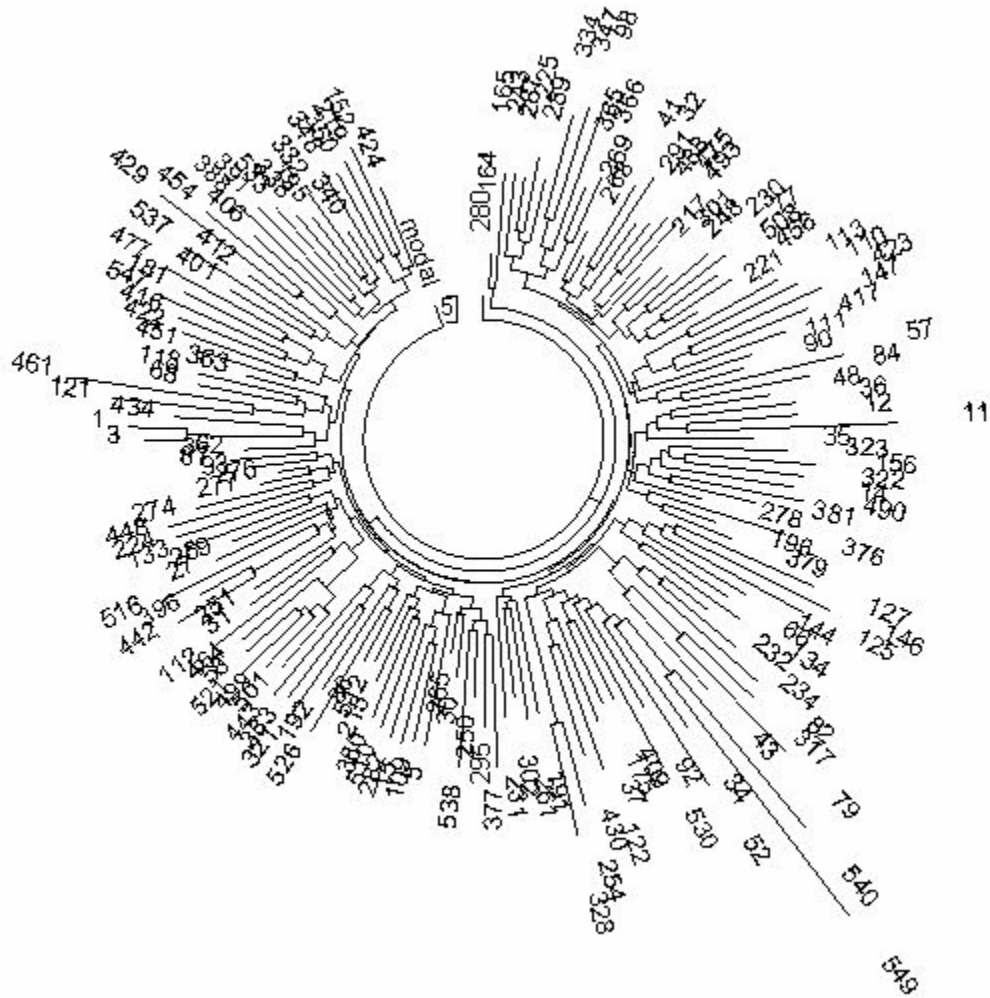


Fig. 5. A 67-marker haplotype tree for 155 of M222 haplotypes, the source of haplotypes was <http://www.familytreedna.com/public/R-L21/default.aspx>, provided by the Project administrator Michael Walsh.

The next step was a consideration of 155 of M222 haplotypes from L21Plus Project (see above), in October 2009. The tree is shown in Fig. 5. All 155 haplotypes contained 432 mutations in the first 25 markers, which corresponds to 1625 ± 180 years to a common ancestor. As one can see, it is practically the same 1525 ± 270 years, obtained with only 18 haplotypes. The whole 155 haplotype set contains 48 base 12-marker haplotypes, which gives $[\ln(155/48)]/0.022 = 53 \rightarrow 56$ generations to a common ancestor, that is 1400 ± 245 years. Again, it is within margin of error, which shows that the whole 155-haplotype set descended from one common ancestor. It does not matter one counts mutations or base haplotypes, they both accumulate (mutations) or disappear (base haplotypes) following the same rules of chemical kinetics. There are 14 base 25-marker haplotypes in the 155-haplotype series, which gives $[\ln(155/14)]/0.046 = 52 \rightarrow 55$ generations, that is 1375 ± 390 years to the common ancestor. Again, it is the same figure withing margin of error.

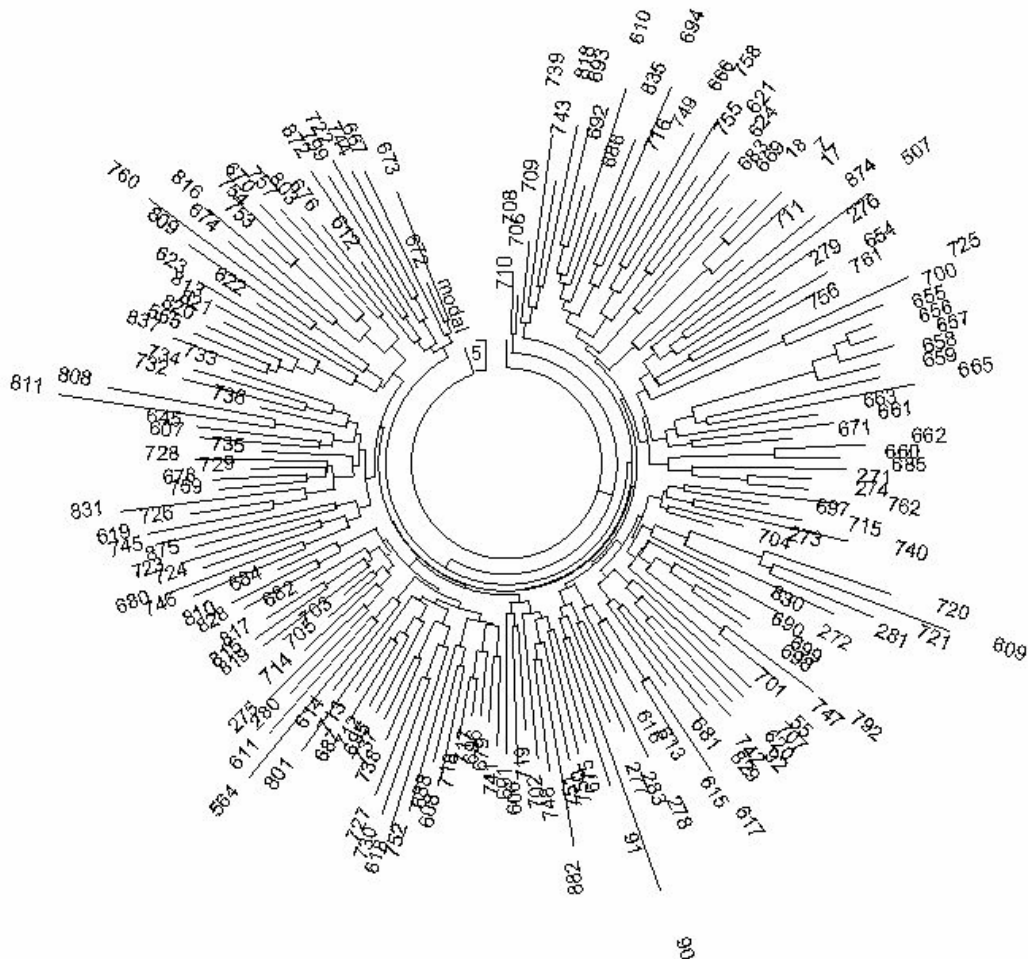


Fig. 6. A 67-marker haplotype tree for 172 of M222 haplotypes, the source of haplotypes was <http://www.familytreedna.com/public/R-L21/default.aspx>, provided by the Project administrator Michael Walsh.

Recently, in April of 2010, a list of 172 of M222 67-marker haplotypes became available (Fig. 6), and immediately after it a new updated version of 266 M222 haplotypes has appeared (Fig. 7).

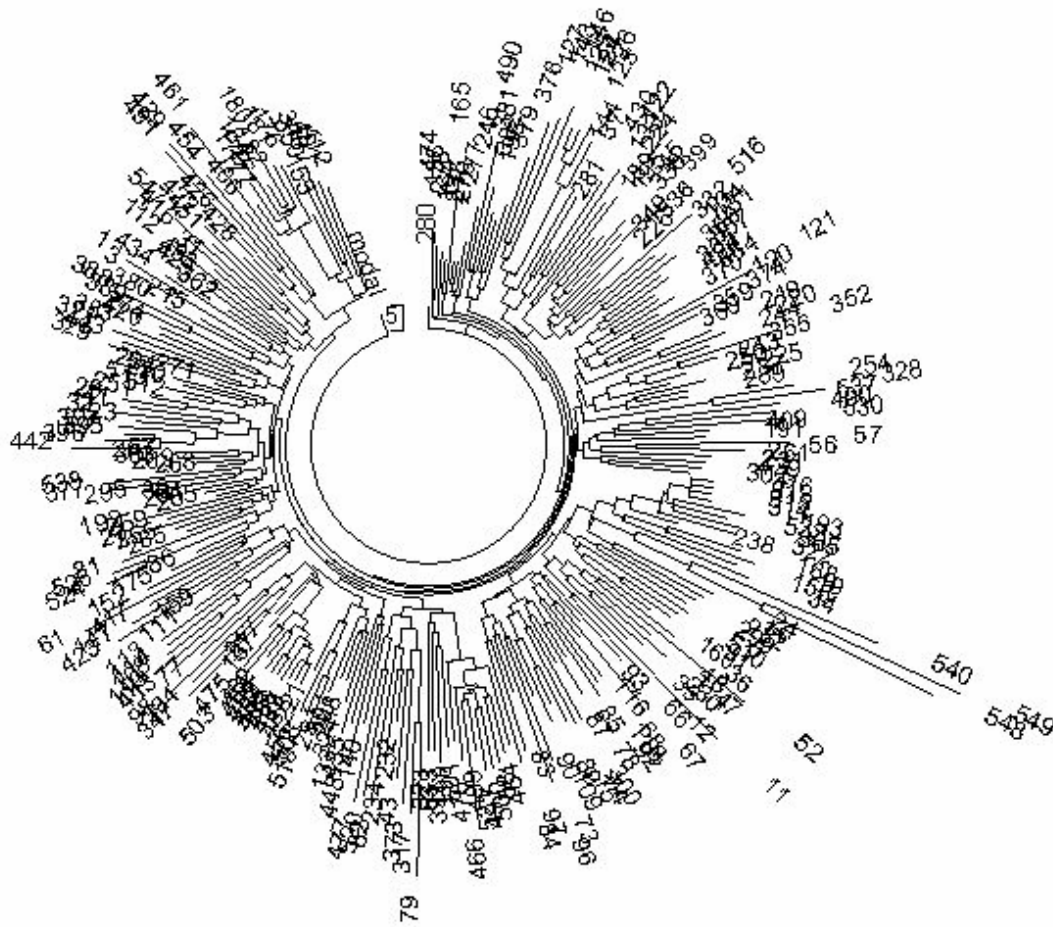


Fig. 7. A 67-marker haplotype tree for 266 of M222 haplotypes, the source of haplotypes was <http://www.familytreedna.com/public/R-L21/default.aspx>, provided by the Project administrator Michael Walsh.

Base 67 marker haplotypes for all these series were identical, and shown above.

All 172 haplotypes contained 462 mutations in their first 25 markers, which corresponded to 1575 ± 170 years to a common ancestor of M222.

Finally, with 266 of M222 67-marker haplotypes, the whole dataset contained 80 of 12-marker base haplotypes and 22 of 25-marker base haplotypes, and the 266 of 25-marker panels contained 667 mutations. This all gives:

$[\ln(266/80)]/0.022 = 55 \rightarrow 58$ generations, that is 1450 ± 220 years,
 $[\ln(266/22)]/0.046 = 54 \rightarrow 57$ generations, that is 1425 ± 340 years,
 $667/266/0.046 = 55 \rightarrow 58$ generations, that is 1450 ± 160 years

As one can see, this is practically absolute reproducibility for the “age” of M222 common ancestor. The data are summed up in Table 1, to illustrate a reproducibility of calculations in a rather wide range of haplotype datasets and employing the logarithmic and the linear methods of calculations.

Table 1.
Results of calculations of a timespan to a common ancestor for different datasets of R1b1b2-M222 haplotypes.

Number of haplotypes in a branch (Fig. 1, 3) or in a dataset with typed M222	Number of mutations in the first 25 markers in the dataset	Number of base haplotypes in the dataset (base-12 and base-25 correspond to 12- and 25-marker panels)	Timespan to a common ancestor of the M222 population
18	47	--	1525 ± 270
155	432	--	1625 ± 180
same	--	48 (base-12)	1400 ± 245
same	--	14 (base-25)	1375 ± 390
172	462	--	1575 ± 170
257 (branch, Fig. 1, 3)	--	89 (base-12)	1275 ± 185
same	--	18 (base-25)	1550 ± 400
266	667	--	1450 ± 160
same	--	80 (base-12)	1450 ± 220
same	--	22 (base-25)	1425 ± 340

The average of these ten figures equals to 1465 years, which is practically equal to the most reliable figure of 1450 ± 160 years before present, obtained with the largest dataset (266 haplotypes of M222 subclade).

Let us move to Irish III haplotypes, which belong to subclade L226, that is R1b1b2-a1a2f4, a downstream from L21. Michael Walsh has kindly provided me with a list of 22 haplotypes all of which were typed for L226. The respective haplotype tree is shown in Fig. 8.



Fig. 8. A 67-marker haplotype tree for 22 of L226 haplotypes (“Irish III”), the source of haplotypes was <http://www.familytreedna.com/public/R-L21/default.aspx>, provided by the Project administrator Michael Walsh (April, 2010).

All the 22 haplotypes collectively deviated by 52 mutations in the first 25 markers from the following base L226 haplotype:

13 24 14 11 11 14 12 12 11 13 13 29 - 17 8 9 11 11 25 15 19 29 13 13 15 17 -
 11 11 19 23 15 15 18 17 36 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 15 10 12 12
 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12

This results in 1325 ± 225 years to a common ancestor of the sampled population.

At the same time, in April 2010, Dennis Wright, www.irishtype3dna.org, has kindly provided me with a list of 146 of 67-marker haplotypes assigned to Irish III series. The tree is shown in Fig. 9.

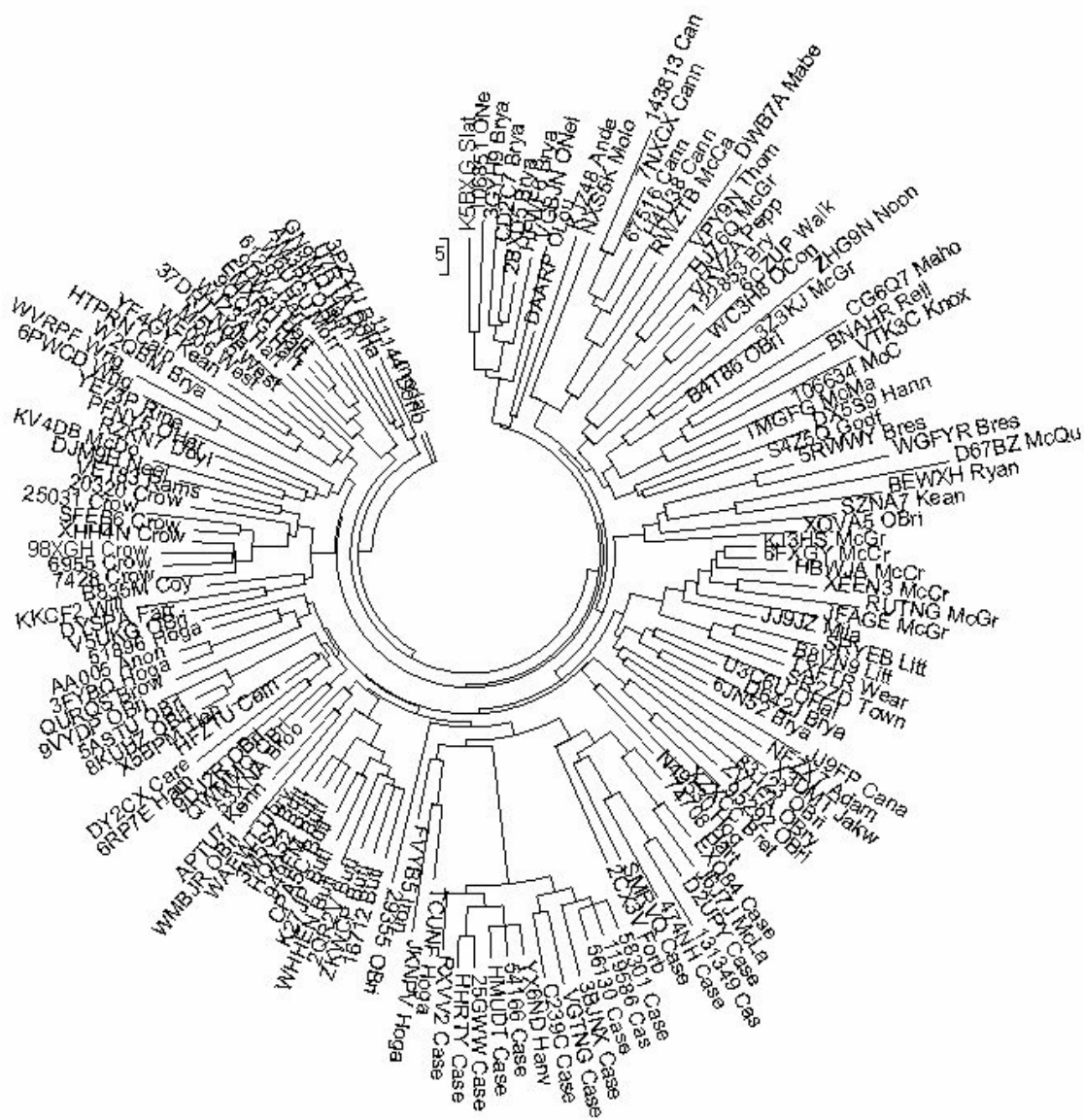


Fig. 9. A 67-marker haplotype tree for 146 of L226 haplotypes ("Irish III"), the source of haplotypes was <http://www.Irishtype3dna.org>, provided by Dennis Wright (April, 2010).

A 67-marker base haplotype of the tree was exactly as the L226 base haplotype shown above. There were 301 mutations in the first 25 markers in all 146

haplotypes, which placed the common ancestor of the population at 1175 ± 135 years before present. It is within margin of error with 1325 ± 225 years before present for the above 22 haplotypes typed for L226 in the cited Project.

One more approach employed the Ireland Heritage haplotype tree, shown in Fig.1. Using the base haplotype of L226 subclade as a “probe”, the respective branch was identified on the tree (Fig. 10), and the calculations have shown that the base haplotype of the branch was identical to the 67 marker base haplotype of Irish III clade (L226), see above. The respective tree is shown in Fig. 11.

All 27 haplotypes of the branch contained 67 mutations from the base haplotype, shown above, which resulted in 1425 ± 225 years to a common ancestor. The data are summarized in Table 2.

Table 2.
Results of calculations of a timespan to a common ancestor for different datasets of R1b1b2-L226 haplotypes (Irish III).

Number of haplotypes in a branch (Fig. 1, 3) or in a dataset with typed M226	Number of mutations in the first 25 markers in the dataset	Number of base haplotypes in the dataset (base-12 and base-25 correspond to 12- and 25-marker panels)	Timespan to a common ancestor of the M226 population
22	52	--	1325 ± 225
146	301	--	1175 ± 135
Same	--	73 (base-12)	825 ± 125
Same	--	32 (base-25)	850 ± 170
27 (branch, Fig. 1, 10)	67	--	1425 ± 225

The fact that the common ancestor came as “younger” by logarithmic method compared with the linear method likely means that the 146 haplotype dataset contains a rather significant admixture of related haplotypes of a younger “age”, that is from a rather recent common ancestor. This is obviously a separate branch in the lower part of the tree, with identical last names of the haplotype bearers.

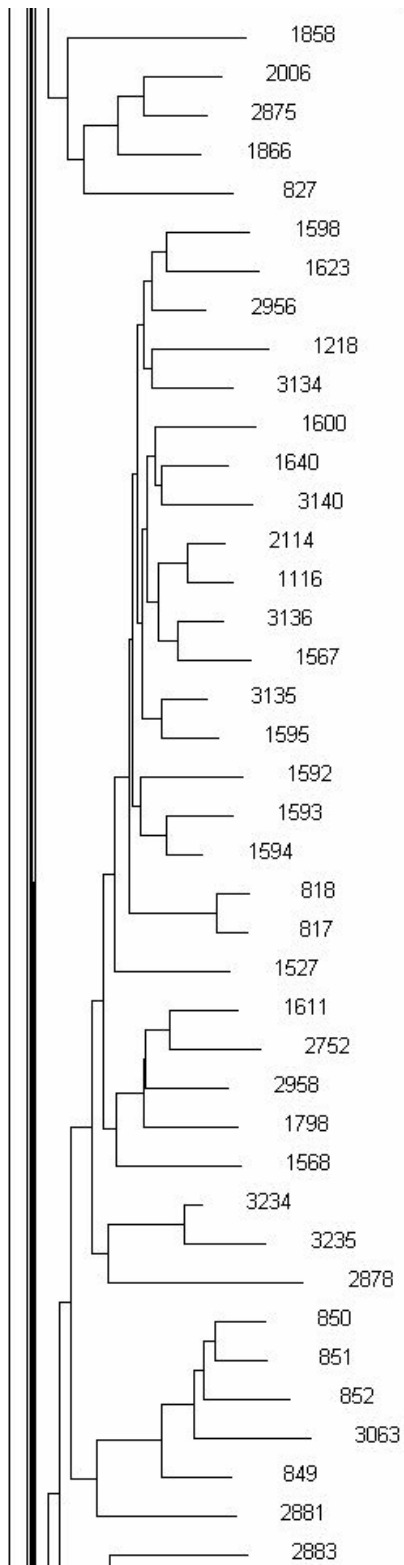


Fig. 10. A fragment of the 67-marker haplotype tree in Fig. 1, showing a distinct Irish III (presumably L226) branch of 28 haplotypes, between haplotypes 1598 and 2878.

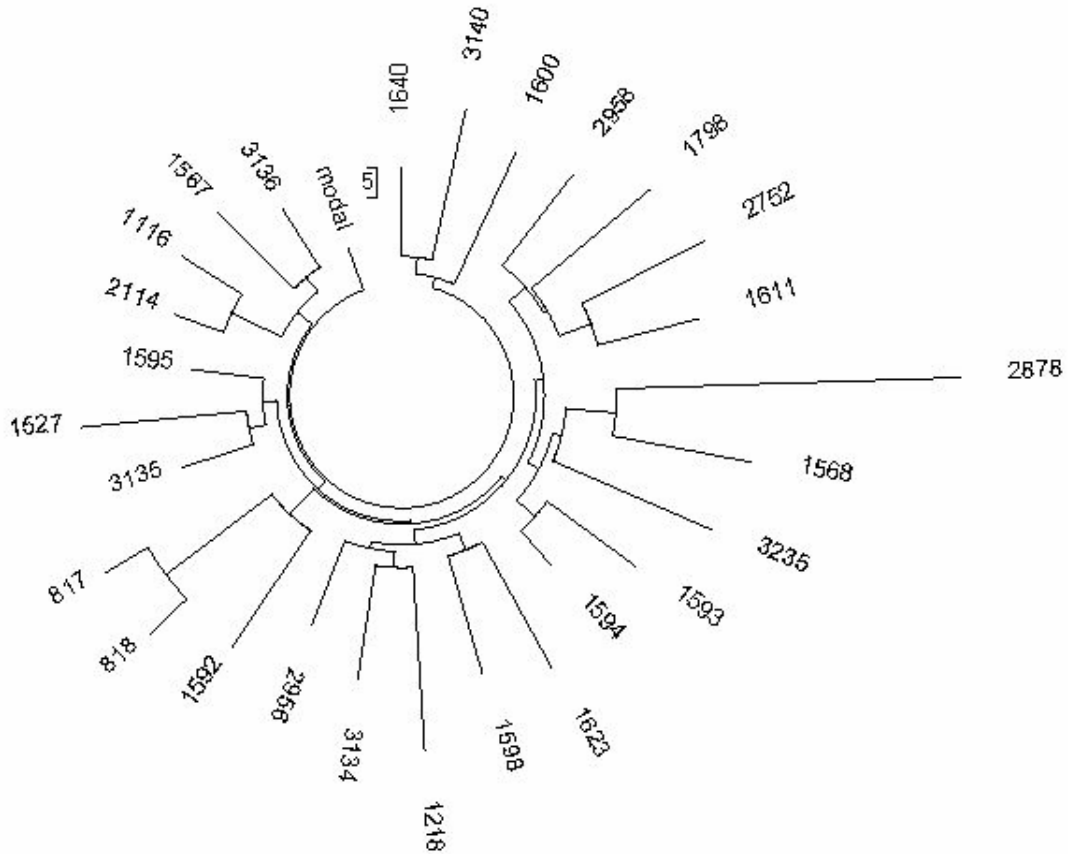


Fig. 11. A 67-marker haplotype tree for 27 of “Irish III” haplotypes (presumably L226) forming a distinct branch on the Ireland Heritage haplotype tree (see Fig. 1 and 10). The tree consists of 27 haplotypes, since haplotype 3234 was incomplete (some alleles were missing), and it was removed from further considerations.

Using the same methodology, the “South Irish” branch was identified in the Ireland Heritage haplogroup tree (Fig. 1, 12). The base haplotype of the branch was as follows:

13 24 14 10 11 15 12 12 11 13 13 29 - 17 9 10 11 11 24 15 19 29 15 15 17 17 -
 11 11 19 23 15 15 18 17 36 37 13 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12
 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 11

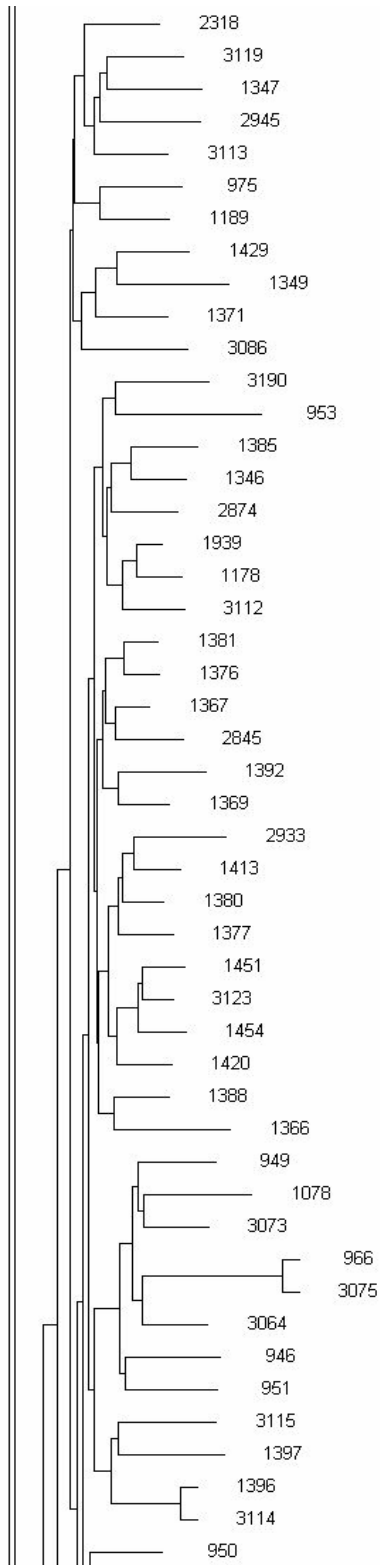


Fig. 12. A fragment of the 67-marker haplotype Ireland Heritage tree in Fig. 1, showing a distinct “South Irish” branch of 48 haplotypes, between haplotypes 2318 and 3114.

All 48 haplotypes contained 118 mutations from the base haplotypes in the first 25 markers, which resulted in 1400 ± 190 years to a common ancestor of the population. There are five of 25-marker base haplotypes in the dataset, which gives $[\ln(48/5)]/0.046 = 49 \rightarrow 52$ generations to the common ancestor, that is approximately 1300 years. This again is within margin of error with 1400 ± 190 calculated by counting mutations in haplotypes.

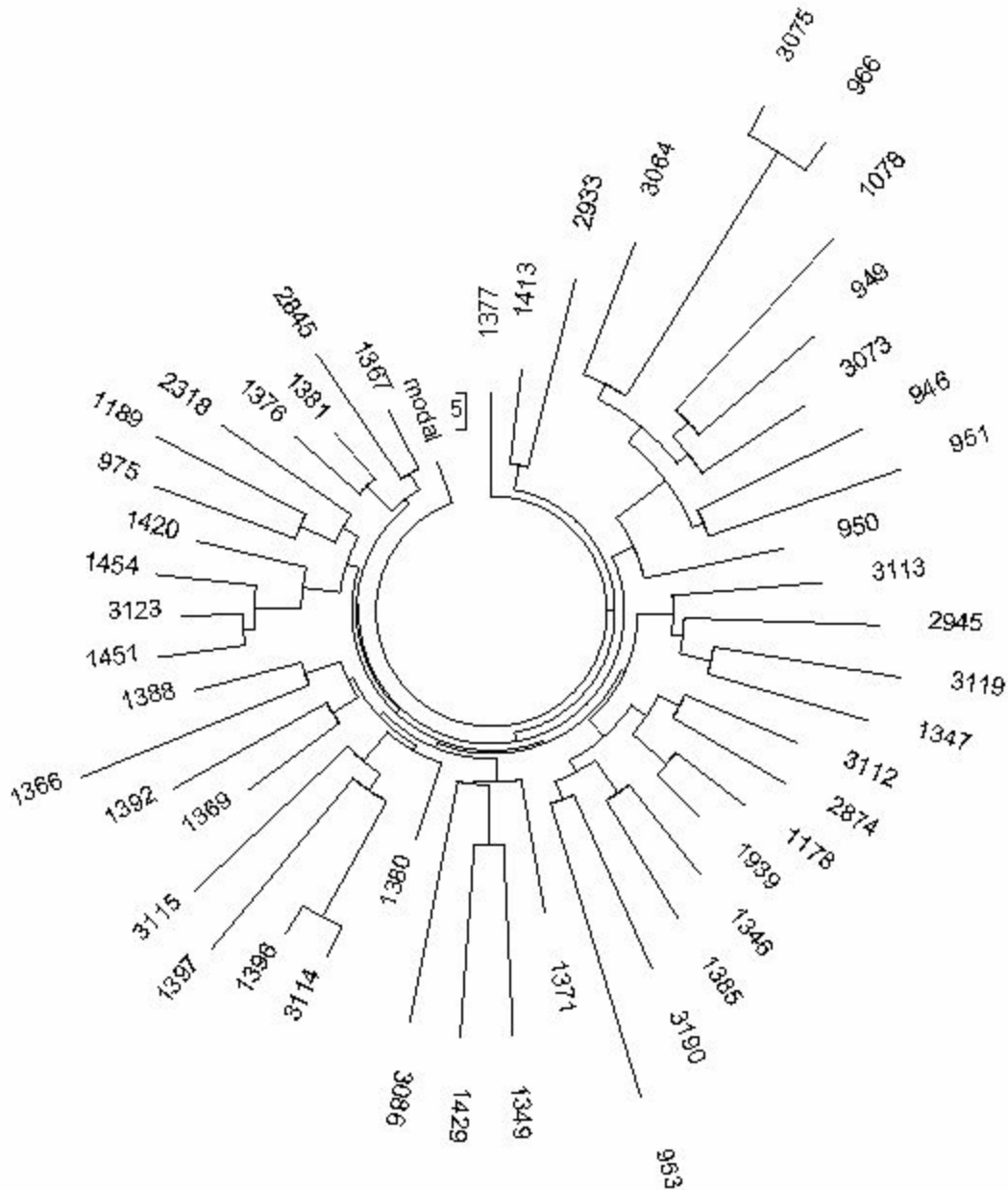


Fig. 13. A 67-marker haplotype tree for 48 of “South Irish” haplotypes forming a distinct branch on the Ireland Heritage haplotype tree (see Fig. 1 and 12).

Fir. 14 shows a haplotype tree of 67-marker haplotypes of the “Scottish Borders” series. It is obvious that the tree is rather complicated and reflects a number of lineages (branches). For example, a left-hand branch containing DYS385=11,11 has the following base haplotype

13 24 14 11 11 **11** 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 **30 14** 15 17 17 -
 11 11 19 23 **16 16 17 17 38 39** 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 **11** 10 12 23 23 16 10 12 12
14 8 12 22 20 13 **13 8 13 12 12** 12 12

(in which deviations from L21 and P312 are marked, amounted to as many as 19 mutations in 67-marker base haplotypes [equivalent to the total of 3750 years between their common ancestors]), which the rest of the tree has mainly DYS385=11,14 (one 11,13, one 11,15 and 99 of 11,14, that is 98% of the total in the rest of the tree), with a base haplotype

13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 -
 11 11 19 23 **16 16** 18 17 **38 40** 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 **11** 10 12 23 23 16 10 12 12
14 8 12 22 20 13 **13 11 13 12 12** 12 12

Since there was no any DYS385=11,12 and very few 11,13, these two datasets (11,11 and 11,14) represent two different lineages, which were split some time back, went through a population bottleneck, largely (or completely) lost a population of DYS385=11,12, and became two separate (in terms of their alleles) populations. Time, when their common ancestor lived, is calculated below. Since the both “Scottish Borders” datasets (with DYS385 11,11 and 11,14) include L193+ SNPs, the split between the 11,11 and 11,14 lineages occurred within R1b1b2-L193 subclade.

The second base haplotype (DYS385=11,14) is closer to the base L21/P312 haplotype, with 11 mutations in 67-marker haplotype (equivalent to the total of 2075 years between their common ancestors), and the two “Scottish Borders” base haplotypes have 10 mutations between each other (equivalent to the total of 1850 years between their common ancestors).

All available 27 of 25-marker haplotypes of the DYS11,11 lineage contained only 38 mutations from their base haplotype, which gives 800±150 years to their common ancestor. In the 67-marker format only 7 haplotypes are available, with only 25 mutations per 469 alleles, which gives 650±145 years to a common ancestor, which is within the margin of error of the calculations.

The separate dataset of 145 of 25-marker haplotypes, with 142 of DYS385=11,14 haplotypes two DYS385=11,13 and one DYS385=11,15, contains 305 mutations from the base haplotype, shown above, which gives $305/145/0.046 = 46 \rightarrow 48$ generations (with correction for back mutations), that is 1200 ± 140 years to a common ancestor. Since the two lineages, DYS385 = 11,11 and 11,14, are separated by 1850 years between their common ancestors, THEIR common ancestor lived approximately $(1850+800+1200)/2 = 1925$ years before present, at the beginning of AD. Regarding their position with respect to a common ancestor of the L21 subclade, THEIR common ancestor lived $(3750+3725+800)/2 = 4100$ (for L21 and the lineage of DYS385=11,11 of "Scottish Borders"), and $(2075+3725+1200)/2 = 3500$ years (for L21 and the lineage of DYS385=11,14 of "Scottish Borders") before present. This is actually the L21 common ancestor himself, since he lived 3725 ± 380 years before present (Klyosov, 2010b, see also Table 3 below).

In conclusion, Table 3 contains the most reliable timespans to common ancestors of several Irish R1b1b2 clades/branches, along with their 67 marker base haplotypes.

Table 3
A summary of data on several Irish R1b1b2 clades/branches of a haplotype tree, and their ancestral haplotype (the European R1b1b2 Base Haplotype)

Subclade and its base haplogroup	A timespan to a common ancestor, years before present
<p style="text-align: center;">P312, L21</p> <p>13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 - 11 11 19 23 15 15 18 17 36 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12</p>	<p style="text-align: center;">Between 3900 and 4500</p> <p>(4175±430 for U106 - slightly mutated) 3950±400 for P312 4125±450 for U152 (slightly mutated) 4225±450 for L2 (slightly mutated) 4300±610 for L20 (slightly mutated) 3725±380 for L21</p>
<p style="text-align: center;">M222 (25% of total)</p> <p>13 25 14 11 11 13 12 12 12 13 14 29 - 17 9 10 11 11 25 15 18 30 15 16 16 17</p>	<p style="text-align: center;">1450±160</p>

<p>11 11 19 23 17 16 18 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 21 23 16 10 12 12 16 8 12 25 20 13 12 11 13 11 11 12 12</p>	
<p>L226 ("Irish III") (2.6% of total)</p> <p>13 24 14 11 11 14 12 12 11 13 13 29 - 17 8 9 11 11 25 15 19 29 13 13 15 17 - 11 11 19 23 15 15 18 17 36 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 15 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 12</p>	1325±225
<p>"South Irish" (4.6% of total)</p> <p>13 24 14 10 11 15 12 12 11 13 13 29 - 17 9 10 11 11 24 15 19 29 15 15 17 17 - 11 11 19 23 15 15 18 17 36 37 13 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 23 23 16 10 12 12 15 8 12 22 20 13 12 11 13 11 11 12 11</p>	1400±190
<p>"North Irish" (1.25% of total)</p> <p>13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 30 15 15 17 17 - 11 11 19 23 16 15 18 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 11 10 12 23 23 16 10 12 12 14 8 12 22 20 13 13 11 13 11 12 12 12</p>	1325±275
<p>Unassigned small branch (0.6% of total)</p> <p>13 24 14 11 11 13 12 12 11 13 13 29 - 16/17 9 10 11 11 25 15 19 29/30 15 15 17 17 - 11 11 19 23 15 15 19 17 37/38 38 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 10 10 12 22/23 23 15/16 10 12 12 16 8 12/13 22 20 12 12 11 13 11 11 12 12</p>	2150±340

<p>“Scottish Borders”, lineage with DYS385=11,11</p> <p>13 24 14 11 11 11 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 30 14 15 17 17 - 11 11 19 23 16 16 17 17 38 39 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 11 10 12 23 23 16 10 12 12 14 8 12 22 20 13 13 8 13 12 12 12 12</p>	<p>800±150</p>
<p>“Scottish Borders”, lineage with DYS385=11,14</p> <p>13 24 14 11 11 14 12 12 12 13 13 29 - 17 9 10 11 11 25 15 19 29 15 15 17 17 - 11 11 19 23 16 16 18 17 38 40 12 12 - 11 9 15 16 8 10 10 8 11 10 12 23 23 16 10 12 12 14 8 12 22 20 13 13 11 13 12 12 12 12</p>	<p>1200±140</p>

Percentage of the branches/clades was calculated with respect to the total 1036 haplotypes in the Ireland Heritage haplotype tree (Fig. 1).

References

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.

Klyosov, A.A. (2010a) Mapping of Europe by R1b1b2-L21 migration times. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 3, No.2, 191-201

Klyosov, A.A. (2010b) Haplogroup R1b. *Proc. Russian Academy of DNA Genealogy* (ISSN 1942-7484), 3, No.2, 249-299.

ПОЛЕМИКА

Еще о ДНК-генеалогии, славянах и индоевропейцах

Анатолий А. Клёсов

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

Как известно, ДНК-генеалогия – новая дисциплина на стыке наук. Требуется время, чтобы «стыковые» науки притерлись друг к другу. Это – всегда болезненный процесс, в ходе которого неизбежно меняются определения, понятия, терминология всех наук – участников «притирки». Одни исследователи относятся к этому с пониманием, с осмыслением, более того – с желанием эти определения и понятия переосмыслить, потому что при этом, как правило, расширяется взгляд и кругозор. Другие же порой устраивают истерику, потому что ничего менять не хотят, переосмысливать тоже. Для них то, что есть, менять нельзя. Даже в рамках другой науки. Они уверены, что это представители новой науки должны непременно подлаживаться, причем не только под определения существующей науки, но и под личное понимание того, кто устраивает истерику. Худшего в науке не бывает, потому что такой подход противопоказан самой науке.

Возьмем, например, терминологию. В ходе развития науки терминология меняется, это обычное дело. То, что раньше казалось общим, становится частным более общего понятия. Особенно когда новые дисциплины привносят новый взгляд на якобы установившиеся понятия. Например, понятие «славяне».

Некоторые нетерпеливые и не выносящие другого мнения свято полагают, что славяне – это исключительно лингвистическое понятие. Что славяне – это исключительно те, кто говорят на славянских языках. Это исключительно те, кого называли «славянами» в книгах первой половины первого тысячелетия нашей эры (хотя называли скорее «словене», но пусть будет так). Да, когда говорят в рамках лингвистических понятий, это, несомненно, так. Но когда солдаты приветствовали друг друга на фронтах прошедшей войны – «привет, славяне», они вряд ли имели в виду лингвистику. Это было скорее хрестоматийное – «мы с тобой одной крови – ты и я». Иначе говоря, речь шла о «происхождении», о «роде» в широком

понимании этого слова, о нации, о братстве. Когда я писал в своем историческом повествовании о детях боярских, и написал, что я – славянин, я вовсе не имел в виду, что разговариваю (и пишу) на русском языке. Что об этом говорить, это и так ясно, поскольку повествование я написал на русском языке. Я имел в виду историческое прошлое, происхождение, негласно подразумевая, что мы все, включая моих прямых предков по мужской линии, родились на Русской равнине, и принадлежим к славянскому роду-племени. Язык здесь вторичное, поскольку тысячелетия назад мои предки не говорили на славянских языках, а предки, несомненно, были. И как я сейчас доподлинно знаю, мои прямые предки по мужской линии все имели гаплогруппу R1a1. В этом контексте – славянскую гаплогруппу. Потому что под славянами я в данном контексте подразумеваю РОД.

Более того, я совсем не собираюсь узурпировать славянский род непременно как R1a1. Именно потому, что славяне – более широкое понятие. И когда солдаты на фронте обращались друг к другу «привет, славяне», они также не имели в виду гаплогруппу R1a1. И в тоже время у меня нет противодействия этому обращению. Те, славяне, вполне могли быть и уральцами гаплогруппы N, и алтайцами гаплогруппы Q, и потомками носителей гаплогруппы I, которых на Русской равнине – примерно пятая часть от всего населения. Как свидетельствую, что я не узурпирую «славянство» только как носителей гаплогруппы R1a1, могу привести названия моих научно-популярных статей – «Гаплотипы угрофинских русских (северных) славян: семь племен» (Вестник Российской академии ДНК-генеалогии, 2009, март, том 2, № 3, стр. 370-389), и «Гаплотипы южных и балтийских русских славян: четверо племен» (Вестник Российской академии ДНК-генеалогии, 2009, август, том 2, № 5, стр. 801-854).

Для лингвиста славяне – это носители группы славянских языков, датированных началом, а то и серединой 1-го тысячелетия нашей эры. Для историка, занимающегося славянами – те же времена. Для специалиста в ДНК-генеалогии – это и предки славян, в том числе и далекие предки славян, носители гаплогруппы R1a1 – восточные славяне, I1 и I2 – западные и южные славяне, N1c – северные славяне, они же уральские, сибирские и алтайские – там жили их предки тысячелетия назад, пришедшие на Русскую равнину. Это звучит непривычно для уха историка-славяниста, но ему/ей стоит вспомнить слова М.В. Ломоносова в известной полемике с профессором Г.Ф. Миллером: *«Что славенский народ был в нынешних российских пределах ещё прежде рождества Христова, то неоспоримо доказать можно»* [Ломоносов М. В., Пол. собр. соч. Т. 6. Труды по русской истории,

общественно-экономическим вопросам и географии. 1747 – 1765. – М. – Л.: АН СССР, 1952. С. 22]. Народ, а не группа языков.

Здесь можно много цитировать известных и выдающихся ученых, которые не замыкались на славянских языках последних полутора тысяч лет, а связывали славян с их древним происхождением, уходя на тысячелетия назад. Академик Б.А. Рыбаков (1908-2001) начал свою книгу «Язычество древних славян» со слов – «Славянское язычество - часть огромного общечеловеческого комплекса первобытных воззрений, верований, обрядов, идущих из глубин тысячелетий и послуживших основой всех позднейших мировых религий». Там же он справедливо пишет – «Хронологические рубежи исследования не могут быть ограничены только тем первым тысячелетием нашей эры, в начале которого имя славян впервые попадает на страницы ученых книг, а в конце которого почти все славяне уже христианизованы». В книге «Киевская Русь и русские княжества в XII–XIII веках» он отнёс начало истории славян к XV веку до н. э., то есть примерно 3500 лет назад. А.Н. Афанасьев (1826-1871) в книге «Поэтические воззрения славян на природу» писал – «так называемые индоевропейские языки, к отряду которых принадлежат и наречия славянские, суть только разнообразные видоизменения одного древнейшего языка... племя, которое говорило на этом древнейшем языке, называло себя ариями... каждый из новообразовавшихся языков... как залог своего родства с ... арийскими языками». И далее – «славяне прежде... жили единою, нераздельною жизнью с литовцами: славяно-литовское племя выделилось из общего потока германо-славяно-литовской народности, а эта последняя составляет особо отделившуюся ветвь ариев».

Так вот, парадигма ДНК-генеалогии и проводит прямую родственную, родовую, генеалогическую связь между современными популяциями и их подгруппами с их далекими предками. Язык в ходе этой многотысячелетней связи менялся, и никак не может быть принят за основной, и тем более единственный критерий родства. Гаплогруппы и гаплотипы и представляют такой критерий. В совокупности с методами и подходами химической кинетики (к которым и относится – формально и реально – динамика мутаций в гаплотипах) это позволяет проводить датировки времен жизни предков популяций. И, соответственно, появляется необходимость в новых терминах, или в расширении смысла старых, порой устоявшихся терминов, в их переосмыслении. Так развивается наука. Появляется необходимость в переосмыслении, например, понятия «праславяне», более того, помещение этого понятия в контекст датировок. В общем, человеку разумному это должно быть понятно. Человеку не вполне разумному – это претит. Он считает, что ничего менять не надо, пусть все остается, как есть. Более того, когда

человек не только неразумный, но и склонен к истерике, то он начинает произносить слова типа «безудержное терминологическое новаторство», и далее «самодурство», «невежество». Человек неразумный не понимает, что новые термины принимаются или отвергаются консенсусом специалистов, и либо постепенно входят в жизнь, либо не зацепляются, не входят. Окриками и истерикой этот вопрос не решается. О терминах вообще не спорят, их принимают или не принимают. Да и кто такой, этот неразумный человек, чтобы решать, какие термины «затверждать», а какие нет?

И вот настало время с ним познакомиться. Это некто Михаил Подгайный, сотрудник областного украинского музея. Его статья приведена после этого «разбора полетов». Иной может спросить – а какой резон мне это перепечатывать? Там же сплошные обзывательства. Понятно же, что человек не в себе. Психически, в первую очередь.

Да, это так. И потому его словонедержание является портретом его самого. Его статья не обо мне, а скорее о нём самом. Его, так сказать, автопортрет. Есть люди, которые науку продвигают, а есть те, которые неустанно борются. Их жизнь – борьба. Поскольку рядом со статьей обо мне в том же печатном издании помещена еще одна его борьба, на сей раз с *«хорошо организованной фальсификацией истории Древнерусского государства в академической литературе»*, то я, почитав, понял, что меня М. Подгайный просто любит. Он на самом деле хорошо ко мне относится, равно как и к моим работам по ДНК-генеалогии. Просто у него такое устройство мозга, что он не может любовь выражать, кроме как через негативное словоизвержение. Или типа как мальчик девочку за косичку дергает. Тем самым выражает симпатию, которую по-другому выразить не может. Разновидность инфантильности в агрессивной крайности.

Посмотрим, как он относится к тем, кого на самом деле не любит. Куда уж мне с такими тягаться. Его слова по отношению ко мне просто елей. *«Уважаемый профессор», «всеми признанный эксперт», «в своих великопных работах», «идеальное совпадение времени распада индоиранского праязыка (по данным глоттохронологии) с возрастом индийской ветви гаплогруппы R1a1», «терминологически исключительно корректен и традиционен», «блестящее исследование самого Анатолия Клёсова»* и так далее. А посмотрите, как он обращается с другими – *«фальсификация истории», «врать», «сдуру», «лживая монография по истории Древней Руси», «неоантинорманизм академика Рыбакова – такая же очевидная лженаука, как и «мичуринская биология» академика Лысенко», «Рыбаков отличался от Лысенко пожалуй только тем, что не организовывал гонения не своих оппонентов в общегосударственных масштабах», «дремучее невежество академика», «безграмотный академик», «похоже... советский чиновник, сделавший карьеру по «заданию партии», совершенно не*

вникая в суть «курируемого» предмета», «изолированная фальсификация или дремучее невежество академика», «дилетантская ... этимологическая версия историка ... Г. Вернадского», «образец «гремучей смеси» из грандиозной тенденционности и дремучего невежества», «плутоватый вице-президент национальной Академии наук Украины», «дилетантские построения «пирожников», взявшихся «сапоги тачать», как тот же Вернадский», «советский «академик Лысенко» от истории – Б.А. Рыбаков», «снять лапшу с ушей», «в эпоху «борьбы с космополитизмом» этот конъюнктуристик» (это опять про Б.А. Рыбакова), «советские фальсификаторы истории – Б.Д. Греков, А.Н. Насонов и Б.А. Рыбаков»...

Уфф, довольно. Двери больницы Кащенко уже открыты, красная ковровая дорожка постелена. Раздухарился, так сказать, сотрудник областного музея. Просто с цепи сорвался. За что так, кстати, академика Б.А. Рыбакова-то? А за то, что был антинорманистом. М. Подгайный – убежденный норманист, до фанатичности. Убежден, что все русские от шведов произошли. И невдомек М. Подгайному, что борется он до посинения с ИНТЕРПРЕТАЦИЯМИ других исследователей. Он до посинения убежден, что именно его интерпретации – самые правильные.

И здесь плавно переходим к высказываниям М. Подгайного в отношении моих исследований и моих интерпретаций. Имеет ли он что против ПО СУТИ работ?

Оказывается, по фактам ничего не имеет против. Более того, поддерживает или не возражает. Правда, в соседней статье он поделился – *«я не историк, и детали меня мало интересуют»*. Так что ценности в его поддержке, получается, нет никакой. Ну да ладно, и на том спасибо. Так ЧТО он поддерживает или не возражает?

-- *То, что «самим же Анатолием найдены древние ветви гаплогруппы R1a1 возрастом 12 тысяч лет»*

-- *«Гаплогруппа R1a1 появилась на нынешней славянской языковой территории еще 5 тысяч лет назад, как установил Клёсов на основании анализа ее центральноевропейских гаплотипов»*

-- *«Древние арии могли принадлежать только к гаплогруппе R1a1 и ни к какой другой»*

-- *«Носители гаплогруппы R1b1, как установил Клёсов, распространились в западной и центральной части Европы уже после волны R1a1»*

-- «около 6 тысяч лет назад, в эпоху распада индоевропейской языковой общности, носители праязыка уже принадлежали к гаплогруппе R1a1, и часть из их биологических потомков, сохраняя свой язык, расселилась по всей Европе..., Западной Азии..., Центральной Азии, Ирану и Индии»

-- «если расселение праиндоевропейцев по Клёсову связано с гаплогруппой R1a1, то... для протокельтов она является более предпочтительной, чем R1b1».

Против этих положений, которые я выдвигал и обосновывал, М. Подгайный не возражает, и даже поддерживает. Последнее положение нуждается в сопровождении определенных условий, в частности, в определении понятия «протокельты» в определенном контексте, но и оно мною выдвигалось и обосновывалось.

Так в чем дело? В чем, так сказать, сухой остаток большого крика М. Подгайного?

Да ни в чем. Короче, против фактической части М. Подгайный ничего не имеет. Но его одолевает страсть бороться. Вот он и нашел объект борьбы – стиль ПОПУЛЯРНОГО изложения материала, интерпретации, терминология ДНК-генеалогии (заметьте – не лингвистики, а ДНК-генеалогии, в другой системе понятий и с вкладыванием другого, нежели в лингвистике, смысла). То есть материальную сторону вопроса он «затвердил», а нематериальную, которую не уловил, не схватил, будучи не в теме, решил потерзать. Причем, как и принято у людей не слишком разумных, с резким переходом на личности. Точнее, личность. Естественно, мою. То есть, как это я смею чего-то там менять или чего-то там обсуждать?

Например, пишет наш «критик», «обойтись без термина «иранский» в современной «научной литературе» никак нельзя», и «для одной из этих ветвей, включающий скифский язык, лучшего наименования, чем «иранская» придумать мудрено». И стоило было стулья ломать? Да пусть в лингвистике остается, мне не жалко. Хотя я прекрасно понимаю, что эту ветвь могли назвать, например, с тем же успехом «таджикской», и тогда М. Подгайный эмоционально, на зависть психиатрам мира, доказывал бы, что лучшего наименования, чем таджикский, для скифского языка придумать мудрено. Или могли назвать «арийской», чем плохое название? Главное, свежее, оригинальное.

Естественно, многое из того, о чем пишет М. Подгайный, совершенно разумно и справедливо. Но именно в отношении лингвистики. В отношении же ДНК-генеалогии М. Подгайный не в теме. Не в парадигме. И вообще не понимает, что название – дело житейское. Главное, чтобы к нему

привыкли, потом с мясом отдирать приходится. Почему бы ему с жаром не броситься доказывать, что называть американских аборигенов «индейцами» было в корне неверным, если бы ни задание партии? А ничего, привыкли, живем. В том числе и сами индейцы. Хотя да, название в корне неверное. Но тем не менее, вот передо мной письмо, благодарственное, полученное из индейского племени, штат Северная Дакота. Я тамошним школьникам, признаться, немного помогаю материально, вот они и благодарят. Адрес на конверте и на письме - St. Joseph's Indian School. Ничего, не путаются, чалму вряд ли примеряют.

На самом деле хотелось бы дать небольшой урок неистовому товарищу Подгайному. Объяснить ему, что для лучшего понимания материала надо просто постараться его понять. Попытаться понять причины, по которым та или иная терминология была выбрана или введена. Что, говоря «славяне», я вовсе не говорил о языке, языковой группе, а говорил о генеалогии. Что это сразу меняет смысл понятия «славяне». Это ведь нетрудно, просто попытаться понять, что хотел сказать автор, что он имел в виду. Тем более что против фактической части возражений нет.

Но нет, давит М. Подгайного жаба, хочется бороться, кричать, рвать очередную рубаху на груди. А понять не хочется. Такое вот устройство мозга.

В этой статье я расскажу, почему, на каком основании было выбрано то или иное понятие. Почему оно к лингвистике не имеет отношения. Почему этим очерчивается парадигма ДНК-генеалогии. Почему понятие «самосознание», которое М. Подгайный вставляет направо и налево, к гаплогруппам не имеет никакого отношения. Как и партийная принадлежность носителей гаплогрупп и гаплотипов. А ведь у него -

-- «... имеющих отнюдь не славянское и, там более, не арийское, этническое самосознание»; это - про древних носителей гаплогруппы R1a1. Оставим на совести М. Подгайного якобы знание того, какое именно самосознание имели наши древние праславянские и арийские предки, но отметим, что он лезет в ДНК-генеалогию, не понимая того, что понятие «самосознание» и «этничность» не входят в словарь ДНК-генеалогии, как и национальность и партийная принадлежность. М. Подгайный просто дверью ошибся. Он шел на Одессу, а вышел к Херсону. Но это далеко не всё -

-- «людей, которые так себя именовали и осознавали» - про ветвь гаплогруппы R1a1, которые, по интерпретации (опять - интерпретации!) М. Подгайного себя определенным образом называли и - опять - осознавали. Невдомек ему, что ветвь гаплогруппы - эти никакое не этническое «осознание» и

«самосознание». Ветвь гаплогруппы – это одна генеалогическая линия, среди которой могут быть и жители киевской Руси, и турецкие янычары, и скандинавские викинги, и индийские брахманы, и конники Субудайбагатура. И все в предках могут иметь праславян, вышедших 4800 лет назад с Русской равнины. Какое там у потомков одинаковое «этническое осознание». Поэтому в ДНК-генеалогии нет этничности, нет общего самосознания, нет гражданства, а есть общие предки, которых можно называть по-разному, исходя из контекста. Например, Юрий Гагарин и майор, и советский человек, и первый космонавт, и член КПСС, и Герой Советского Союза, и еще многое другое, и называют его определенным образом, выбирая из множества вариантов, исходя из контекста. Так и с нашими предками – они и арии, и праславяне, и жители Русской равнины, и R1a1, да еще и с подгруппами, они же могут быть – при более детальном рассмотрении и при введении соответствующих определений – и сакалиба, и русы, и скифы, и сарматы, и кельты (или протокельты), и кимвры, и асы, и аланы, и юэджи, и многое другое. А если понятие славян расширить (углубить) хронологически и включить в него и предков нынешних славян, то наших предков по определению можно назвать и славянами. Человек разумный, не склонный к истерике, в отличие от моего «критика», вежливо попросит уточнить, какое определение славян я предлагаю или использую. Я столь же вежливо отвечу, что это – древние предки современных славян, проживавшие на Русской равнине. И никто не имеет права мне возразить, потому что это МОЕ определение в данном контексте, тем более, что оно разделялось многими выдающимися учеными, не зашоренными, в отличие от моего «критика», узкими рамками науки, в пределах которых он начетничает.

Интересно, как бы он отнесся к тому, что в теоретической физике есть такое понятие квантового числа, как «цвет», применяемое для идентификации кварковых структур элементарных частиц и атомных ядер. Цвет кварков может принимать три значения – красный, зеленый и синий, цвет глюонов – восемь. Представляю фонтан ругательств, оскорблений и истерики, которые наш «критик» вылил бы на авторов. А они получили высшую научную премию СССР за работы по теоретической физики. И используют другие квантовые числа – красота, шарм...

В общем, не дает покоя М. Подгайному этническое самосознание. У него это как лыко в строке – и *«менялось этническое самосознание населения»* (европейского, в данном случае), и *«славянский язык и самосознание»*, и *«этническое самосознание славян»*, и что *«у каждого этноса есть самоназвание и этническое самосознание»*. Все это замечательно, только ДНК-генеалогия здесь ни при чем. М. Подгайный просто не в теме.

Еще одна тема для обсуждения. Наш «критик» путает популярные издания и научные. Цель популярных - заинтересовать новой наукой и привлечь внимание. Благодаря моим популярным статьям сотни, если не тысячи людей заинтересовались ДНК-генеалогией. Естественно, в ходе этого приходится давать более броские формулировки, чем принято в научных изданиях. Тот же материал у меня в научных публикациях выглядит по-другому, хотя факты те же. И это главное – факты те же. Но для доходчивости популярного изложения я осознанно иду на некоторые упрощения, тем более в вопросах, которые не являются устоявшимися и в науке в целом. Но при изложении в научных публикациях у меня не найти, например, понятия «славянская гаплогруппа R1a1», или Slavic haplogroup R1a1 (например, J. Genetic Genealogy, vol. 5, pp. 186-216, 217-256 [2009]).

Но в применении к большинству предков современных носителей гаплогруппы R1a1 в Европе сказать «праславянская гаплогруппа», пожалуй, можно. Это опять вопрос определений, а разумные определения базируются на разумном отражении нашего мира. Давайте, посмотрим, какие основания могут быть положены в обоснование того, что предки современных носителей гаплогруппы R1a1 в Европе вышли именно с Русской равнины примерно 4800 лет назад. Причем это именно те же предки, что и для большинства (55-67%) жителей Российской Федерации, Белоруссии и Украины, подавляющее большинство из которых и являются славянами, в том числе и в языковом отношении. Думаю, не будет ошибкой назвать прямых предков современных славян гаплогруппы R1a1 «праславянами».

Итак, конкретные, экспериментальные данные. М. Подгайный о них, полагаю, не знает, поскольку не в теме. Но крику-то, крику...

Как было показано в работе (Рожанский и Клёсов, «Гаплогруппа R1a: гаплотипы, генеалогические линии, история, география», Вестник РА ДНК-генеалогии, т. 2, № 6, стр. 974-1099, [2009]), все или подавляющее большинство европейских генеалогических линий гаплогруппы R1a1 расходятся на 13 ветвей, или популяций, базовые (предковые) гаплотипы которых в 25-маркерном формате выглядят так, как записано ниже. Здесь европейская северо-западная линия («десятники»), скандинавская («старая» и «молодая» ветви), центральноевропейская, ашкиназийская, западно-славянская, балто-карпатская, южно-евразийская, западно-евразийская, центрально-евразийская (Русская равнина), северно-евразийская, западно-карпатская и северо-карпатская ветви:

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

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

Приведенные 13 гаплотипов по правилам ДНК-генеалогии имеют тот базовый (предковый) гаплотип, к которому сходятся все остальные гаплотипы всего ряда, то есть гаплотип, который «минимизирован по мутациям». Иначе говоря, это исходный гаплотип, который не содержит мутаций по сравнению с гаплотипами, от него производными. Естественно, «сыновние» гаплотипы, расходясь от предкового как круги по воде, накапливают неупорядоченные, случайные мутации в маркерах, и тот, в котором мутаций в данном ряду нет, и есть предковый гаплотип.

Смотрим на приведенные 13 гаплотипов. Первый маркер у всех имеет аллель «13». Действительно, это один из самых «медленных» маркеров, и аллель «13» не изменилась у ветвей-потомков по сравнению с общим предком. Это – предковая аллель. Это же относится к маркерам второму, седьмому, восьмому, десятому и одиннадцатому по счету. От третьего маркера («16») четыре базовых гаплотипа ветвей ушли «вниз», к «15», и два «вверх», к «17», и сохранились семь предковых, «16». Короче, есть только один предковый гаплотип, от которого нет мутаций, и это – базовый гаплотип Русской равнины (четвертый гаплотип в списке снизу). Это именно тот гаплотип, к которому сходятся гаплотипы этнических русских гаплогруппы R1a1. Гаплотипы восточных славян.

Вычислим, когда жил этот общий предок. Для этого нам надо определить общее число мутаций в остальных, нисходящих от него базовых гаплотипах всех европейских ветвей, и средний «возраст» общих предков всех приведенных ветвей, поскольку мутации мы считаем не от настоящего времени (как обычно, при обработке гаплотипов наших современников), а фактически определяем, насколько раньше этих общих предков ветвей жил общий предок всех. С Русской равнины. Праславянин.

Приведенные 13 базовых гаплотипов содержат 46 мутаций (выделены) от следующего предкового (для данных серий) гаплотипа:

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

Это - тот самый базовый гаплотип Русской равнины (центрального евразийского региона). 46 мутаций на все 13 гаплотипов означают, что общий предок всех жил $46/13/0.046 = 80$ поколений без поправки на возвратные мутации, или 87 поколений с поправкой, то есть на 2175 лет раньше чем общий предок усредненной серии всех 13 гаплотипов, приведенных выше (2540 лет назад), то есть примерно 4715 лет назад. Это практически в точности совпадает с прямым расчетом возраста общего предка русских и украинских гаплотипов, и именно 4750 ± 500 лет (Klyosov, J. Genet. Genealogy, 5, 217-256, 2009). Его полный 67-маркерный 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 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

Именно поэтому вполне уместно назвать общего предка подавляющего большинства европейских носителей гаплогруппы R1a1 - праславянским. Я понимаю, фанатичным сторонникам «норманской теории» происхождения России и русских это активно не нравится, но помочь ничем не могу. Пусть заходятся в истерике, сочувствия у меня это не вызывает.

Картина в деталях, конечно, сложнее, и в Европе есть очень малая доля гаплотипов группы R1a1 другого происхождения, с возрастом 10-13 тысяч лет. Это, видимо, «отколовшиеся» от южносибирской-северокитайской группы гаплотипов R1a1 возрастом около 21 тысячи лет, это и широкая полоса гаплотипов R1a1 от южной Сибири до южной части Центральной Азии, где «возраст» гаплотипов (точнее, их общего предка) составляет примерно 6900 лет, и Индостан, где возраст той же группы гаплотипов составляет от 7000 (в Индии) до 12400 лет (в Пакистане), и разбросанные гаплотипы R1a1 между Непалом, Аравийским полуостровом и Египтом, с возрастом общего предка примерно 13 тысяч лет. Но сейчас я рассказываю о европейских гаплотипах R1a1, ветви которых сходятся к общим предкам, которые прибыли в Европу относительно недавно, а именно с Русской равнины. Возраст этих европейских ветвей составляет - привожу характерные примеры - 2725 ± 300 лет для центрально-европейской ветви, 2575 ± 300 лет для западно-славянской ветви, 2925 ± 370 лет для северозападной европейской ветви, 2150 ± 300 лет для западно-карпатской ветви, 2600 ± 290 лет для балто-карпатской ветви, 1575 ± 260 лет для северной евразийской ветви, 2550 ± 320 лет для южно-евразийской ветви. Это все первое тысячелетие до нашей эры или позже, до середины первого

тысячелетия нашей эры, время переселения Европы носителями гаплогруппы R1a1.

А куда делись древнейшие носители гаплогруппы R1a1 в Европе? Те самые, которые были 10-12 тысяч лет назад?

Они по какой-то причине пропали, исчезли из Европы. Исчезли они между 4500 и 4000 лет назад, и основных причин может быть две – или крупный катаклизм, практически уничтоживший европейское население того времени, или прибытие R1b1 в Европу, которое и имело место в те времена. Я склоняюсь к второму варианту, хотя не могу исключить и первый. В те же времена из Европы исчезли и носители гаплогруппы I1, и в основном I2. Если это был катаклизм, то R1b1 пришли в опустевшую Европу. Если причина – прибытие R1b1, то к тому должны быть археологические данные. Может быть, «культура раздробленных черепов» в Скандинавии, и свидетельства группового убийства женщин и детей гаплогруппы R1a1 на саксонской стоянке в Германии 4600 лет назад (Haak et al, 2008) – и есть отголоски тех событий. Как бы то ни было, практически все ветви гаплогруппы R1a1 в Европе – потомки выходцев с праславянских территорий, с Русской равнины.

Я готов согласиться с тем, что употребление терминов «славянский» или «праславянский» в данном контексте, в общем-то, не обязательно. Можно обходиться и другими уклончивыми терминами, чтобы не раздражать «норманистов» и им подобных, или прочих либералов, для которых «углублять» историю нашего народа – как красная тряпка для быка. Но с чего это мне их не раздражать? У меня задача – показать историю наших предков, нравится это кому или не нравится. Есть и другая причина – это в некоторой степени попытка нейтрализация перекоса, который стабильно присутствует в западной печати, в том числе и научной, «академической», которая практически игнорирует историю Русской равнины и ее обитателей.

Вот – конкретный пример. При описании маршрутов древних гаплогрупп, 50-20 тысяч лет назад, Русская равнина была полностью проигнорирована «отцами-основателями» «генетической генеалогии». По их версии, носители гаплогрупп с Ближнего Востока ушли либо на запад, в Европу (гаплогруппы I, J) или на восток – в Индостан, в Азию, Океанию, Австралию (гаплогруппы C, D, F, G, H, K, L, M, N, O, P). По их «мысли», никогда ничем не подтвержденной, только гаплогруппа R1a, появившись буквально ниоткуда, 15 тысяч лет назад пережидала ледниковый период в некоем «украинском убежище». Кстати, в последнем издании списка ISOGG

“Y-DNA Haplogroup Tree 2010” это «предположение» про Украину уже снято, и текст гласит, что гаплогруппа R-M207 «как полагают, возникла примерно 27 тысяч лет назад в Азии», R1-M173 «по оценкам, возникла примерно 18500 лет назад, наиболее вероятно, в юго-западной Азии», а R1a-M420 «как полагают, появилась в евразийских степях или в Индии». Датировок к последнему предположению просто нет. Там же отмечено, что R1b-M343 «предположительно возникла в юго-западной Азии». Датировок тоже нет. Не очень понятно, что такое в данном контексте «юго-западная Азия» - Анатолия? Месопотамия? Аравийский полуостров и Междуречье?

Но в любом случае, это не Русская равнина 50-15 тысяч лет назад.

В то же время вот данные по археологии Русской равнины (см. таблицу ниже). Таблица составлена на основании анализа нескольких тысяч источников, проведённого А.А. Тюняевым, причем данные по памятникам Русской равнины получены из многотомного научно-справочного издания Института археологии РАН «Археологическая карта России» (далее «Карта»). Карта сформирована отдельными томами, свёрстанными по областям Центральной России. На каждую область обычно приходится по два тома. На некоторые области – по одному. Количество памятников Московской области уместилось в четыре тома. Все памятники, входящие в каждую из карт, пронумерованы в пределах соответствующей области. В конце каждого тома имеется хронологический указатель, в котором приведённые в данном томе памятники разбиты по археологическим эпохам и, позже, по хронологическим интервалам. Количество известных и опубликованных в Карте памятников, естественно, не одинаково по разным областям. Так, выпуск «Тульская область» (1 и 2 части) содержит сведения о 1722 памятниках. Выпуск «Владимирская область» – 819 памятниках. Выпуск «Тверская область» (1 часть) – 1230 памятниках (Клёсов, Тюняев, «Происхождение человека», 2010, в печати).

Здесь стоит дать пояснение, что такое памятник. Это и стоянка, и местонахождения артефакта (для палеолита), и могильник, и город (для средневековья), и селение и т.д. Памятник следует отличать от единичной находки (например, бусина или характерная раковина).

Прочерки в таблице стоят там, где преемственность археологических культур указывает на неандертальское либо симбиотическое происхождение носителей. Нулевое значение означает отсутствие открытых памятников неолитов в указанном регионе.

Дата, тысяч лет до н.э	Регион									
	Русская равнина	Европа	Ближний Восток	Африка	Средняя Азия	Сибирь	Индия	Китай	Австралия	Америка
60	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
50	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
40	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0
30	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0
20	50	7	3	0	0	3	0	0	0	0
15	50	7	1	0	0	4	0	0	0	-
10 – 9	3133	-	-	0	0	6	0	0	0	-
8 – 4	10924	2102	529	54	567	183	7	8	0	-

Эти более сотни археологических памятников на Русской равнине никак не затронуты в классификации и географии гаплогрупп, ежегодно публикуемой (с пояснениями по регионам и предполагаемым датировкам) Международным обществом генетической генеалогии (ISOGG).

Итак, простые логические заключения, основанные на изложенном выше, приводят к выводу, что на Русской равнине 50-15 тысяч лет назад (или в какие-то времена в этом диапазоне) обитали носители гаплогрупп I и NOP, возможно, и IJK-NOP. Носители гаплогруппы I передвинулись на запад, в Европу, примерно 45-40-35 тысяч лет назад, и, возможно, и стали кроманьонцами, древнейшими жителями Европы. С гаплогруппами J и K еще надо разбираться, там много загадок. Тот же текст ISOGG (2010) помещает происхождение гаплогруппы K с завидным постоянством опять же в юго-западную Азию примерно 40 тысяч лет назад, упорно избегая Русскую равнину, на которой немало археологических памятников того времени, при отсутствии таковых в юго-западной Азии. А сводная гаплогруппа NOP в списке ISOGG вообще не обсуждается в отношении ее происхождения, замечая, что гаплогруппа NO «образовалась примерно 35-40 тысяч лет назад в регионе к востоку от Аральского моря, причем гаплогруппа N распространилась по Северной Азии, а гаплогруппа O – через Северную Индию в Южную Азию». Когда эти распространения произошли – датировок тоже нет, но отмечается, что гаплогруппа N «возникла, возможно, в Северном Китае и Монголии», откуда «распространились до Сибири и далее до Балтийского моря».

Не с меньшим, а, пожалуй, с большим основанием можно предполагать следующую картину. Сводная гаплогруппа NOP обитала на Русской равнине между 50 и 40 тысяч лет назад, и уже тогда у нее были

необходимые компоненты того, что потом получило название «бореального языка», или «праязыка». Язык-то у них должен был быть, это были анатомически современные люди. В этой сводной гаплогруппе были будущие европеоиды гаплогруппы Р, из которой впоследствии вышли гаплогруппы Q и R, далее R1 и R2, и далее R1a и R1b, несомненно европеоидные. В этой же сводной гаплогруппе были и монголоидные в будущем N и O. Носители гаплогруппы N в настоящее время в немалой степени населяют Китай, к ним относится ряд монголоидных сибирских народов, Урала и вплоть до Кольского полуострова и Прибалтики. Носители гаплогруппы O населяют многие регионы юго-восточной Азии. Все эти разнообразные этносы ведут свои корни к той сводной гаплогруппе NOP на – предположительно – Русской равнине 50-40 тысяч лет назад.

К востоку или к западу от Аральского моря образовалась гаплогруппа NO, то есть фактически разошлась на гаплогруппы Р и NO, мы не знаем. Да не знает и никто. Авторам классификации ISOGG опять непременно нужно было увести гаплогруппы от Русской равнины, и они написали, что «к востоку от Аральского моря», хотя никаких данных на этот счет ни у кого нет. Но пусть будет даже так. В данном контексте не имеет значения, разошлась NOP на Р и NO на Русской равнине, и они врозь двигались на восток, или они разошлись к востоку от Аральского моря, двигаясь в ту же сторону, на восток. Важно, что они двигались на восток, что было это 45-40-35 тысяч лет назад (с чем текст ISOGG согласен), и что они двигались раздельно, потому что первые оказались европеоидами, вторые – монголоидами. Они несли тот самый «восточный пра-язык», который Н.Д. Андреев назвал «бореальным языком». В него входили будущий пра-индоевропейский (будущая гаплогруппа R1a1), будущие алтайские и прото-тюркские языки (гаплогруппы R1a и R1b), будущие алтайские, уральские, угро-финские языки (гаплогруппа N), и будущие сибирские, монгольские, алтайские языки и языки современных американских индейцев (гаплогруппа Q). Про гаплогруппу R2 мы не знаем, но поскольку баски являются потомками гаплогруппы R1b, прибывших на Пиренеи и далее на юг Франции, то их языки, скорее всего, несут отголоски языков алтайской группы и сино-кавказских языков.

Все это – бореальный язык в древности. Он просто обязан был быть, и в нем обязаны быть корни перечисленных выше языков – индоевропейских, уральских, алтайских, прото-тюркских, монгольских, сино-кавказских, баскского, языков американских индейцев, и также ряда доиндоевропейских языков периода 4500-3000 лет назад, принесенных в Европу носителями гаплогруппы R1b1b2 (возможно, языки пиктов, лигуров, иберов и других).

Вот такие размышления возникают в отношении Русской равнины вообще, и гаплогрупп на Русской равнине в частности.

Что касается остальных словоизвержений «критика», то их я уже прокомментировал. Ему нравятся одни определения (в лингвистике) – мне другие (в ДНК-генеалогии). Думаю, научная общественность со временем разберется, какие определения изменятся, какие нет, а какие появятся новые. Потому что суть остается то же. Например, М. Подгайный называет ариев «арийцами», а я называю ариями. Потому что понятие «арийцы» имеет определенный политико-исторический привкус первой половины 20-го века, который мне не нравится. Поэтому я не пишу «арийцы». Правда, это не мешает М. Подгайному приписывать это мне, и даже порой ставить «арийцы» в кавычки, якобы цитируя меня. Мелкое жульничество, но чем бы дитя ни тешилось.

Некоторые считают, что арии – это только те, кто физически пришли в Индию примерно 3500 лет назад. Подгайный считает, что арии – это *«только та ветвь гаплогруппы R1a1, которая географически охватывает индоиранский языковый ареал и имеет возраст около 4000 лет»*. Тоже неплохо, но уже расходится с первым вариантом. Как жить будем? А я называю всю гаплогруппу R1a1 арийской, в том смысле, что это или предки тех, кто будут ариями, либо сами арии, либо потомки ариев. То есть арийская гаплогруппа R1a1 – это гаплогруппа, к которой принадлежали арии. Такое вот историческое название. Сказать, что это «неправильно» – нельзя в принципе. Можно принять как рабочее определение, или не принять. Вот и все дела. Зачем невыдержанно кричать-то? Устройство мозга такое?

Поскольку М. Подгайный не в теме, то не очень понимает, что пишет. Вот, например:

«Праславяне» это не «арии». По определению! И если у каких-то жителей Южной России, как выяснил Клесов, обнаруживаются «арийские» гаплотипы, то это как минимум говорит о том, что эти люди – не «славяне» с точки зрения ДНК-генеалогии. Это потомки одной из первых волн заселения Русской равнины носителями культур эпохи бронзы. Той волны, которая впоследствии укатилась на Южный Урал и далее – в Индию. А славяне появились в этих местах лишь в IX–X веках, то есть три тысячи лет спустя, и принесли сюда либо другие гаплотипы гаплогруппы R1a1, либо гаплотипы вообще другой гаплогруппы.

Чтобы говорить «по определению», надо это определение как минимум сформулировать. Подгайный этим не озадачивается. У него свои (искаженные) представления, которые он постулирует единственно правильными. А дело в том, что волна ариев не «укатилась на Южный Урал

и далее – в Индию». Она не укатилась, а осталась шлейфом гаплотипов R1a1 от Русской равнины (и ранее – с запада) до Средней Азии (андроновская культура) и Урала, и далее до Индии и Ирана. Не укатилась, а осталась в потомках, в праславянах. И потому праславяне – потомки древних ариев. Писать «а славяне появились здесь лишь в IX-X веках» - это не понимать сути ДНК-генеалогии, тем более писать «и принесли сюда другие гаплотипы гаплогруппы R1a1». Да не появились, а потомки ариев, праславяне, были здесь, и не «принесли другие гаплотипы», а гаплотипы те же остались. У праславян, прямых потомков ариев, на Русской равнине.

Я, например, прямое доказательство этому. Мой гаплотип не «другой», а именно гаплотип прямого потомка ариев. Он практически неотличим от гаплотипов R1a1 индийцев, и на дереве гаплотипов, и не просто гаплотипов, а 67-маркерных гаплотипов, высшей разрешающей способности, мой гаплотип «сидит» в окружении индийских гаплотипов. Возраст нашей с индусами ветви – 3600 лет. Времена Аркаима и перехода ариев в Индию и Иран. Так почему же «принесли сюда другие гаплотипы»?

Не понимает Подгайный, не владеет материалом, а со всем невежеством и агрессией лезет в другую область науки.

То же и в отношении «кельтской гаплогруппы R1b1». Я условно назвал эту гаплогруппу кельтской не по историческим причинам, а потому, что те современные жители британских островов, которые считают себя «кельтами», считают эту гаплогруппу своей. И к этому у них есть основания – до 93% населения британских островов имеют гаплогруппу R1b1. Хотя ее можно было бы назвать и «баскской», нет проблем. Нет, чтобы «критику» Подгайному подумать, на каком основании я так эту гаплогруппу назвал, на чем основано это определение, попытаться самому понять определение «кельтской гаплогруппы». Нет, куда конь с копытом, туда и Подгайный с клешней. Опять тащит лингвистику в другую область науки, и опять с агрессивной истерикой. Или с истеричной агрессией.

Что касается сетований по поводу «индоевропейцев», которых, к сведению М. Подгайного, таки не существует, а существует индоевропейская семья языков, то эта группа языков уже привязана к гаплогруппе R1a1 в «академической» литературе. Цитата - “R1a1 is considered as an Indo-European marker” (Kim et al, American J. of Physical Anthropology, DOI 10.1002/ajpa.21242). Я-то как раз считаю, что не только гаплогруппа R1a1 может считаться «индоевропейским маркером», и тем более не в наше время, и даже не вся она может считаться «праиндоевропейским маркером», но «процесс пошел».

В общем, картина ясна. Она показывает неудовлетворенные амбиции «критика» Подгайного, его невыдержанность, незнакомство с материалом, нетерпимость к чужому мнению, страсть «борьбы», в отличие от более конструктивной страсти к созиданию – в общем, букет налицо. Но, с другой стороны, дал мне возможность рассказать об интересных аспектах ДНК-генеалогии славян. Праславян. Ариев. Что в определенных контекстах – одно и то же.

Ну, а теперь предоставим слово нашему нетерпимому «герою».

Подгайный Михаил

старший научный сотрудник отдела природы Херсонского областного краеведческого музея.



Клесовщина

(опубликовано в украинском «литературном портале «Укус»)

В последние несколько лет большой популярностью в Интернете пользуются научно-популярные тексты ученого-биохимика, специалиста по молекулярной генеалогии Анатолия Клесова. Тексты эти активно обсуждаются на форумах, на них ссылаются в дискуссиях политической, этноисторической, археологической и прочей подобной тематики. Судя по статье в википедии Анатолий Алексеевич Клесов уважаемый, всеми признанный эксперт в своей области знания. Но, как это случается иногда со специалистами, выходя за рамки своей узкой специальности, они частенько попадают впросак. Особенно те из них, кто склонны к безудержному терминологическому новаторству и безапелляционным утверждениям в смежных областях знания, где требуется хоть какая-то профессиональная эрудиция. И, особенно, в тех случаях, когда

заслуженный авторитет в родной сфере знания делает человека (все мы люди – и не безгрешны) маловостриимчивым к аргументации оппонентов.

Именно с легкой руки Анатолия Клесова Y-хромосомная гаплогруппа R1a1 получила наименование «славянской», «арийской», «индоевропейской» (последний термин Клесов берет в кавычки и именуется устаревшим); всем, кто не знает что такое «Y хромосома», «гаплогруппа», «R1a1» рекомендую справиться в википедии. При этом в число «славян», «ариев», «индоевропейцев» по Клесову попадает население Восточной Европы, Индии, центральных районов Азии, Ближнего Востока – всей обширной территории распространения гаплогруппы R1a1. Сплошь и рядом Клесов именуется «славянами» и «арийцами» предков людей, говорящих сейчас на балтских, романских, армянском, арабском, киргизском языках и имеющих соответствующее отнюдь не славянское и, тем более, не арийское, этническое самосознание. Пример: «В настоящее время доля славян-ариев гаплогруппы R1a1 в Литве 38%, в Латвии 41%» (www.lebed.com/2008/art5375.htm). Не правда ли странно? Почему род R1a1 именно «славянский»? Почему бы его не назвать литовским, латвийским, албанским, румынским, киргизским? Неужели, только потому, что «... на юге и в центре России доля восточных славян-ариев достигает 60–75% и выше», «А в старинных русских и украинских городах, городках, селениях – до 80%» (там же). А может быть дело в том, что сам Анатолий Клесов славянин и пишет свои популярные опусы на русском языке? На месте албанцев я бы обиделся. Ведь это на их нынешней языковой территории самим же Анатолием найдены древние ветви гаплогруппы R1a1 возрастом 12 тыс. лет. Или очень хочется запихнуть родных славян в каменный век в пику другим народам? А заодно отождествить с «праариями» и «праиндоевропейцами» в духе популярной сейчас в России этногенетической мифологии. Такая вот «наука» с националистическим душком.

Смешно то, что сами тексты Анатолия Клесова со всей очевидностью свидетельствуют о том, гаплогруппа R1a1 никак не может именоваться ни «славянской», ни «арийской», ни даже «индоевропейской». А используемая им оригинальная авторская терминология не только никак не соотносится с накопленными наукой знаниями в области лингвистики, истории, археологии, этнологии, но и в корне противоречит традициям генеалогической номинации.

Начнем со «славян».

Анатолий Клесов пишет: европейские корни «рода R1a1, давностью 12 тыс. лет, находятся на Балканах – в Сербии, Косово, Боснии, Македонии» и лишь 6 тыс. лет эти люди начали расселяться по Европе и Передней Азии (www.lebed.com/2008/art5386.htm). Ну и на каком основании «род R1a1» можно именовать «славянским»? Ведь Балканский полуостров

исторические славяне – носители раннеславянских диалектов и славянского этнического самосознания – завоевали, перейдя Дунай, лишь в VII веке н. э., то есть всего лишь 1300 лет назад. Это событие обстоятельно освещают авторы раннесредневековых хроник, военных трактатов, дипломатических документов; славянизация Балканского полуострова вообще хорошо документирована свидетельствами исторических и археологических источников. И именно тогда – 1300 лет назад – жители «Сербии, Косово, Боснии, Македонии» забыли свои прежние языки, заговорили по славянски и усвоили славянское этническое самосознание. Но, если принять доморощенную терминологию Клесова, то на момент своей языковой и этнической славянизации местные фракийцы и иллирийцы уже 12 тыс. лет числились ДНК-генеалогическими «славянами». Мало того, сохранившие свой древний язык современные албанцы гаплогруппы R1a1 – это тоже ДНК-генеалогические «славяне» по Клесову.

А ведь если действовать «по уму» и искать Y-хромосомы реальных исторических славян – людей, которые себя так именовали и осознавали, то достаточно вычленив ту веточку (кластер) гаплогруппы R1a1, которая начала распространяться по центральной и восточной Европе 1300–1500 лет назад в эпоху дальних миграций славян за пределы своей прародины. А не 6 тыс. лет назад, как у Клесова. Впрочем, нет никакой уверенности в том, что исторические славяне V–VII веков принадлежали именно к гаплогруппе R1a1. Ведь смена языков в большинстве случаев не сопровождается сменой населения. В Центральной Европе люди, заговорившие в VII веке по-славянски, до этого говорили на германских диалектах, еще раньше – на кельтских, еще раньше – на иллирийских и т. д. вглубь веков, соответственно менялось и этническое самосознание этого населения. И если гаплогруппа R1a1 появилась на нынешней славянской языковой территории еще 5 тыс. лет назад, как установил Клесов на основании анализа ее центральноевропейских гаплотипов, то это значит, что люди, распространившие около 1500 лет назад в этом же регионе славянские язык и самосознание, могли принадлежать к какой угодно другой гаплогруппе, например R1b1c или E1b1. Исторические славяне V–VII веков могли просто раствориться в среде неславяноязычных аборигенов Центральной Европы, передав им свой язык и этническое самосознание, но унаследовав их антропологический облик и гаплотипы. Нечто подобное имело место на территории Ирландии и Великобритании, где распространение сначала кельтских, а затем на англо-саксонских диалектов не сопровождалось биологической сменой населения.

Мало того, еще на территории своей прародины – задолго до начала дальних миграций V–VII веков – носители праславянского языка вполне могли принадлежать сразу к нескольким гаплогруппам, как и древние евреи (по результатам блестящего исследования самого Анатолия Клесова) и большинство современных этносов. И тогда именовать «славянскими»

придется все подходящие по географии кластеры полуторатысячелетнего возраста всех этих гаплогрупп. Но только отдельные кластеры, а никак не гаплогруппы целиком!

Подобным же образом необходимо искать Y-хромосомные корни пресловутых «арийцев». Исторические арии говорили на языках индоиранской группы, как это следует из текстов Авесты и Риг-Веды, написанных на авестийском и ведийском языках, а так же – свидетельств античных авторов, записавших лексику персов, мидийцев согдийцев и других народов, именовавших себя ариями. По данным глоттохронологии распад индоиранского языкового единства произошел 4000–3500 лет назад. Следовательно, «арийской» может быть названа только та ветвь гаплогруппы R1a1, которая географически охватывает индоиранский языковой ареал и имеет возраст около 4000 лет. Только эта веточка и может именоваться «арийской».

В отличие от славян древние арии могли принадлежать только к гаплогруппе R1a1 и ни к какой другой. На это указывает идеальное совпадение времени распада индоиранского праязыка (по данным глоттохронологии) с возрастом индийской ветви гаплогруппы R1a1, а так же распределение ее гаплотипов в самой Индии. Но данное обстоятельство никак не оправдывает применение термина «арийцы» к другим ветвям индоевропейской языковой общности – праславянской, прагерманской, прагреческой и т. п. Это параллельные ветви – и лингвистической «генеалогии», и биологической ДНК-генеалогии. Привычные этнолингвистические обозначения – «праславяне», «прагерманцы», «прагреки» – вполне можно будет использовать и для именовании соответствующих по времени и географии кластеров гаплогруппы R1a1, если обнаружится, как и в случае ариев, взаимно-однозначное соответствие их биологической и лингвистической генеалогий. Но использовать – строго отдельно. «Праславяне» это не «арии». По определению! И если у каких-то жителей Южной России, как выяснил Клесов, обнаруживаются «арийские» гаплотипы, то это как минимум говорит о том, что эти люди – не «славяне» с точки зрения ДНК-генеалогии. Это потомки одной из первых волн заселения Русской равнины носителями культур эпохи бронзы. Той волны, которая впоследствии укатилась на Южный Урал и далее – в Индию. А славяне появились в этих местах лишь в IX–X веках, то есть три тысячи лет спустя, и принесли сюда либо другие гаплотипы гаплогруппы R1a1, либо гаплотипы вообще другой гаплогруппы.

Та же история с клесовскими «индоевропейцами». Словарь индоевропейского языка-основы эпохи распада праязыкового единства отражает уровень материальной культуры времен энеолита. То есть проникает вглубь веков максимум на 7 тыс. лет. Распространение индоевропейских языков связано с миграциями скотоводов, знакомых с земледелием, керамическим производством, металлом, колесным

транспортом. При чем здесь вся гаплогруппа R1a1 15–20 тысячелетней давности? Как и в случаях славян и ариев, можно говорить только об одной ее кладе возрастом 6–7 тыс. лет. Языки населения всех остальных малых и больших ветвей R1a1 не дожили до наших дней, будучи стерты более поздними мигрантами. В частности – носителями гаплогруппы R1b1, которая, как установил Клесов, распространилась в западной и центральной части Европы уже после волны R1a1. Мало того, как и в случае со славянами, вполне может оказаться, что люди «индоевропейской» клады гаплогруппы R1a1 первоначально говорили на совершенно ином языке и только около 6 тыс. лет назад заимствовали индоевропейский праязык у населения другой гаплогруппы, например I2, а уж затем расселились по территории Европы и проникли в Индию и Иран. Все, что можно утверждать сейчас, на основании имеющихся на сегодняшний день данных, так это лишь то, что около 6 тыс. лет назад, в эпоху распада индоевропейской языковой общности, носители праязыка уже принадлежали к гаплогруппе R1a1, и часть из их биологических потомков, сохраняя свой язык расселилась по всей Европе (предки германцев, италиков, греков и др.), Западной Азии (анатолийцы, митаннийские арии, фригийцы, армяне и др.), Центральной Азии, Ирану и Индии (арии, тохары). Все остальное – домыслы, не имеющие под собой никаких фактических оснований.

Славяне, арии и индоевропейцы у Клесова вообще никак не различаются, это какой-то чудовищный конгломерат. При этом славяне и арии выступают единственными разносчиками гаплогруппы R1a1 по Евразийскому материка, а индоевропейцам он вообще отказывает в праве на существование.

«Под славянами в контексте их происхождения я буду подразумевать праславян. И, как будет видно из последующего изложения, этот контекст неразрывно связан с “индоевропейцами”. Последнее – чудовищно неуклюжий термин. Слово “индоевропейцы” – просто издевательство над здравым смыслом. На самом деле есть “индоевропейская группа языков”, и история этого вопроса такова, что два столетия назад было обнаружено определенное сходство между санскритом и многими европейскими языками. Эту группу языков и назвали “индоевропейской”, в нее входят почти все европейские языки, кроме баскского, угро-финских и тюркских языков. Тогда не знали причин, по каким Индия и Европа вдруг оказались в одной языковой связке, да и сейчас не очень-то знают. Об этом речь тоже пойдет ниже, и без праславян здесь не обошлось. Но нелепости дали ход тогда, когда самих носителей индоевропейских языков” стали называть “индоевропейцами”. То есть, латыш и литовец – индоевропейцы, а эстонец – нет. И венгр не индоевропейец. Русский, живущий в Финляндии и говорящий по-фински – не индоевропейец, а когда он переходит на русский, сразу становится индоевропейцем» – пишет Клесов

(www.lebed.com/2008/art5375.htm).

А что тут удивительного?, «латыш и литовец – индоевропейцы, а эстонец – нет» звучит точно так же как «аргентинец и португалец – латиноамериканцы, а канадец – нет». Это общепринятая условность. Или, может быть, Анатолий Клесов не знает о том, что языки не ходят сами по себе, о том, что у каждого языка есть этнос – носитель языка, а у этого этноса есть самоназвание (аутоэтноним) и этническое самосознание. О славянах и ариях уже шла речь. Оба эти народа были носителями праязыков своих языковых групп – славянской и арийской (индоиранской). И так же обстоит дело со всеми без исключения семьями родственных языков, у каждой имеется этнос – носитель праязыка. К примеру, две тысячи лет назад люди, называвшие себя *Romanorum*, завоевали пол Европы; с тех пор здесь бытуют романские языки: португальский, испанский, каталанский, французский, итальянский и другие. И никто не сомневается в реальности римлян и в том, что их язык – народная латынь – является языком-основой (праязыком) романской языковой группы. Самоназвание носителей праязыка «индоевропейской группы языков» нам не известно, но нет ни малейших оснований полагать, что они именовали себя ариями или, чего доброго, славянами. Так стоит ли удивляться, что наименование группы языков перенесено на народы, говорящие на этих языках. Это совершенно естественно: индоевропейцы – носители раннеиндоевропейских диалектов. А вот требование Клесова именовать носителей «индоевропейской группы языков» праславянами выглядит идиотски. С таким же успехом какой-нибудь безумный португалец мог бы потребовать называть древних римлян «прапортугальцами».

Вообще сам принцип именования древнее генеалогического единства именем одной из позднейших веточек глубоко порочен с точки зрения правил генеалогической номинации. Потому, что ставит другие ветви генеалогического древа в неравное положение с терминологически выделенной. Это относится к научной терминологии всех «генеалогических» систем: языковой, этнографической, археологической, генетической. Даже издавна сложившаяся и ставшая привычной терминологическая традиция не оправдывает подобного положения вещей. Именно поэтому устаревшее понятие «индогерманские языки», широко распространенное еще в начале прошлого века, в современной лингвистической номенклатуре было со временем заменено термином «индоевропейские». Индостан и Европа – понятия преимущественно географические и не несут явной этнической и языковой смысловой нагрузки. Но именно нейтральный термин «индоевропейцы» Клесову активно не нравится, и он стремится заменить его этнически окрашенным. Только на этот раз не «германцы», а «славяне». Ну и, естественно, не забыты приснопамятные «арийцы». Без них национальным энтузиастам любой этнической принадлежности ну просто никак не обойтись.

Показательно, что вся эта чушь подается под соусом борьбы с политкорректностью. Видимо исконному русаку Клесову нелегко живется в Бостоне, в окружении жутко политкорректных америкосов. «А как сейчас смотрят на «индоевропейцев» современные науки? «Индоевропейцы» у них – это вроде слонопотама»... «Согласно индийским ведам, именно арии пришли в Индию с севера, и это их гимны и сказания легли в основу индийских вед. И, продолжая дальше, ведь это русский язык (и родственные ему балтийские языки, например, литовский) ближе всех к санскриту, а от русского и балтийских языков и до Европы рукой подать. Стало быть, балто-славянские языки и есть основа “индоевропейских языков”, не так ли? То есть, они же и арийские языки, если называть вещи своими именами. Так, никто и не спорит. Но, знаете ли, это как-то неправильно славянам такую честь оказывать. “Индоевропейские языки” – это политкорректно, некие безликие “индоевропейцы” – тем более политкорректно, славяне – не очень политкорректно. А уж арии – это, знаете ли, чреватое» – пишет Клесов (www.lebed.com/2008/art5375.htm).

Не стоило большого труда поднять специальную или даже добротную популярную литературу и убедиться в том, что индоарийские языки отличаются от балто-славянских в той же степени, что и от германских, кельтских, латыни, греческого, армянского и других «“индоевропейских языков”». Но Клесов предпочитает пофантазировать о том, что «русский язык (и родственные ему балтийские языки, например, литовский) ближе всех к санскриту». Или он это где-то в интернете раскопал? Но даже, если допустить, что индоиранские, балто-славянские, греческий, армянский и некоторые другие языки ближе друг к другу, чем к остальным ветвям индоевропейской семьи (есть такая гипотеза в компаративистике), то и в этом случае, на каком основании Клесов именует носителей балто-славяно-арийско-греко-армянского праязыка «арийцами» и «славянами», а не, к примеру, литовцами или армянами, неведомо. Только потому, что и арийцы и славяне расселяясь за пределы своих прародин, прошли через родную ему «Южную Россию»?

Вообще способ, посредством которого Клесов присваивает наименования гаплогруппам в своих популярных интернет-публикациях, открывает широчайшие возможности. Если R1a1 – славяне, то почему бы не назвать этим именем всю гаплогруппу R1, записав в число «славян» еще и басков с грузинами. Впрочем, чего мелочиться. Давайте объявим славянской всю обширнейшую гаплогруппу R 25-тысячной давности с камерунскими неграми и чернокожими австралийскими аборигенами. Чем не славяне?

А уж обоснование такого подхода просто поражает: «Давайте договоримся – говоря о славянах, я имею в виду не современную “этнокультурную общность”, а наших предков, живших тысячелетия назад. Должно же быть у них какое-то имя? Не неуклюжее “праиндоевропейцы” же? И не “индоиранцы”, так? Пусть будут славяне, праславяне» – пишет

Клесов (www.lebed.com/2008/art5375.htm). А почему не «россияне»? Ведь речь идет о «наших предках».

Абсурдность такой логики можно продемонстрировать на «бытовом» примере. Допустим, некий гражданин Пупкин выясняет, что по мужской линии он принадлежит к роду князей Головня-Острожецких, к примеру. На этом основании он переименовывает род Головня-Острожецких в Пупкиных, поскольку в его родном селе доля этих самых Пупкиных – потомков крепостных крестьян одного из князей – «достигает 60–75% и выше», и все они несут гаплотип своего любвеобильного барина. А почему бы нет? Ведь Головня-Острожецкий – «это вроде слонопотама», «чудовищно неуклюжий термин», «просто издевательство над здравым смыслом». Ну а то обстоятельство, что «термин» этот является общепринятым в политкорректном мире, нам не указ. В наших «старинных русских селениях» нас, Пупкиных, «– до 80 %». Мало того, поскольку князья Головня-Острожецкие принадлежат к роду Рюриковичей, то и самих Рюриковичей можно в Протопупкиных перекрестить под лозунгом борьбы с ненавистной политкорректностью. «Должно же быть у них какое-то имя? Не неуклюжее “Головня-Острожецкие” же? И не “Рюриковичи”, так? Пусть будут» Пупкины, Протопупкины. Нам из родного села «на юге России» виднее как «наших предков» именовать.

«Так арии и праславяне стараниями наших ученых стали безликими “индоевропейцами”, а арийские, древнеславянские языки стали “индоиранскими”. Это тоже политкорректно. И пошли совершенно фантастичные пассажи, принятые в научной литературе, что “на Днепре жили ираноязычные племена”, что “скифы были ираноязычны”» (www.lebed.com/2008/art5375.htm). «На Днепре, Доне и Урал-реке жили не “ираноязычные народы”. Славяне там жили, праславяне, арии, и это был их язык» (www.lebed.com/2008/art5386.htm) – пишет Клесов.

Читая подобные перлы, поневоле удивляешься неспособности ученого-естественника отделять значение термина от его этимологии. Слово «иранский» в данном случае – это не более чем этикетка, маркирующая группу близкородственных языков внутри обширной индоиранской (арийской) языковой общности. Безусловно, исторические скифы называли себя не «иранцами», а скорее ариями, и имели, возможно, арийское самосознание (на это указывает имена скифов Ариапеифес и Ариантас), как, впрочем, и остальные иранские народы: «персы, мидийцы, бактрийцы и согдийцы относятся к ариям и пользуются почти одним и тем же языком» (Страбон). Обойтись же без термина «иранский» в современной «научной литературе» никак нельзя, поскольку обширная арийская (индоиранская) языковая группа состоит из нескольких ветвей: индоарийской, дардской, нуристанской, переднеазиатской арийской... И, для одной из этих ветвей, включающей скифский язык, лучшего наименования, чем «иранская» придумать мудрено. Да и само слово Iran является результатом развития на

почве новоперсидского языка древнего слова *Ariana*, что означает «арийская, страна ариев». От скифского языка сохранилось около 200 словооснов, этого более чем достаточно для определения его положения в генетической классификации языков. Слова «скифы были ираноязычны» означают лишь то, что 2500 лет назад, когда Гесихий и Геродот записывали скифские слова и растолковывали своим читателям их этимологию, язык европейских скифов по множеству четко зафиксированных особенностей исторической фонетики и лексики был близок к языку Авесты, древнеперсидскому, языкам мидийцев, согдийцев и других народов, которые принято именовать «иранскими», но при этом существенно отличался от арийских языков Индии и Нуристана. Только и всего. Данное обстоятельство, по-видимому, свидетельствует о том, что один из арийских языков (праиранский) продолжал бытовать в евразийских степях еще около 3500 лет назад, когда другие арии уже ушли несколькими волнами на юг – в Индию (индоарийские языки), на Ближний Восток (митаннийский арийский), в район Гиндукуша (нуристанские и дардские языки). Судя по множеству черт исторической фонетики, роднящих скифский язык с древнеперсидским и авестийским, но четко отделяющих от древнеиндийского (ведийского и санскрита), в Иранское нагорье предки персов, мидийцев, согдийцев переселились лишь в конце бронзового века. К тому времени другие арии уже давно заселили Гиндукуш и северную Индию. Историческая фонетика и лексикостатистика, кстати, науки точные, и неспециалисту, прежде чем измышлять гипотезы о взаимоотношениях языков, полезно было бы почитать специальную литературу, а не вести себя, как 14-летний интернет-подросток. Осуждая «совершенно фантастичные пассажи, принятые в научной литературе» уважаемый профессор выступает как безответственный дилетант.

И стоит ли говорить о том, что никакой «арийскости» ни в языке, ни в самосознании славян, германцев, греков и других носителей индоевропейских языков не наблюдается. Праславянский язык не является результатом развития ни скифского, ни праиранского, ни праарийского (праиндоиранского) языка. Это либо вполне самостоятельная, либо общая с западнобалтскими (прусским, ятвяжским и несколькими другими вымершими языками) линия развития раннеиндоевропейских диалектов. Поэтому, и называть славян ариями бессмысленно.

А еще поражает полная неспособность доктора наук учиться, получать простейшие сведения в новой для себя области знания хотя бы с помощью википедии. Раз уж взялся писать о языках («древнеславянские языки», «ираноязычные племена», «это был их язык»), то прежде чем трубить о перевороте в языкознании курам на смех, посиди в интернете почитай, чай грамотный. Двух, трех дней хватило бы для того, чтобы понять: «На Днепре, Доне и Урал-реке» не мог существовать какой-то один «праславянско-арийский язык». За последние четыре тысячи лет здесь

сменились десятки, если не сотни языков множества разных групп. Только в степной полосе региона последовательно сменяли друг друга языки, принесенные из Центральной Азии: калмыцкий (XVII в.), ногайский (в XV веке), кыпчакский половцев (XII в.), огузский торков (XI в.), печенежский (X в.), венгерский (IX в.), болгарско-хазарский (VI в.), аварский (V в.), гуннский (IV в.), аланский (I в.) и так далее вглубь веков. И не один из этих языков не был прямым продолжением своего предшественника в данном регионе. Еще сложнее было положение в восточноевропейской лесостепи судя по чехарде разнородных культур, принесенных из самых разных концов Европы и Азии: тюркский язык волжских и черных болгар (VIII–XIII вв.) мигрировал из Приуралья через Приазовье, славянский язык населения луки-райковецкой и роменско-боршевской культур (VIII–IX вв.) – из Полесья и Волыни, аланский оседлого лесостепного населения салтово-маяцкой культуры Подонья (VIII–IX вв.) – из Центрального Предкавказья, готский язык (III–IV вв.) – из Скандинавии через Польшу и Волынь, балтские языки культур выямчатых эмалей (II–VIII вв.) – несколькими волнами из Прибалтики через Белоруссию, сарматский язык сусловской культуры днепровско-донской лесостепи (I–II вв.) – из Центральной Азии через степную полосу. Какой такой «их язык» Клесов разглядел «На Днепре, Доне и Урал-реке»? Ей Богу, историческое языкознание – наука не менее сложная, чем биохимия. И здесь так же необходимо применять декларированное самим же Клесовым «золотое правило науки: Экстраординарные выводы требуют экстраординарных обоснований» (<http://berkovich-zametki.com/2008/Zametki/Nomer1/Klyosov1.htm>).

Арийскость и славянскость гаплогруппы R1a1 – это не единственная глупость, которую запустил гулять по интернету Анатолий Клесов. Похоже, это с его подачи «кельтской» именуется западноевропейская гаплогруппа R1b1. Исторические кельты, они же галлы и галаты, согласно свидетельствам античных авторов в V веке до н. э. обитали в верховьях Дуная, а затем расселились по всей Европе и Передней Азии, сожгли Рим, разграбили Дельфийское святилище в Греции и, в итоге, разнесли свой язык на огромной территории от Анатолии до Бретани. Кельтскими, как видно, могут быть названы только кластеры 2500-летнего возраста гаплогрупп R1b1 или R1a1 с подходящей географией, но никак не вся гаплогруппа R1b1. Пракельтский язык, восстановленный средствами компаративистики, является типичным индоевропейским, родственным италийским и иллирийским языкам. И если расселение праиндоевропейцев по Клесову связано с гаплогруппой R1a1, то, следовательно, для протокельтов она является более предпочтительной, чем R1b1. До прихода кельтов в Западную Европу здесь, судя по свидетельствам античных авторов, обитало явно не индоевропейское по языку и культуре население: иберы (Испания), аквитаны (Франция), лигуры (Северная Италия), пикты (Британия). Один из иберийских языков

– баскский – дожил до наших дней, язык пиктов сохранился в памятниках письменности. Это языки-изоляты, коренным образом отличающиеся от кельтских и остальных индоевропейских. Но именно у басков наблюдается наибольший в Европе процент носителей R1b1, высок он и у современного населения Великобритании и Ирландии. Так что для всей гаплогруппы R1b1 приемлемым является наименование «баскская» или «иберийско-пиктская», но никак не «кельтская». Античные авторы противопоставляли кельтов и иберов даже по внешнему облику: кельты, как и арии – высокие голубоглазые блондины (галлы из кинофильмов об Астериксе), иберы – низкорослые смуглокожие брюнеты. Как установил сам Клесов на основании датировки гаплотипов, население гаплогруппы R1b1c расселилось в западной части европейского континента еще около 5 тыс. лет назад. Именно тогда здесь сформировались культуры так называемого «западного неолита», резко отличающиеся от культур «дунайского неолита» Центральной Европы. Вот только какое отношение к этой эпохе имеют кельты – современники Юлия Цезаря – непонятно. Брякнул не подумавши – и пошла гулять по интернету «кельтская гаплогруппа R1b» (www.lebed.com/2008/art5386.htm).

Больше всего в текстах Клесова раздражает апломб, менторский тон с которым он поучает лингвистов с историками, демонстрируя при этом чудовищное невежество в гуманитарной сфере знания, а то и элементарное отсутствие какой бы то ни было логики, но зато с претензией: «Устраивайтесь поудобнее, уважаемый читатель. 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?» (www.lebed.com/2008/art5375.htm). Вот взятый почти наугад образчик клесовских поучений. Характеризуя локализацию прародины гаплогруппы F 40-тысячелетней давности, Клесов неожиданно делает отступление историко-языкового характера: «...именно туда, в район озер Ван и Урмия, 100–150 км южнее границы бывшего СССР, и помещает крупная школа лингвистов “прародину индоевропейцев”. Но было это примерно 40 тыс. лет назад, и лингвисты, похоже, о таком временном сроке и не подозревают Нет у них таких данных. Во всяком случае в ставшем классическим труде «Индоевропейский язык и индоевропейцы» (1984) авторы, Т. В. Гамкрелидзе и В. В. Иванов, определяют времена распада праязыка как «не позднее IV тысячелетия до нашей эры, а возможно и значительно ранее». Лингвисты-глоттохронологи помещают этот языковый распад в период 8–11 тысяч лет назад, а наиболее смелые предположения опускают этот период до 23 тысяч лет назад. На самом деле – примерно 40 тысяч лет назад. Об этом тоже говорят записи в наших ДНК». (www.lebed.com/2008/art5386.htm). Бедные лингвисты, они, конечно, «и не подозревают», что носители праиндоевропейского языка – земледельцы и скотоводы, знавшие керамическое производство,

металлургию и колесный транспорт – жили, оказывается, «40 тыс. лет назад. Им, лингвистам, и в голову не приходит, что поучать их будет человек, не имеющий ни малейшего представления ни о языкознании, ни об истории, даже в объеме курса средней школы. Да, впрочем, не в конкретных знаниях и дело. Есть такая форма слабоумия, когда больной отождествляет несколько событий, произошедших в разное время, но в одном месте. Распад праиндоевропейского языка 6 тыс. лет назад и распад гаплогруппы F 40 тыс. лет назад – это два разных события. И даже если они локализируются в одном регионе, то и тогда спутать их может либо слабоумный, либо абсолютный невежда. Самое же смешное в этом чудном пассаже то, что Клесов забыл, что у него «индоевропейцы»-арийцы-славяне – это носители гаплогруппы R1a1, а не F. Отождествляя дату распада праиндоевропейского языкового единства с датой дезинтеграции макрогаплогруппы F, Клесов записывает в «индоевропейцы» практически всех коренных обитателей Евразии и Америки, включая папуасов, чукчей, эскимосов и американских индейцев.

Есть в текстах Клесова и еще одна странность – двойные терминологические стандарты в ситуациях, когда речь идет о славянах и евреях. Все, глупости, о которых шла речь выше, относится исключительно к «славянам-ариям-“индоевропейцам”». Когда же речь заходит о евреях, Анатолий Алексеевич становится терминологически исключительно корректен и традиционен. В своих великолепных работах «Происхождение евреев с точки зрения ДНК-генеалогии» (<http://berkovich-zametki.com/2008/Zametki/Nomer1/Klyosov1.htm>) и «Поиски пропавших колен израилевых с помощью ДНК-генеалогии» (<http://berkovich-zametki.com/2007/Zametki/Nomer5/Klyosov1.htm>) он ни на йоту не отходит от общепризнанных взглядов на этническую и языковую историю еврейского народа.

Вот бы повторить эту работу на том же профессиональном уровне, но применительно к своему собственному народу. Или уже поздно? Наговорил всяких глупостей «эффекта разорвавшейся бомбы» в нескольких предварительных интернет-публикациях, теперь стыдно возвращаться к теме?

* * *

Мои комментарии к тексту М. Подгайного приведены выше. Нет смысла комментировать всю ту путаницу, которую Подгайный здесь нагородил. Поэтому всякую мелкую ахиною, которая в основном и составляет этот текст, я оставил без внимания. Чего стоит, например, ерунда про гаплогруппу F, которую по мнению «критика» я «записал в индоевропейцы»?
А. Клёсов

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 16

Анатолий Клёсов

Newton, Massachusetts 02459, U.S.A.

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

ПИСЬМО ПЯТЬДЕСЯТ ПЕРВОЕ (перевод с английского)

Пожалуйста, помогите мне. Я пытаюсь найти своего отца, которого не знаю. Я занимаюсь этим несколько лет, используя традиционные способы, и сейчас перехожу на ДНК.

Мой биологический отец встретил мою будущую мать в 1951 году, когда ей было 19 лет. Поблизости были три военные базы, и они встретились на танцах, на которые обычно приходили много солдат. Думаю, что он был одним из них. Он назвался ей фиктивным именем. Это было в Вилтшире, Англия.

Моя (и его) гаплогруппа J1e. Полагаю, что это или арабская линия, или северная или восточная Европа, которая могла отделиться от ближневосточной линии гаплогруппы J1e очень давно, на заре этой гаплогруппы. Скорее всего, я происхожу из этой второй группы. Наверное, мой отец был англичанином. Хотя в 1951 году на базах служили еще канадские и польские парашотисты.

Моя ДНК-тестирующая компания оказалась бесполезной в отношении поисков. Например, дала близкий гаплотип из Гвинеи-Биссау, что просто смешно. Не так ли?

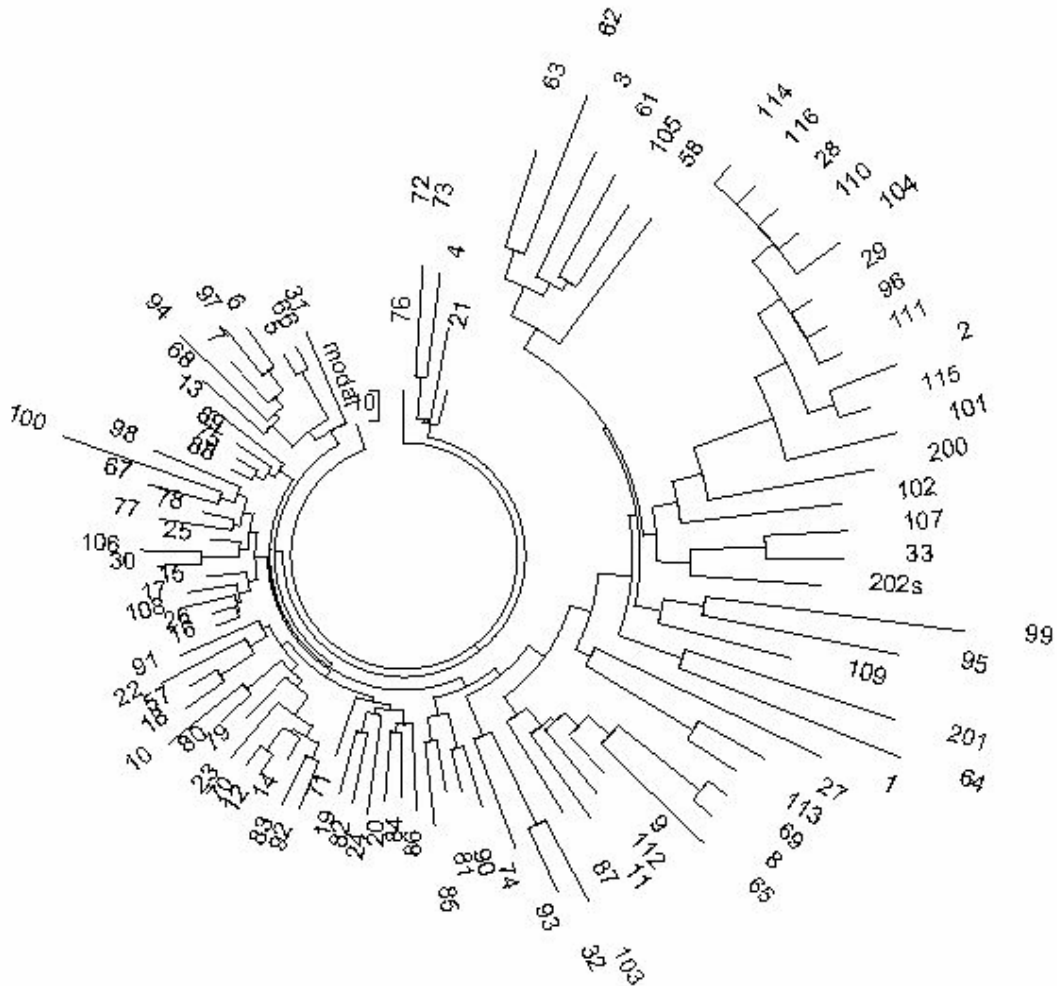
Направляю вам результаты анализа моей аутосомальной ДНК. мтДНК я еще не определял, но мой дед по материнской линии имеет I1a1b, а прадед по другой материнской линии имеет R1b1c. Подозреваю, что вряд ли можно установить, какая часть моего аутосомного анализа относится именно к моему отцу. Как это можно установить? Если он еще жив, то ему

должно быть между 79 и 90 лет. Он, видимо, и не подозревает о моем существовании, как и о том, что у него – прелестная 5-летняя внучка. Можете ли вы мне помочь в поисках? Прилагаю мой 67-маркерный гаплотип.

МОЙ ОТВЕТ:

Вы в целом правы в своем анализе. Ваш гаплотип относится к арабской линии гаплогруппы J1e, и ваш далекий предок мог, например, принимать участие в европейских походах в 7-м веке нашей эры, и остаться в Европе. После этого ваша линия стала фактически европейской. Технически, ваш отец мог быть любой европейской национальности, поскольку эта гаплогруппа разошлась за последнее тысячелетие по всей Европе – хотя в значительно меньших количествах, чем, например, гаплогруппа R1b1b2.

Что практически определено – вы не еврей по происхождению. Ваш гаплотип значительно удален от типичных гаплотипов евреев. К сожалению, ваш гаплотип определяли в компании Genebase, и у них своя система записи гаплотипов и своя система, какие маркеры анализировать. Поэтому я не могу сопоставить ваш гаплотип с другими в той мере, какая дала бы ответ на многие вопросы. Но кое-что сделать можно. Например, на рисунке ниже показано дерево 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы J1e для евреев (более плотная ветвь в верхней части дерева) и более «эклектичная» ветвь справа внизу, которая объединяет гаплотипы разного происхождения, но, видимо, в конечном итоге арабского происхождения. В той же ветви находятся гаплотипы и самих арабов. Туда же по ряду аллелей, которые удастся идентифицировать, попадает и ваш гаплотип. Наиболее близкий аналог вашему гаплотипу – номер 99 на дереве, который принадлежит арабу.



Дерево из 94 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы J1e. Левая, более плотная ветвь, почти исключительно состоит из гаплотипов евреев, так называемые «модальные гаплотипы коэнов» по их характерным 6-маркерным сегментам. Их общий предок жил примерно тысячу лет назад. Ветвь справа внизу почти не содержит гаплотипов евреев. Гаплотип 99 наиболее близок по аллелям гаплотипу автора приводимого здесь письма. Гаплотипы 99, 200, 201 и 202 принадлежат арабам (индексом s в 202s помечен араб-сайед, потомок линии Магомета).

Это всё, что мог сделать с тем, что есть в наличии. Желаю успеха в дальнейших поисках.

ПИСЬМО ПЯТЬДЕСЯТ ВТОРОЕ (перевод с английского)

Я живу в Германии, моя гаплогруппа R1a1, и мои относительно недавние предки жили в Польше последние 250-300 лет, хотя имели фамилии англосаксонского и шотландского происхождения. По некоторым причинам я полагаю, что имею отношение к скандинавам. Но меня озадачивает, что в маркерах YCAIIb у меня 19-24. Как такое может быть?

Далее, если R1a1 прибыли в Европу из Азии, то как могло получиться, что эти два маркера (аллели) у скандинавов оказались 19-21, а не 19-23? Может ли быть такое, что все 19-21 в Азии вымерли, или все ушли в Скандинавию, никого не оставив?

Как могло получиться, что у DYS388=10 эта пара 19-23, а не 19-21?

Может ли помочь понять ситуацию то, что на Балканах для гаплогрупп I1 и I2 типична пара 19-21, а I1-I2 часто встречаются там же, где и R1a1?

Может ли быть такое, что мутация в YCAIIb 23→21 произошла в течение 600 лет, между 2500 лет назад (когда преимущественно была 23) и 1900 лет назад (когда у многих скандинавов появилась 21)?

Что вы по этим вопросам думаете? Это важный вопрос. Прилагаю свой 37-маркерный гаплотип. Посмотрите на него, пожалуйста. Как вы можете объяснить мою пару 19-24?

МОЙ ОТВЕТ:

Ваш интерес к скандинавским гаплотипам вполне оправдан, и это я поясню ниже. А вот повышенный интерес к паре 19-24 вряд ли оправдан, поскольку это просто случайная мутация от 19-23 на единицу «вверх», вот и всё. Такое может произойти у любого в любом поколении, хотя и происходит нечасто. Но в большом городе – каждый день. Или каждую неделю.

Смотрите сами. Скорость мутации у этого маркера (YCAIIb) по данным Чандлера 0.00123 мутации в поколение. То есть происходит в среднем один раз на 813 поколений. Естественно, если взять одну генеалогическую линию, то такая мутация случится раз в 20 тысяч лет. Но это же означает, что на 813 рождений мальчиков она в среднем и происходит. Вы – один из них. Или Ваш отец. Или другой предок в Вашей линии. Так что это нормальное дело. Что удобно, поскольку мутация относительно редкая – это искать близких родственников. Хотя, как понимаете, можно захватить

значительно более широкий круг людей, так что нужны дополнительные свидетельства родства.

Из 613 37-маркерных гаплотипов группы R1a1 в моем списке «24» наблюдается у 13 человек, «25» у двоих, «22» у 18, и «19» у четырех. У остальных «23» или «21». Как видите, почти нормальное распределение.

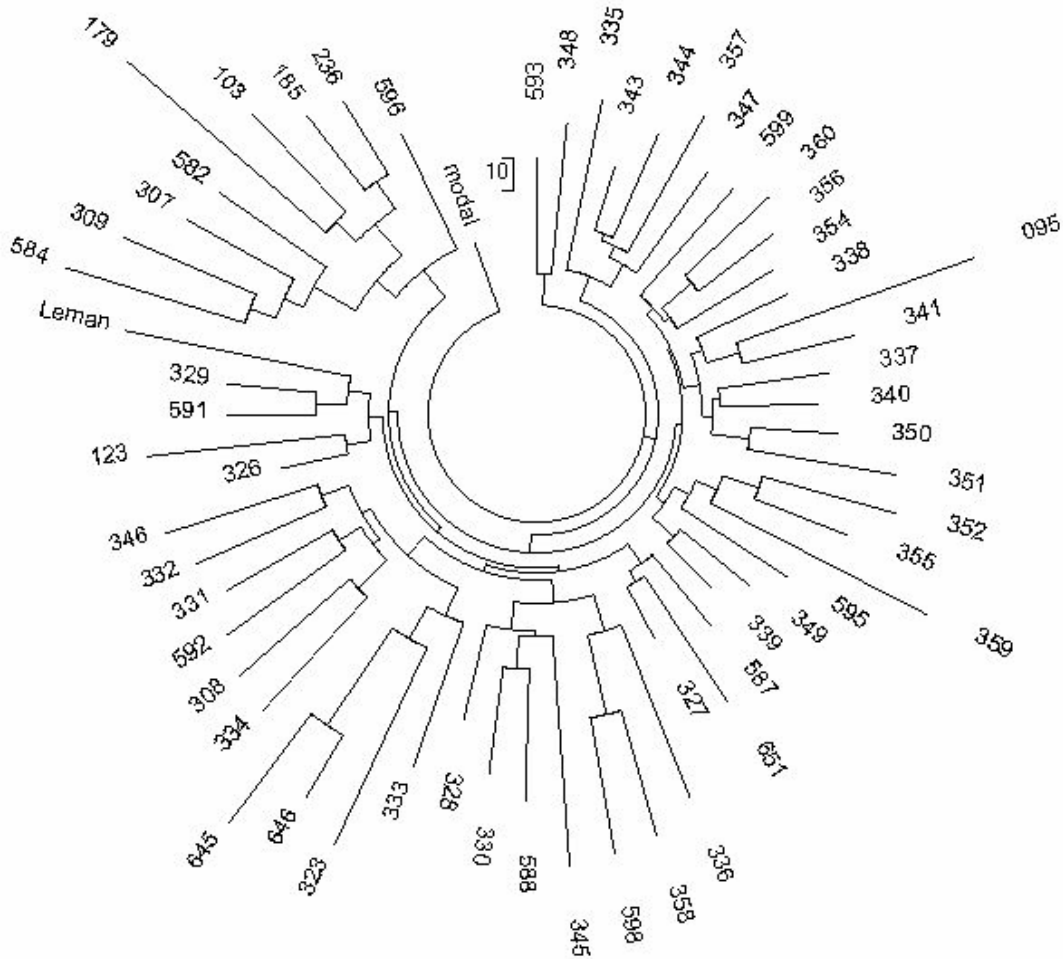
Так что с этим разобрались. Вряд ли «24» покажет Ваше происхождение.

То, что у молодых ветвей скандинавов наблюдается преимущественно 19-21, говорит о локальном распределении этого маркера в их популяции. Где и когда именно образовалась эта аллель «21» мы точно не знаем. Возможно, на Русской равнине между 4100 и 1900 лет назад, и оттуда носители YCAIIb=21 пришли в Скандинавию, не оставив никого из потомков на Равнине, возможно, оставили, но потомки вымерли, возможно, эта мутация образовалась в ходе их передвижения. Сценариев сколько угодно, но так ли они важны? Но мы знаем, что 4100±700 лет назад общий предок части населения Скандинавии и соседних регионов имел в этом маркере «23», а родственная популяция, произошедшая от этого общего предка, но уже с «21» в этом маркере, имела своего «отца-основателя», который жил 1900±400 лет назад. Возможно, этот отец-основатель передвинулся на новое место, и дал свой «куст» популяции, которая сейчас выглядит как отдельная, молодая ветвь на дереве гаплотипов (см. ниже).

То, что у DYS388=10 эта пара 19-23, а не 19-21, не имеет никакого отношения к этому вопросу. Это совершенно другая популяция, тоже имеющая свои корни, видимо, на Русской равнине, как и практически все современные европейские популяции группы R1a1, но у которой своя судьба. Там тоже есть разрыв между DYS388=12 и DYS388=10, и либо этот скачок был двойным (что маловероятно), либо опять потомки с DYS388=11 не выжили. «Разорванные» фрагменты популяций – совершенно типичная ситуация в современном мире. Среди 132 гаплотипов DYS388=10 в моем списке только двое имеют YCAIIb=21. Но, как видите, такие есть. Тоже, видимо, неупорядоченные мутации.

Что касается вашего вопроса – «может ли помочь понять ситуацию то, что на Балканах для гаплогрупп I1 и I2 типична пара 19-21, а I1-I2 часто встречаются там же, где и R1a1» - то нет, не поможет. Мутации в отдельных гаплогруппах – совершенно независимые события. Аллели не перескакивают из гаплогруппы в гаплогруппу.

Что касается вашего личного гаплотипа – то он вполне комфортно сидит на скандинавском дереве гаплотипов, на «старой скандинавской ветви», слева, с вашей фамилией на нем.



Дерево из 51 37-маркерных скандинавских гаплотипов. Исходное дерево, к которому добавлен гаплотип автора письма, опубликовано в работе (Рожанский и Клёсов, Вестник, т. 2, № 6, 2009, стр. 1010). Слева – «старая скандинавская ветвь», с возрастом общего предка 4100 ± 700 лет. Справа – «молодая скандинавская ветвь», с возрастом 1900 ± 400 лет.

Ваш гаплотип полностью совпадает с базовым (предковым) гаплотипом старой скандинавской ветви на первых 12 маркерах (первая панель), имеет пять мутаций на второй панели (маркеры 13-25), и еще 8 мутаций на третьей панели (маркеры 26-37). В сумме 13 мутаций на 37 маркерах отодвигают вас от общего предка – но, как видите, никакой статистики –

примерно на 4225 лет. Это вполне близко с возрастом общего предка примерно 4100 лет. Так что вы вполне «среднестатистический потомок» старых скандинавов. От базового гаплотипа «молодых скандинавов» вас отделяло бы 17 мутаций на 37 маркерах, что никак бы не подходило по возрасту ветви.

ПИСЬМО ПЯТЬДЕСЯТ ТРЕТЬЕ

Подскажите, пожалуйста, как рассчитать по двум гаплотипам, приведенным ниже, когда жил наш общий предок (первый гаплотип мой):

DYS 393	DYS 390	DYS 19/394	DYS 391	DYS 385a	DYS 385b	DYS 439	DYS 389-1	DYS 392	DYS 389-2
12	23	14	10	13	15	11	13	11	30
DYS 458	DYS 437	DYS 448	GATA H4	DYS 456	DYS 438	DYS 635			
17	15	20	9	18	9	23			

Haplogroup: J2a4b*

DYS 393	DYS 390	DYS 19/394	DYS 391	DYS 385a	DYS 385b	DYS 426	DYS 388	DYS 439	DYS 389-1
12	25	14	10	14	15	11	16	13	13
DYS 392	DYS 389-2	DYS 458	DYS 459a	DYS 459b	DYS 455	DYS 454	DYS 447	DYS 437	DYS 448
11	30	19	9	9	11	11	26	16	20
DYS 449	DYS 464a	DYS 464b	DYS 464c	DYS 464d	DYS 460	GATA H4	YCA IIa	YCA IIb	DYS 456
29	13	15	16	16	10	10	19	22	15
DYS 607	DYS 576	DYS 570	CDY a	CDY b	DYS 442	DYS 438			
15	19	14	35	39	11	9			

Haplogroup: J2*

МОЙ ОТВЕТ:

Задача исходно некорректная, поскольку эти два гаплотипа принадлежат двум разным субкладам. Иначе говоря, общий предок как минимум был общим предком этих двух субкладов, а поскольку субклад J2a4b* является нисходящим по цепочке

J2 → J2a → J2a4 → J2a4b

или

M172 → M410 → L27 → M67

то общий предок вас двоих был как минимум общим предком гаплогруппы J2, плюс два временных расстояния – «внутри» гаплогруппы J2 и «внутри» субклада J2a4b. Это составит не менее 12 тысяч лет, и то это нижний предел.

Посмотрим что даст формальный расчет, хотя для двух гаплотипов это примерно как бросать монету два раза, ожидая хорошей статистики. Или, перефразируя вопрос – «Моему соседу 28 лет, а мне 22. Какое расстояние до нашего общего предка?». Если вы родные братья, то 6 лет, с определенными допущениями. Если двоюродные братья, то лет пятьдесят. Если троюродные, то лет 70-80. А если просто соседи, то может быть и много тысячелетий до вашего общего предка, а то и десятки тысяч лет, если сосед чернокожий.

Иначе говоря, в простом варианте сравнивать следует в пределах своего рода при максимальном уточнении гаплогрупп и субкладов. Возвращаемся к формальному расчету, понимая, что это будет ниже нижней границы. Оказывается, к тому же, что приведенные гаплотипы представлены в двух разных форматах, первый в 17-маркерном Y-Filer (стандарт американского ФБР), второй в 37-маркерном FTDNA. Из первых 12 маркеров у них пересекаются десять (в Y-Filer отсутствуют DYS426 и 388). В этих десяти маркерах между гаплотипами пять мутаций. Средняя величина константы скорости мутаций для этих 10 маркеров равна 0.022 мутаций на гаплотип (0.0022 мутаций на маркер) (Klyosov, J. Genet. Geneal. 2009, vol. 5, No. 2, pp. 186-216). Получаем временную разницу между двумя гаплотипами $5/0.022 = 227$ поколений без поправки на возвратные мутации, или 292 поколения с поправкой (поправочная таблица – в той же ссылке), что составляет примерно 7300 лет. Здесь явно нет «эквилибриционности» до общего предка, потому что один скорее всего намного древнее другого. Но если она есть, то общий предок жил примерно $7300/2 = 3650$ лет назад. Если ее нет, то он вполне мог жить 7300 или 10000 лет назад, или 12000 лет назад, или почти любое время в этих диапазонах, или в более древние времена. Решение становится неустойчивым. К тому же на шести дополнительных маркерах прибавляется еще 7 мутаций, их становится 12 мутаций на 16 маркерах. Поскольку для 17-маркерных гаплотипов в формате Y-Filer средняя скорость мутаций равна 0.002 на маркер, то имеем $12/16/0.002 = 375$ поколений до общего предка без поправки, или 585 поколений с поправкой, то есть 14625 лет между гаплотипами. Это уже более реалистично. Значит, общий предок жил как минимум 7300 лет назад, а скорее ближе к 14 тысячам лет назад.