

Ultima ratio

**Вестник Российской Академии
ДНК-генеалогии**

Том 4, № 7

2011 июль

Российская Академия ДНК-генеалогии

ISSN 1942-7484

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Научно-публицистическое издание Российской Академии ДНК-генеалогии. Издательство Lulu inc., 2011.

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, 2011. При перепечатке ссылка обязательна.

© РА-ДНК, 2011

СОДЕРЖАНИЕ НОМЕРА

Оглавление	1366
ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2) <i>А.А. Клёсов</i>	1367
Архаичная (архантропная в терминах антропологии) линия гаплогруппы А. <i>А.А. Клёсов и И. Л. Рожанский</i>	1495
Происхождение евреев в контексте ДНК-генеалогии, и не только её <i>А.А. Клёсов</i>	1503
ПОЛЕМИКА	
Российская Академия ДНК генеалогии и ее Вестник. <i>А.А. Клёсов</i>	1515
DISCUSSIONS and Correspondence on DNA Genealogy	
The mutation rate constant for the 111 marker haplotype panel. <i>Anatole A. Klyosov</i>	1535
ОБРАЩЕНИЯ читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии. Часть 29, письма 92-95	1540

ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2)

А.А. Клёсов

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

Резюме

С помощью самых «медленных» 22 маркеров 67-маркерной серии проведены датировки возникновения всех гаплогрупп современного мужского населения Земли, кроме гаплогрупп К и М, по которым в базах данных нет 67-маркерных гаплотипов, а значит, и 22-маркерных. «Возраст» общих предков гаплогрупп оказался следующий:

Общий предок «альфа»-гаплогруппы жил $136,000 \pm 9,000$ лет назад (по 21 гаплогруппе и их субкладам). Это тот, кого называют «хромосомным Адамом». От него произошли все (или практически все, чьи Y-хромосомы были тестированы на гаплотипы и гаплогруппы), африканцы и неафриканцы.

Общий предок «бета»-гаплогруппы жил $64,000 \pm 6,000$ лет назад. От него произошли неафриканцы.

Обе гаплогруппы, «альфа» и «бета», по-видимому, не африканского происхождения, и гаплотипы, которые сходились бы к ним напрямую, пока не выявлены. От «альфа»-гаплогруппы отошли гаплогруппы А и В, они мигрировали в Африку соответственно 85 и 46 тысяч лет назад. От «альфа»-гаплогруппы произошла «бета»-гаплогруппа, которая прошла бутылочное горлышко популяции $64,000 \pm 6,000$ лет назад. Возможно, это было результатом катастрофического извержения вулкана Тоба 72 тысячи лет назад. От выживших представителей бета-гаплогруппы произошло современное население Земли, кроме африканского населения. Поскольку африканские гаплогруппы и неафриканские эволюционировали отдельно 149 тысяч лет ($85,000 + 64,000$), это объясняет значительные геномные расхождения между африканцами и неафриканцами, выявленные генетиками, что вовсе не доказывает «выход человечества из Африки».

Введение

В настоящей работе предпринята попытка расчета «возраста гаплогрупп» на основании вида их базовых гаплотипов. Осмыслить данный подход поможет следующая картина. Если принять, что все земляне-мужчины произошли от одного общего предка («хромосомного Адама»), то есть что мужская половина человечества прошла «бутылочное горлышко популяции» примерно 136 тысяч лет назад, и начиная с примерно 64 тысячи лет назад выжило и размножилось внеафриканское человечество, то из этого будут следовать два вполне очевидных вывода: (1) гаплотипы всех мужчин-неафриканцев планеты будут относительно похожи друг на друга, с мутационными сдвигами по базовым гаплотипам гаплогрупп и их ветвей не превышающими примерно 64 тысяч лет (при их количественном сопоставлении), и (2) базовые гаплотипы всех популяций составляют одну цельную систему, одно дерево базовых гаплотипов, независимо от гаплогрупп и снипов. Действительно, появление снипов (SNP) и мутаций в маркерах (STR) – это совершенно независимые процессы, не зависящие одни от других. У сына в Y-хромосоме мог появиться новый снип, отличный от родителя, но свой гаплотип он унаследовал от отца либо в неизменном виде, либо с ограниченным количеством мутаций. Поэтому снипы (крайне медленные мутации, часто практически необратимые) и «тандемные мутации» происходят в «двух параллельных мирах» Y-хромосомы. А значит, идентификация сдвигов в базовых гаплотипах не должна зависеть от снипов. Ясно, что эти сдвиги относительно невелики в соседних гаплогруппах, и по мере продвижения по дереву базовых гаплотипов они расходятся, но это всё в принципе может количественно рассчитываться и ставиться в соответствие с датировками дерева базовых гаплотипов, а значит, с датировками жизни и истории человечества.

Общая методология

В первой части настоящего исследования мы описали методологию использования 22-маркерных гаплотипов для изучения древнейших гаплогрупп, то есть выявления их базовых гаплотипов и их датировки (Клёсов, 2011a). Это стало возможным потому, что 22-маркерные гаплотипы основываются на самых «медленных» маркерах из 67-маркерной панели, то есть имеющих наименьшие скорости мутаций. Последовательность 22-маркерной панели следующая: DYS 426, 388, 392, 455, 454, 438, 531, 578, 395S1a,b, 590, 641, 472, 425, 594, 436, 490, 450, 617, 568, 640, 492 (Клёсов, 2011b).

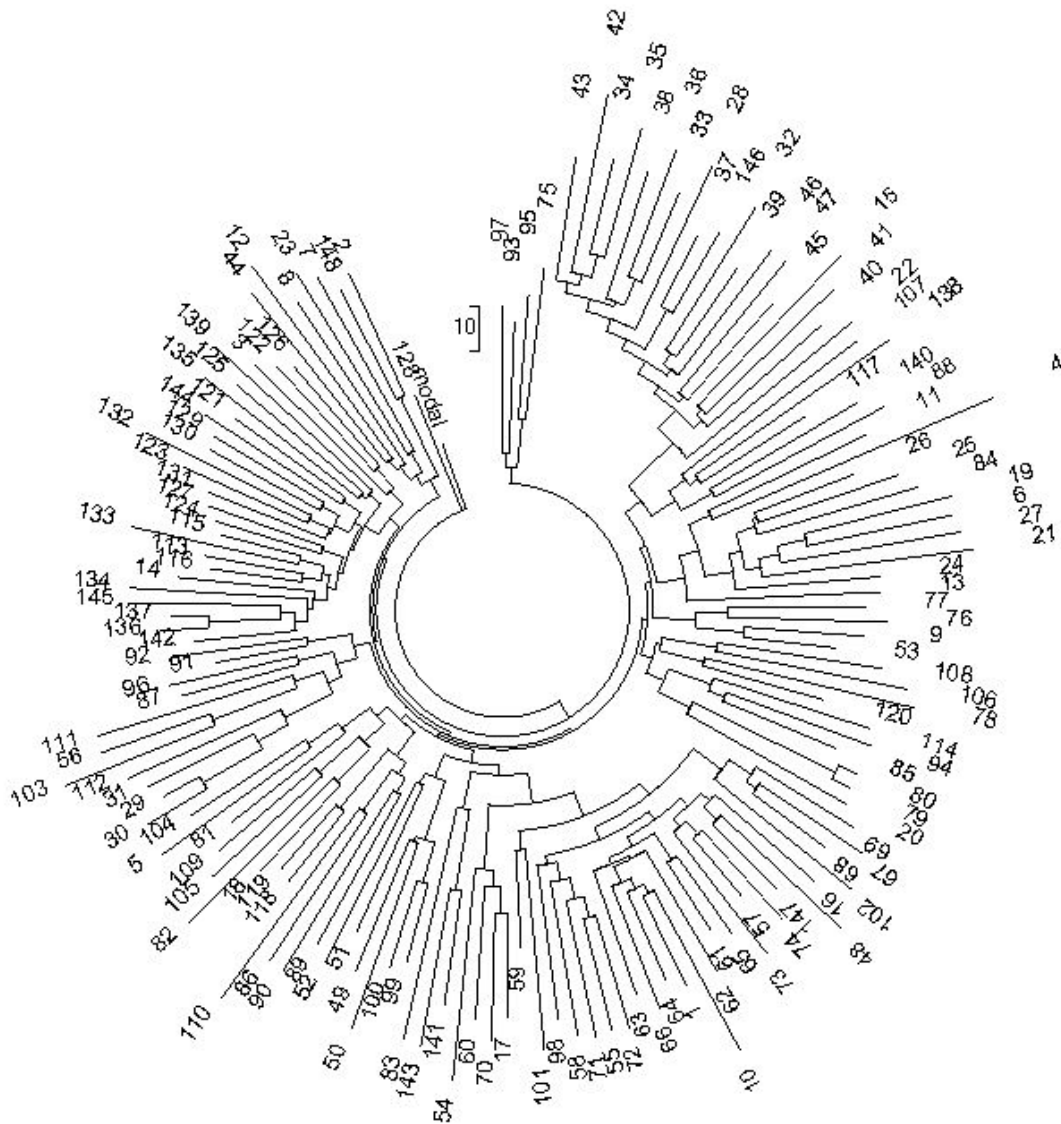


Рис. 1. Дерево из 148 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 «постсоветского пространства» (Клёсов, 2011с).

Самый «медленный» маркер из 22-маркерной панели (DYS472) мутирует в среднем раз в 100 тысяч поколений, то есть раз в 2.5 млн лет, самый «быстрый» (DYS438) - раз в 1818 поколений, то есть примерно раз в 45,500 лет. В целом константа скорости мутации всей 22-маркерной панели равна 0.006 мутаций на гаплотип на поколение (в 25 лет) [0.000273 мутаций на маркер на поколение], то есть одна мутация в 22-маркерном гаплотипе происходит в среднем раз в 167 поколений, то есть раз в 4250 лет.

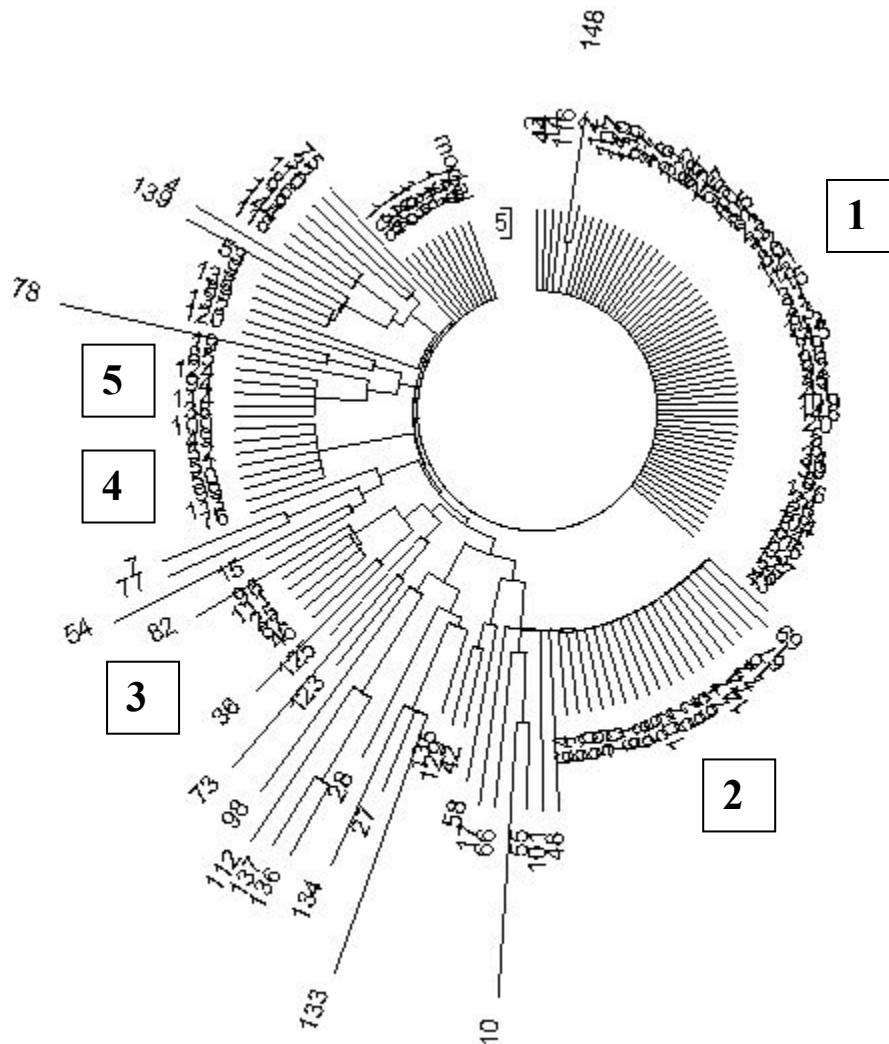


Рис. 2. Дерево из 148 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1a1 «постсоветского пространства». Отмечены пять базовых гаплотипов дерева.

Это – намного медленнее, а именно в 20 с лишним раз, по сравнению, например, с 67-маркерными гаплотипами, в которых одна мутация происходит в среднем раз в 8 поколений, то есть раз в 200 лет (константа скорости мутации равна 0.12 мутаций на гаплотип на поколение, или 0.00179 мутаций на маркер на поколение). Это приводит к тому, что деревья 22-маркерных гаплотипов более «экономные», и их легче обрабатывать для древних общих предков популяции.

Сравним, например, деревья для 148 гаплотипов гаплогруппы R1a1 для «постсоветского пространства», в одном случае из 67-маркерных гаплотипов (рис. 1), в другом из 22-маркерных гаплотипов (рис. 2).

67-маркерное дерево значительно более детальное, в нем 2748 мутаций от базового гаплотипа дерева, который предположительно принадлежал общему предку носителей всех 148 гаплотипов. Это дает $2748/148/0.12 = 155 \rightarrow 180$ поколений до общего предка, то есть 4475 ± 460 лет. 0.12 мутаций на гаплотип на поколение – это константа скорости мутаций для 67-маркерных гаплотипов. Стрелка указывает на поправку на возвратные мутации (Klyosov, 2009). Эта поправка рассчитывается по формуле

$$\lambda = \frac{\lambda_{obs}}{2} (1 + \exp(\lambda_{obs}))$$

где λ - откорректированное среднее число мутаций на маркер, λ_{obs} - наблюдаемое число мутаций на маркер. Например, в данном случае в 148 67-маркерных гаплотипах было 2748 мутаций, то есть наблюдаемое число мутаций было $2748/148/67 = 0.277$ мутаций на маркер.

По формуле выше получаем, что откорректированное число мутаций на маркер равняется числу наблюдаемых мутаций, умноженное на 1.1596, то есть 0.321, и время до общего предка равно $0.321/0.00179 = 179$ поколений, то есть 4475 ± 460 лет. Погрешность расчетов находится как описано в работе (Klyosov, 2009). Иначе говоря, за 4475 лет в 67-маркерных гаплотипах 16% мутаций возвращаются в исходное положение, то есть являются возвратными, и потому не обнаруживаются в гаплотипах, а рассчитываются. Это и есть поправка на возвратные мутации.

В 22-маркерном дереве тех же гаплотипов – всего 126 мутаций, то есть в 22 раза меньше, по отношению к базовому гаплотипу

12 12 11 - 11 11 - 11 - **11** 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
(R1a1, 4600 лет назад, Русская равнина)

Вследствие того, что мутации в 22-маркерных гаплотипах медленные, в тех же гаплотипах уже не 16% возвратных мутаций, а менее, чем 2% (см. следующий абзац). Этой поправкой можно полностью пренебречь, так она намного перекрывается погрешностью расчетов, и мы дадим ее здесь только для демонстрационных целей.

126 мутаций дают $126/148/0.006 = 142$ поколения до общего предка. Наблюдаемое число мутаций было $126/148/227 = 0.0387$ мутаций на

маркер. По формуле выше получаем, что откорректированное число мутаций на маркер равняется числу наблюдаемых мутаций, умноженное на 1.0198, то есть 0.0395, и время до общего предка равно $0.0395/0.000273 = 145$ поколений, то есть 3625 ± 485 лет. В принципе, эта величина перекрывается в пределах погрешности расчетов с величиной 4475 ± 460 лет, но расхождение больше обычного. Это означает, что в рассматриваемой серии гаплотипов есть ветви, происходящие от других общих предков. Действительно, в маркере, выделенном выше, необычно высокое число мутаций – 35 из 126, то есть 28% от всех. Это явно признак отдельной ветви.

На самом деле в 22-маркерном дереве (рис. 2) есть по меньшей мере пять базовых гаплотипов:

12 12 11 – 11 11 – 11 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
 12 12 11 – 11 11 – 11 – **12** 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
 12 12 11 – 11 11 – 11 – 11 8 17 **18** 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12
 12 12 11 – 11 11 – 11 – 11 8 17 17 8 10 8 12 **11** 12 12 8 12 11 11 12
 12 12 11 – 11 11 – 11 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 **12** 11 12

Это – признаки отдельных ветвей или субкладов. Действительно, первый базовый гаплотип выше соответствует центральной евразийской ветви и ее молодым ветвям, второй – северной евразийской ветви, третий, четвертый и пятый базовые гаплотипы принадлежат пока неидентифицированным ветвям. Четыре мутации на пять базовых гаплотипов дают $4/5/0.006 = 133 \rightarrow 135$ поколений, то есть 3375 лет, и для получения «возраста» общего предка всех к этой величине нужно прибавить усредненный «возраст» базовых гаплотипов, который в данном случае равен примерно тысячу лет. Получаем, что общий предок носителей гаплотипов R1a1 жил примерно 4375 лет назад, что практически равно величине 4475 ± 460 лет, полученной на 67-маркерных гаплотипах.

Согласно принципиальной концепции настоящего исследования, базовые, или предковые гаплотипы субкладов образуют эволюционное дерево базовых гаплотипов, которое направлено от древнейших базовых гаплотипов в сторону увеличения числа мутаций, по аналогии с увеличением числа мутаций в серии гаплотипов по мере временного удаления от их базового гаплотипа. Иначе говоря, численное значение аллелей в базовых гаплотипах гаплогрупп и субкладов помещает гаплотип довольно жестко в двумерную систему координат: число мутаций от любого другого базового гаплотипа – время между временами жизни их общих предков. Поскольку численное значение аллелей в базовом гаплотипе – величина объективная и независимо измеряемая (независимо от другого базового гаплотипа), то в этом двумерном пространстве можно расположить все базовые гаплотипы всех гаплогрупп, субкладов, ветвей

гаплотипов, и найти временное соответствие между ними. В итоге можно найти время, когда жил первопредок всех гаплогрупп, и верифицировать его независимо по всем базовым гаплотипам.

В этой работе представлены результаты настоящего исследования в той мере, в какой его можно было провести по доступным сериям гаплотипов по разным гаплогруппам. Практически во всех случаях гаплотипов было недостаточно, но это на данном этапе не имеет значения. Если доступны, например, только недавние гаплотипы, после относительно недавнего прохождения бутылочного горлышка популяции, то соответствующий базовый гаплотип все равно будет занимать определенное место в описанной двумерной системе координат. Просто он будет удален больше других от первопредка, и соответственно будет иметь большее число мутаций от базового гаплотипа первопредка. Меньше расстояние от первопредка – меньше мутаций в базовом гаплотипе нисходящей гаплогруппы или ее субклада. Но в каждой гаплогруппе есть свой нижний предел, ниже которого базовый гаплотип уже не опустится ни по числу мутаций, ни по времени жизни его предка. Видимо, такого у нас нет и не будет, но это не влияет на получаемую двумерную картину базовых гаплотипов во времени и по виду аллелей. На самом деле картина многомерная, строго говоря, 23-мерная (для 22-маркерных базовых гаплотипов), но мы, естественно, ее упрощаем.

Гаплогруппа А

В соответствии с классификацией ISOGG 2011 года (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpA.html) дерево субкладов гаплогруппы А выглядит следующим образом (в некотором сокращении):

- A** M91, P97
 - A1** P108
 - A1a** M31, P82
 - A1b** P114, P305
 - A2** M6, M14, M23, M29/P3/PN3, M49, M71, M135, M141, M196, M206, M212, M276/P247, M277/P248, MEH1, P4, P5, P36.1, Page52, Page71, Page87
 - A2a** M114
 - A2b** P28
 - A2c** P262
 - A3** M32
 - A3a** **M28, M59**
 - A3b** M144, M190, M220, P289, Page50
 - A3b1** M51, P100, P291
 - A3b1a** P71, P102
 - A3b2** M13, M127, M202, M219, M305, Page53, Page77/V10
 - A3b2a** **M171**
 - A3b2b** M118

Гаплотипы этой гаплогруппы были подробно рассмотрены в первой части настоящего исследования (Клёсов, 2011а), и они привели к базовому гаплотипу гаплогруппы:

12 11 11 – 9 11 – 10 – 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)

Все имеющиеся в наличии гаплотипы гаплогруппы А расходятся по трем ветвям, колоссально отличающихся друг от друга по мутациям (Рис. 3).

Например, базовые гаплотипы субкладов А1а и А3b

12 10 11 – 7 13 – 8 – 10 8 15 17 6 10 9 12 13 11 16 8 13 11 11 12 (A1a)

12 **11** 11 – **9 11 – 10 – 10 9 12 12 7** 10 **8 0** 13 11 16 **10 14 9** 11 **11** (A3b)

расходятся на 25 мутаций, причем бОльшая часть – на крайне медленной, последней панели, причем и там – местами на несколько (до пяти) мутаций в одном маркере. Детальные расчеты по всем гаплотипам определили, что общий предок гаплогруппы А (точнее, общий предок имеющихся в

наличии гаплотипов гаплогруппы А) жил 85 тыс лет назад (Клёсов, 2011а). Помимо этого, была обнаружена совершенно независимая ветвь гаплогруппы А, уходящая на сотни тысяч лет назад, но она к расчетам в настоящем исследовании отношения не имеет (см. последующую статью А. Клёсова и И. Рожанского в настоящем выпуске Вестника).

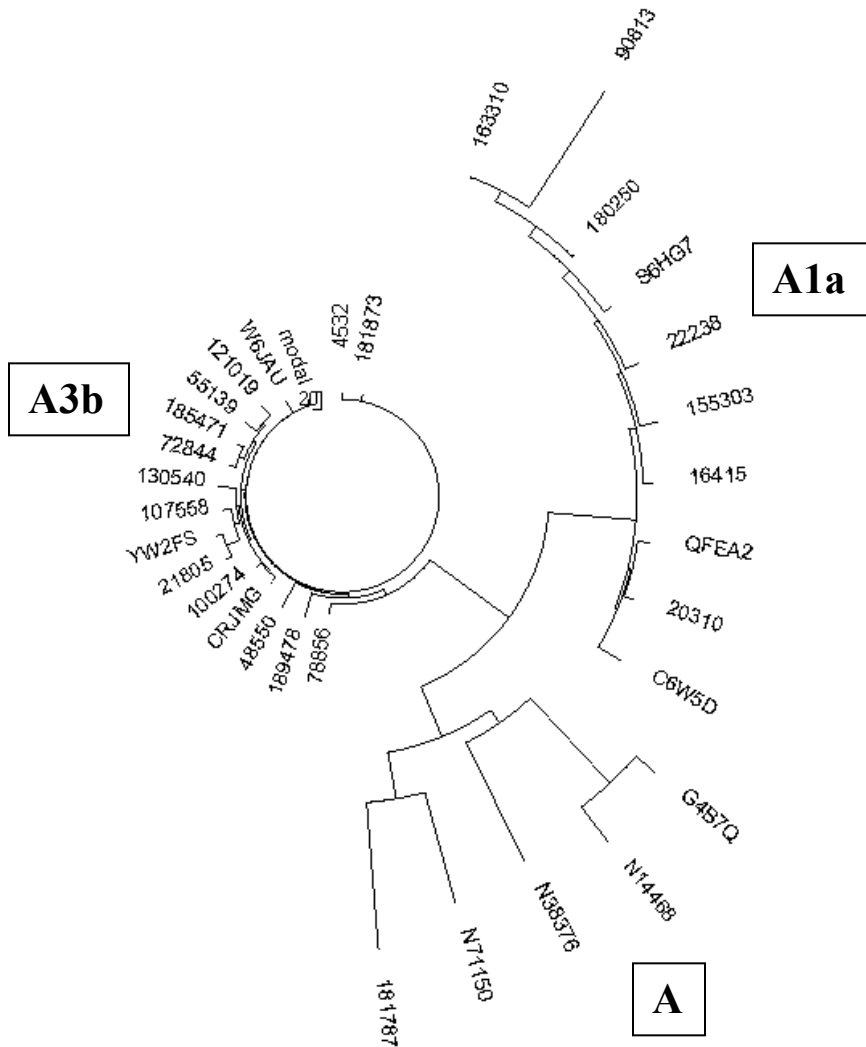


Рис. 3. Дерево из 31 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы А с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch и «африканского проекта» FTDNA (<http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject§ion=yresults>). Отмечены предположительные субклады гаплогруппы (по данным [Клёсов, 2011а]).

Гаплогруппа В

В соответствии с классификацией ISOGG 2011 года (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpB.html) дерево субкладов гаплогруппы В выглядит следующим образом (в некотором сокращении):

- В** M60, M181, P85, P90
 - **В1** M236, M288
 - **В1а** M146
 - **В2** M182
 - **В2а** M150, Page18
 - **В2а1** M218
 - **В2а1а** M109, M152, P32, P50
 - **В2а2** M108.1
 - **В2а2а** M43, P111
 - **В2b** M112, M192, 50f2(P), Page72
 - **В2b1** P6
 - **В2b2** M115, M169
 - **В2b3** M30, M129
 - **В2b3а** M108.2
 - **В2b4** P7
 - **В2b4а** P8, P70
 - **В2b4b** MSY2.1, M211, Page86
 - **В2с** P112

Гаплотипы гаплогруппы В были подробно рассмотрены в первой части настоящего исследования (Клёсов, 2011а), и они привели к базовому гаплотипу гаплогруппы:

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (В)

«возрастом» 46 тысяч лет (Клёсов, 2011а). Эта величина близка к оценке ISOGG (Международного общества генетической генеалогии) в 50 тысяч лет. Он отличается от базового гаплотипа гаплогруппы А на 18 мутаций (отмечено), то есть на 122,500 лет между их общими предками. Здесь следует отметить, что если бы гаплогруппа А возникла примерно 60 тысяч лет назад, как предполагает ISOGG (thought to have begun about 60,000 years ago) (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpA.html), а гаплогруппа В примерно 50 тыс лет назад (B is thought to have arisen approximately 50,000 years ago), http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpB.html и происходила от гаплогруппы А, как указывает дерево гаплотипов ISOGG

Y

- A M91, P97
- BT SRY1532.1/SRY10831.1, M42, M94, M139, M299
- • B M60, M181, P85, P90
- • CT M168, M294, P9.1

то есть между их предками было бы всего около 10 тысяч лет, их разделяли бы всего две-три мутации в 22-маркерных базовых гаплотипах (8,700-13,400 лет). На самом деле их разделяет 18 мутаций, то есть 122,500 лет. Поскольку гаплогруппа А возникла 85 тыс лет назад (см. выше), и гаплогруппа В 46 тысяч лет назад, то их общий предок (предположительно «хромосомный Адам») жил 126,750 лет назад. Совокупность подобных перекрестных расчетов между разными гаплогруппами, как показано настоящим исследованием (см. ниже) указывает на величину $136,000 \pm 9,000$ лет назад для времени жизни «хромосомного Адама». Мы будем именовать его «альфа-гаплогруппой».

Таким образом, мы получаем два важных вывода: (1) гаплогруппа А не является предковой для гаплогруппы В, и (2) общий предок (африканских) гаплогрупп А и В жил примерно 136 тысяч лет назад. Как мы потом увидим, это был общий предок всех гаплогрупп, выделенных к настоящему времени, и гаплогруппы А и В – фактически его боковые ветви. Все остальные – неафриканские – гаплогруппы являются потомками «бета-гаплогруппы», общий предок которой жил $64,000 \pm 6,000$ лет назад, и которая также происходит от «альфа-гаплогруппы». Нет никаких веских оснований считать, что «альфа» и тем более «бета» гаплогруппа были африканского происхождения. То, что генетики находили большое геномное расстояние между африканцами и неафриканцами, и интерпретировали его как то, что предки неафриканцев вышли из Африки, интерпретируется вовсе не так. Просто африканские гаплогруппы А и В не являются предковыми для гаплогрупп неафриканских, оттого и значительное геномное расстояние. То, что у африканской гаплогруппы А самое большое «разнообразие» тоже вовсе не является доказательством «выхода из Африки». Просто возраст африканской боковой гаплогруппы 85 тысяч лет, а у неафриканских – менее 60 тысяч лет (с общим предком 64 ± 6 тысяч лет), оттого и меньшее разнообразие. Но из него вовсе не следует прямая наследственность. Фактически, такая же ситуация была с неандертальцами, которые дали «боковую ветвь», намного более древнюю, чем ветвь *Homo sapiens*. Отличие только в том, что неандертальцы вымерли, а носители гаплогрупп А и В благополучно здравствуют, хотя и были близки к вымиранию, как видно из их дерева гаплотипов (см. рис. 3 для гаплогруппы А, и аналогичное по виду дерево гаплогруппы В [Клёсов, 2011a]). Мелкие ветви – это показатели жестких бутылочных горлышек популяции.

Гаплогруппа С

В соответствии с классификацией ISOGG 2011 года (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpC.html) дерево субкладов гаплогруппы С выглядит следующим образом (в некотором сокращении):

- M130/RPS4Y₇₁₁, M216, P184, P255/P325, P260/P324, Page85
 - □ C1 M8, M105, M131, P122
 - □ C1a P121
 - □ C2 M38
 - □ C2a M208
 - □ C2a1 P33
 - □ C2a2 P54
 - □ C3 M217, P44, PK2
 - □ C3a M93
 - □ C3b P39
 - □ C3c M48, M77
 - □ C3c1 M86
 - □ C3d M407
 - □ C3e P53.1
 - □ C3f P62
 - □ C4 M347, P309
 - □ C4a M210
 - □ C5 M356
 - □ C5a P92
 - □ C6 P55

Гаплотипы гаплогруппы С были подробно рассмотрены в первой части настоящего исследования (Клёсов, 2011а), и они привели к базовому гаплотипу гаплогруппы:

11 13 11 - 11 11 - 10 - 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11 (С)

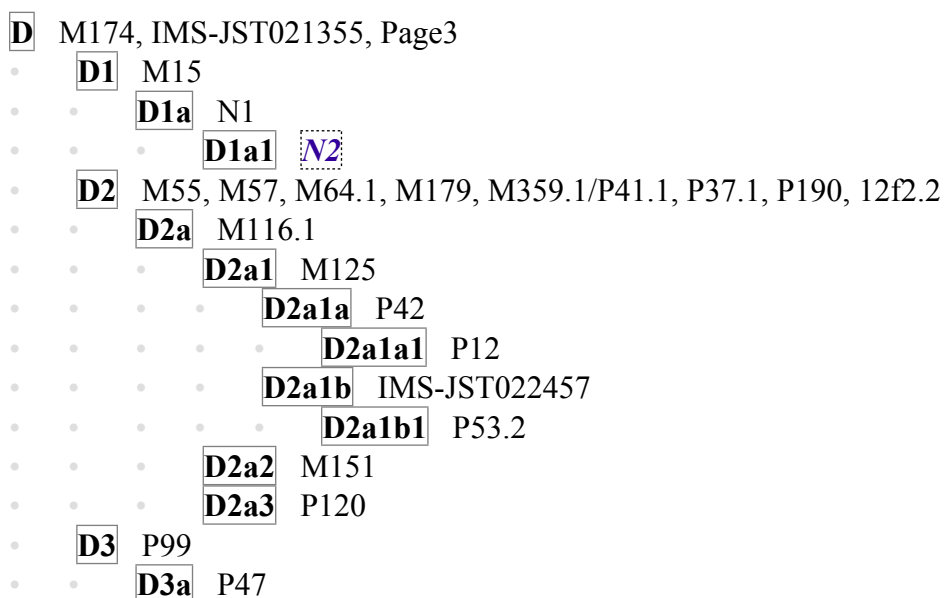
«возрастом» 36 тысяч лет (Клёсов, 2011а). Его отделяет от гаплогрупп А и В 18 и 8 мутаций, соответственно, что дает 122 и 61 тысячу лет до общих предков гаплогрупп А/С и В/С, соответственно. 61 тысяча лет назад – это и есть «бета-гаплогруппа». Эти 18 мутаций между С и А показаны на базовом гаплотипе выше.

* * *

Переходим к описанию гаплогрупп, не рассмотренных в предыдущей части (Клёсов, 2011a)

Гаплогруппа D

В соответствии с классификацией ISOGG 2011 года (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpD.html) дерево субкладов гаплогруппы D выглядит следующим образом (в некотором сокращении):



Гаплогруппа D (снийп M174) на современных вариантах общего дерева гаплогрупп является параллельной гаплогруппе E (снийп L339, и более двадцати других снийпов, сопровождающих L339 в той или иной степени). Эти две гаплогруппы – «тупиковые» (см. схему ниже), от них нет нисходящих гаплогрупп, кроме своих субкладов. В свою очередь, они обе – по данным ISOGG - происходят от гаплогруппы CT, которая в свою очередь происходит от гаплогруппы B, то есть по нашим расчетам (Клёсов, 2011a) они должны быть не старше 46 тысяч лет. Но, скорее, они происходят от «бета-гаплогруппы», которой 64±6 тысяч лет, и от которой происходят все неафриканские гаплогруппы, от C до T.

- **A** M91, P97
- **BT** SRY1532.1/SRY10831.1, M42, M94, M139, M299
- • **B** M60, M181, P85, P90
- • **CT** M168, M294, P9.1
- • • **DE** M1/YAP, M145/P205, M203, P144, P153, P165, P167, P183
- • • • **D** M174, IMS-JST021355, Page3
- • • • **E** L339, M40/SRY4064/SRY8299, M96, P29, P150, P152, P154, P155, P156, P162, P168, P169, P170, P171, P172, P173, P174, P175, P176
- • • **CF** P143
- • • • **C** M130/RPS4Y₇₁₁, M216, P184, P255/P325, P260/P324, Page85
- • • • **F** M89, M213/P137, M235, P14, P133, P134, P135, P136, P138, P139, P140, P141, P142, P145, P146, P148, P149, P151, P157, P158, P159, P160, P161, P163, P166, P187, P316

По (предполагаемым) сведениям ISOGG (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html), «гаплогруппа DE появилась примерно 50 тысяч лет назад в Северной Африке, и затем разошлась на гаплогруппу E, которая распространилась по Европе и Африке, и гаплогруппу D, которая быстро распространилась вдоль индийского побережья в Азию и Северную Азию». Дерево гаплогруппы D включает исходную D*-M174, и три основных субклада – D1-M415, D2-M55, и D3-P99. По данным ISOGG, D1 и D*, а также субклад D3a-P47 находятся в основном в Центральной Азии, D1 к тому же выделяется в Тибете (половина гаплогрупп там относятся к D), Монголии и Юго-Восточной Азии, D2 находится почти исключительно в Японии (где 35% всего мужского населения относятся к гаплогруппе D, особенно высоко содержание среди айну и рюкю). Предполагается, что между 20 и 12 тыс лет назад население Японии вообще состояло практически только из гаплогруппы D.

В базах данных имеется всего несколько гаплотипов гаплогруппы D и субкладов. Гаплотипов сводной гаплогруппы DE нами вообще не найдено. Ниже – то, что найдено, в 22-маркерном формате или фрагментах.

Субклад D

11 12 11
11 14 11

(первый из Японии [H8A6C], второй из Китая [C69KA]). В 12-маркерном формате оба гаплотипа расходятся на 14 мутаций, что помещает их общего предка на 11500 ± 3300 лет назад. Даже одно то, что их маркер DYS388 расходится на две мутации, указывает, что между этими гаплотипами может быть значительная временная дистанция.

Субклад D1

11 14 11 - 11 11
11 15 11 - 11 11 -- 11

Оба гаплотипа – китайские (СКРУ4 и RD83F). В 25-маркерном формате оба гаплотипа расходятся на 17 мутаций, что помещает их общего предка на 5650 ± 1500 лет назад.

Нисходящих субкладов (как D1a, D1a1 и прочие) в базах данных не обнаружено.

Субклад D2

11 12 11
11 12 11
12 12 11
11 12 12
11 12 11 - 11 12 -- 10
11 12 11 - 11 12 -- 10
11 12 12 - 11 11 -- 10

Все гаплотипы из Японии. По семи 12-маркерным гаплотипам (29 мутаций) можно рассчитать, что их общий предок жил $29/7/0.022 = 188 \rightarrow 230$ поколений, то есть 5750 ± 1200 лет назад; три 37-маркерных гаплотипа значительно ближе друг к другу, их от общего предка отделяет только 2675 ± 590 лет.

Субклад D2a

11 12 11 - 11 11
11 12 11 - 10 11 - 10 - 10 8 16 18 8 10 8 12 11 12 15 7 12 10 11 11

Оба гаплотипа из Японии (последний – 98vra). По двум 25-маркерным гаплотипам (16 мутаций) можно рассчитать, что их общий предок жил $16/2/0.046 = 174 \rightarrow 211$ поколений, то есть 5275 ± 1400 лет назад. Это, конечно, не статистика, а грубое приближение. Но у нас появился первый 22-маркерный гаплотип для последующих расчетов.

Субклад D2a1

11 12 11 - 11 **12** - 10 - 10 8 16 18 8 10 8 12 11 12 15 7 12 10 11 11

Это - гаплотип из Японии (U7J3S). Он отличается всего на одну мутацию (отмечено) от 22-маркерного гаплотипа субклада D2a, с учетом более короткого гаплотипа (см. выше).

Больше гаплотипов данного субклада в базах данных не обнаружено, как и других субкладов D2a (D2a1a, D2a2, D2a3).

Субклад D3a

Гаплотипов субклада D3 в базах данных не обнаружено. Найден один гаплотип D3a, из Румынии, но зарегистрированный как татарин (BZCSZ):

11 12 **7** - **11** 11 - 10 - 10 8 16 **16** 8 10 8 12 **12** 12 **12** 7 **13** **12** 11 11

Отмечены 14 мутаций по сравнению с 22-маркерным гаплотипом субклада D2a, что разводит их общих предков на $14/0.006 = 2333 \rightarrow 3372$ поколений (см. расчетную таблицу в [Клёсов, 2011a]), то есть на 84,300 лет. Поскольку оба гаплотипа современные, то их общий предок жил примерно 42 тысячи лет назад. К какому субкладу или гаплогруппе он относился - сказать трудно, потому что мы сейчас сравнивали два гаплотипа из двух субкладов, D2a и D3a, а «над ними» стоят субклады D2 и D3, соответственно, и параллельный им субклад D1, по которому у нас нет 22-маркерных гаплотипов. Более того, мы видим, что у D1 аллели DYS388 отличаются на две-три единицы по сравнению с D2 и D3, и это заметно добавит в возраст общего предка. Уже ясно, что общий предок всех трех субкладов будет скорее относиться к «бета»-гаплогруппе 64 тыс лет назад, чем к гаплогруппе В 46 тысяч лет назад. Таким образом, тезис о том, что неафриканские гаплогруппы не произошли от африканских гаплогрупп, продолжает подтверждаться.

Сопоставим оба 22-маркерных гаплотипа из субкладов D2a и D3a с базовыми гаплотипами гаплогрупп А, В и С.

11 12 11 - 10 11 - 10 - 10 8 16 18 8 10 8 12 11 12 15 7 12 10 11 11	(D2a)
11 12 7 - 11 11 - 10 - 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 12 7 13 12 11 11	(D3a)
12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12	(A)

Между приведенными двумя верхними гаплотипами и базовым гаплотипом гаплогруппы А – от 17 до 23 мутаций, что разделяет их общих предков на 112,100-184,200 лет (см. таблицу в [Клёсов, 2011а]). Поскольку гаплотипы субкладов D2а и D3а – современные, а базовый гаплотип гаплогруппы А датирован 85,000 лет назад, то общий предок этих трех гаплотипов жил между $(112100+85000+0)/2 = 98,550$ и $(184200+85000+0)/2 = 134,600$ лет назад, или, округленно, между 100 тысяч и 135 тысяч лет назад. Это – древнее общих предков гаплогрупп А (85,000 лет) и В (46,000 лет), и не противоречит датировке 136 тысяч лет назад для общего предка «альфа-гаплогруппы», или «хромосомного Адама».

11 12 11 – 10 11 – 10 – 10 8 16 18 8 10 8 12 11 12 15 7 12 10 11 11 (D2a)
 11 12 7 – 11 11 – 10 – 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 12 7 13 12 11 11 (D3a)
 11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

Подобные же расчеты отводят гаплотипы из гаплогруппы D от общего предка гаплогруппы В на 9-15 мутаций, то есть их общий предок жил 46,500-69,500 лет назад. В принципе, это или сама гаплогруппа В, или «бета-гаплогруппа» (64000±6000 лет назад, [Клёсов, 2011а]), но из материалов части 1 настоящей статьи следует, что «бета-гаплогруппа» значительно более вероятна.

Интересно, что оба гаплотипа D2а и D3а одинаково отстоят от базового гаплотипа гаплогруппы С (36,000 лет назад), а именно на 9 мутаций каждая.

11 13 11 – 11 11 – 10 – 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11 (C)

Это разводит их общих предков на 47 тысяч лет, и помещает общего предка всех перечисленных на 42 тысячи лет назад, то есть относительно недавно в общей схеме наиболее древних гаплогрупп. То, что гаплогруппа D произошла от С – это слишком смелое предположение, и не согласуется с современными филогенетическими представлениями об иерархии гаплогрупп. Тем не менее, его не стоит полностью списывать со счета. В любом случае, разница между гаплогруппами D и С всего в 9 мутаций на 22 маркера – это экспериментальный факт. Сравним с дистанцией в 17-23 мутаций от гаплогруппы А. Или с дистанцией в 17 мутаций (опять обоих гаплотипов гаплогруппы D) от гаплогруппы I1d1 (примерно 3500 лет назад)

11 14 11 – 8 11 – 10 – 11 8 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 11 12 (I1d1)

что помещает общих предков гаплотипов гаплогруппы D и I1d1 примерно на $(112100+3500)/2 = 57800$ лет назад,

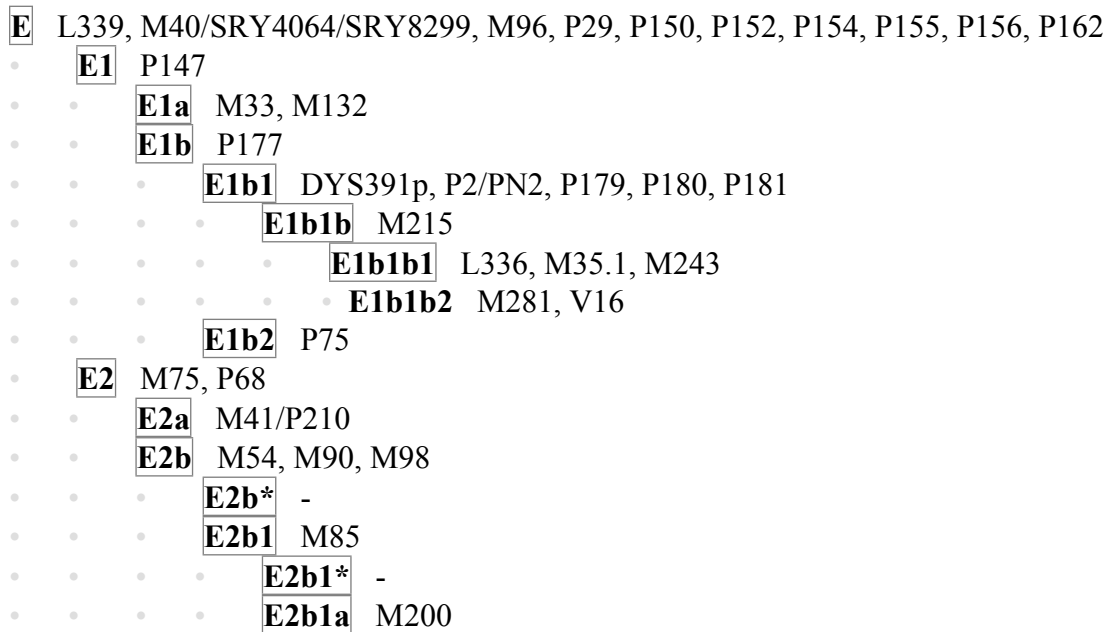
или в 13 мутаций (опять обоих гаплотипов гаплогруппы D) от гаплогруппы I2 (34,000 лет назад), что помещает их общего предка на дистанцию в $(76000+34000)/2 = 55000$ лет назад. Это все попадает в диапазон неафриканской «бета-гаплогруппы» в пределах погрешности расчетов. Но расстояние в 9 мутаций – самое близкое из всех комбинаций, и оно разделяет гаплогруппы C и D. Возможно, просто потому, что они находятся близко друг от друга на филогенетической лестнице.

Гаплогруппа E

Как отмечалось в предыдущем разделе, возраст сводной гаплогруппы DE по сведениям ISOGG составляет примерно 50 тысяч лет:

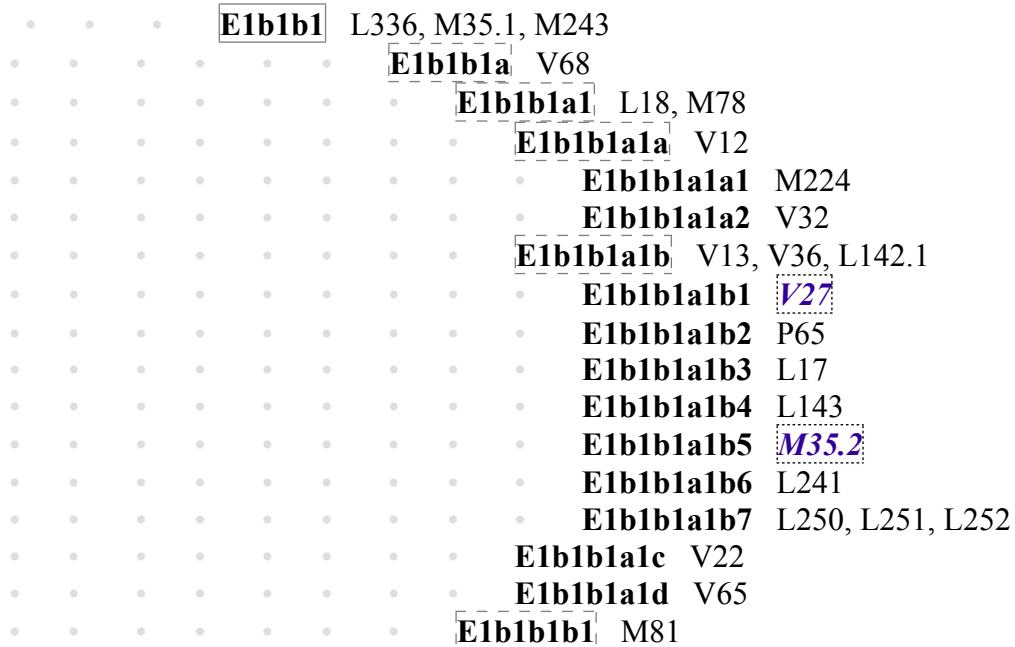
(http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html), «гаплогруппа DE появилась примерно 50 тысяч лет назад в Северной Африке, и затем разошлась на гаплогруппу E, которая распространилась по Европе и Африке, и гаплогруппу D, которая быстро распространилась вдоль индийского побережья в Азию и Северную Азию». Если это верно, то гаплогруппа E должна быть моложе указанного возраста.

Если взглянуть на дерево гаплогруппы E, то оно имеет для основных субкладов следующий вид (ISOGG, 2011):



Количественных оценок возраста субкладов E практически не существует, за исключением E1b1b1-M35.1, возраст которого оценен в 12 тысяч лет, и подчиненного ему субклада E1b1b1a1 (см. на схеме ниже) с возрастом 11

тысяч лет (Лутак и Клёсов, 2009). Дальнейшие подчиненные субклады V22, V12, и V13 имеют возраст $5,075 \pm 600$, $4,300 \pm 680$, $2,625 \pm 270$ лет (Лутак и Клёсов, 2009).



Место появления гаплогруппы E неизвестно, поскольку она развивалась параллельно гаплогруппе D, которая в Африке не найдена. Поэтому только исходя из этого предполагают, что сводная гаплогруппа DE и гаплогруппа E (как и D) появились, возможно, на Ближнем Востоке, и впоследствии E мигрировала в Северную Африку.

Нижестоящие субклады V12, V13, V22

Поскольку эти субклады относительно молодые, в пределах одной-двух мутаций (4250-8700 лет от общего предка, см. [Клёсов, 2011a]), то 22-маркерные гаплотипы для них одинаковы:

11 12 12 - 11 11 - 11 - 10 8 15 17 8 10 8 0 11 12 12 7 13 12 11 11

Субклад E1b

В наличии есть только один гаплотип E1b* из Англии (TDUFС)

11 13 11 - 11 11 - 10 - 10 9 15 15 8 10 8 0 11 12 12 7 14 13 11 11

Гаплогруппа E

В базе данных YSearch есть восемь 67-маркерных гаплотипов, отмеченных как E (tested). В принципе, это может быть как сама гаплогруппа E, так и ее субклады. То, что это разные ДНК-линии, выяснилось сразу уже потому, что четыре гаплотипа имеют DYS425=0, и четыре DYS425=12. Поскольку субклад E1b и нижеследующие имеют DYS425=0 (см. выше), то можно полагать, что гаплотипы с DYS425=12 действительно принадлежат вышестоящим субкладам, вплоть до самой гаплогруппы E. Проверим это по временам общего предка.

E-DYS425=12, 67-маркерные гаплотипы

Базовый гаплотип имеет вид:

13 22 16 9 14 16 11 12 12 12 11 18 – 15 8 9 11 11 24 17 20 29 14 14 16 18 – 10 11 18
21 17 11 19 16 34 36 12 8 – 10 8 15 15 8 10 10 8 10 10 12 23 23 19 11 12 12 15 8 11 26
23 14 12 11 14 9 12 11 12

В сумме все четыре 67-маркерных гаплотипа имели от этого базового гаплотипа 147 мутаций, что дало $147/4/0.12 = 306 \rightarrow 436$ поколений, то есть 10,900 лет до общего предка.

E-DYS425=0, 67-маркерные гаплотипы

Базовый гаплотип имеет вид:

13 25 14 10 13 14 11 12 11 12 11 16 – 18 9 10 11 12 23 15 19 32 15 15 16 16 – 11 10 19
22 15 13 15 24 36 38 11 11 – 10 8 15 15 8 11 10 8 10 10 0 20 21 16 13 12 12 16 7 12 25
18 19 11 12 13 10 11 12 11

В сумме все четыре 67-маркерных гаплотипа имели 126 мутаций, что дало $126/4/0.12 = 263 \rightarrow 354$ поколения, то есть 8,850 лет до общего предка.

Как и ожидалось, гаплотип с нуль-мутацией более «молодой», и соответствует, скорее всего, нисходящей ветви или нисходящему субкладу.

Общий предок гаплотипов с DYS425=12 и DYS425=0

Оба базовых 67-маркерных гаплотипа, приведенных выше, имеют 90 мутаций (!) между ними, что дает $90/0.12 = 750 \rightarrow 1900$ поколений между их общими предками, то есть 47,500 лет. Таким образом, ИХ общий предок жил $(47500+10900+8850)/2 = 33,625$ лет назад.

Перейдем к 22-маркерным гаплотипам.

22-маркерные гаплотипы

Поскольку гаплотипов с нуль-мутацией и без нее – одинаковое количество, по четыре гаплотипа, то рассмотрим все восемь гаплотипов вместе, в одной серии, для повышения точности расчетов. Усредненный базовый гаплотип имеет вид

11 12 11 – 11 11 – 10 – 10 8 15 15 8 10 8 0/12 12 12 12 8 12 11 12 11

и вся серия имеет от него 53 мутации. Это дает $53/8/0.006 = 1104 \rightarrow 1300$ поколений, то есть $32,500 \pm 5,500$ лет до общего предка.

Как видно, в данном случае результат получился тот же самый, что и с 67-маркерными гаплотипами ($33,625 \pm 5,500$ лет назад).

Рассмотрим вместе все три базовых гаплотипа, приведенные выше:

11 12 11 – 11 11 – 10 – 10 8 15 15 8 10 8 0/12 **12** 12 12 **8 12 11 12** 11 (E)
11 **13** 11 – 11 11 – 10 – 10 **9** 15 15 8 10 8 0 11 12 12 7 **14 13** 11 11 (E1b)
11 12 **12** – 11 11 – **11** – 10 8 15 **17** 8 10 8 0 11 12 12 7 13 12 11 11 (V12, V13, V22)

Их разделяют 13 мутаций. Получаем, что их общий предок жил на $13/3/0.006 = 722 \rightarrow 802$ поколения, то есть 20,050 лет ранее усредненного возраста их общего предка, который по приведенным выше данным можно оценить примерно в 25 тысяч лет. В итоге получается, что **общий предок гаплогруппы E жил примерно 45 тысяч лет назад.** Это – сугубо примерная оценка, так как в нашем распоряжении небольшое число гаплотипов и не из всех субкладов. Последнее, впрочем, не так важно для нижестоящих субкладов, они все равно производные вышестоящих.

Сопоставим базовые гаплотипы гаплогрупп E и E1b с базовыми гаплотипами гаплогрупп A, B и C:

12 11 11 – 9 11 – 10 – 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)
11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)
11 13 11 – 11 11 – 10 – 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11 (C)

Соответствующие мутационные дистанции хорошо согласуются с положением соответствующих гаплогрупп на дереве гаплогрупп, поскольку гаплогруппа E1b более «молодая», чем гаплогруппа E, и сдвинута выше по хронологической лестнице:

- Гаплогруппа E отстоит от гаплогрупп А, В и С на 17, 9 и 5 мутаций (112,100, 47,000 и 23,500 лет, соответственно).
- Гаплогруппа E1b отстоит от гаплогрупп А, В и С на 22, 16 и 10 мутаций (170,500, 102,300 и 53,700 лет, соответственно).

Если следовать нашей оценке, что гаплогруппа E образовалась примерно 45 тысяч лет назад, гаплогруппа А – 85 тысяч лет назад (Клёсов, 2011а), то ИХ общий предок жил $(112,100+85,000+45,000)/2 = 121,000$ лет назад (округлено). Поскольку мы уже многократно получали данные, что этот общий предок (альфа-гаплогруппа) жил скорее 136 тысяч лет назад, то возраст гаплогруппы E скорее 60 тысяч лет.

Подобные рассуждения приводят к выводу, что общий предок гаплогрупп E и В жил $(47,000+46,000+45,000)/2 = 69,000$ лет назад. Это – «бета-гаплогруппа» с возрастом $64,000\pm 6,000$ лет (Клёсов, 2011а).

Общий предок гаплогрупп E и С жил $(23,500+36,000+45,000)/2 = 52,250$ лет назад. Здесь явно занижен возраст общего предка гаплогрупп E или С, или обеих, поскольку общий возраст должен быть примерно 64 тысячи лет. Видимо, возраст гаплогруппы E нужно опять поднять до 60 тысяч лет, и гаплогруппы С – до 45 тысяч лет.

Гаплогруппа F

Филогения гаплогруппы F по современным представлениям довольно проста, более того – самая простая из всех гаплогрупп:

F M89, M213/P137, M235, P14, P133, P134, P135, P136, P138, P139, P140, P141, P142, P145, P146, P148, P149, P151, P157, P158, P159, P160, P161, P163, P166, P187, P316

- **F1** P91, P104
- **F2** M427, M428
- **F3** L279, L281, L284, L285, L286, M282, P96
- **F4** M481

Судя по дереву, этой гаплогруппой занимались намного меньше, чем остальными, хотя снипов для самой основной гаплогруппы F найдено много. Тем не менее, гаплогруппа F считается родительской всех нижеследующих гаплогрупп от G до T, и таким образом включает более 90% мужского населения Земли. По соображениям ISOGG, общий предок гаплогруппы F жил между 60 и 80 тысяч лет назад. Правда, текст описания

(http://www.isogg.org/tree/ISOGG_YDNATreeTrunk.html) дальше гласит - «*в зависимости от того, когда была миграция из Африки*». Иначе говоря, возраст гаплогруппы F привязывается к миграции из Африки, время которой для составителей текста неизвестно, или оценивается крайне приблизительно. Более того, настоящее исследование вообще ставит под сомнение миграцию из Африки предков неафриканских гаплогрупп.

Если же интерпретации на основании датировок «начальных» гаплогрупп в первой части этого исследования (Клёсов, 2011а) верны, то нет необходимости привязывать гаплогруппы начиная с С к выходу из Африки. Похоже, что предки гаплогруппы F в Африку и не входили. Это были, судя по результатам нашего исследования, альфа-гаплогруппа (136 тыс лет назад), от которой образовалась гаплогруппа А, мигрировавшая в Африку, ее потомок бета-гаплогруппа (64 тыс лет назад), тоже, видимо, неафриканского происхождения, от которой произошли гаплогруппы В (46 тыс лет назад, тоже перешедшая в Африку), и гаплогруппы от С до Т, все внеафриканские по происхождению. Из них только гаплогруппа Е частично мигрировала в Северную Африку.

Возвращаемся к гаплогруппе F. Как отмечает текст ISOGG, «*подгруппы F*, F1 и F2 изучены не очень хорошо, но, видимо, встречаются редко, и в основном в Индостане*». И далее, что F* была обнаружена только в двух случаях в Португалии, возможно, перенесенные из Индии в 15-16 вв.

Понятно, что когда счет носителей гаплогруппы идет на единицы, гаплотипов в базах данных ожидается немного. Действительно, в базе YSearch гаплотипов гаплогрупп F1, F2 и F4 нет, гаплотипов F3 всего три, но все 67-маркерные (два из Турции и один из Ирана), и есть шестнадцать 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы F, девять из которых имеют указанную страну происхождения, все европейские (трижды Англия, дважды Германия, а также Чехия, Польша, Франция и Ирландия).

Когда, как в данном случае, в базе данных YSearch отмечено F (tested), это может означать, что на субклады тестирования не было. Так это и оказалось, по меньшей мере в некоторых случаях, как видно из рис. 4 и 5.

На этих рисунках показаны деревья гаплотипов для всех 19 гаплотипов, найденных в базе YSearch, и представленные в 67-маркерном и 22-маркерном форматах.

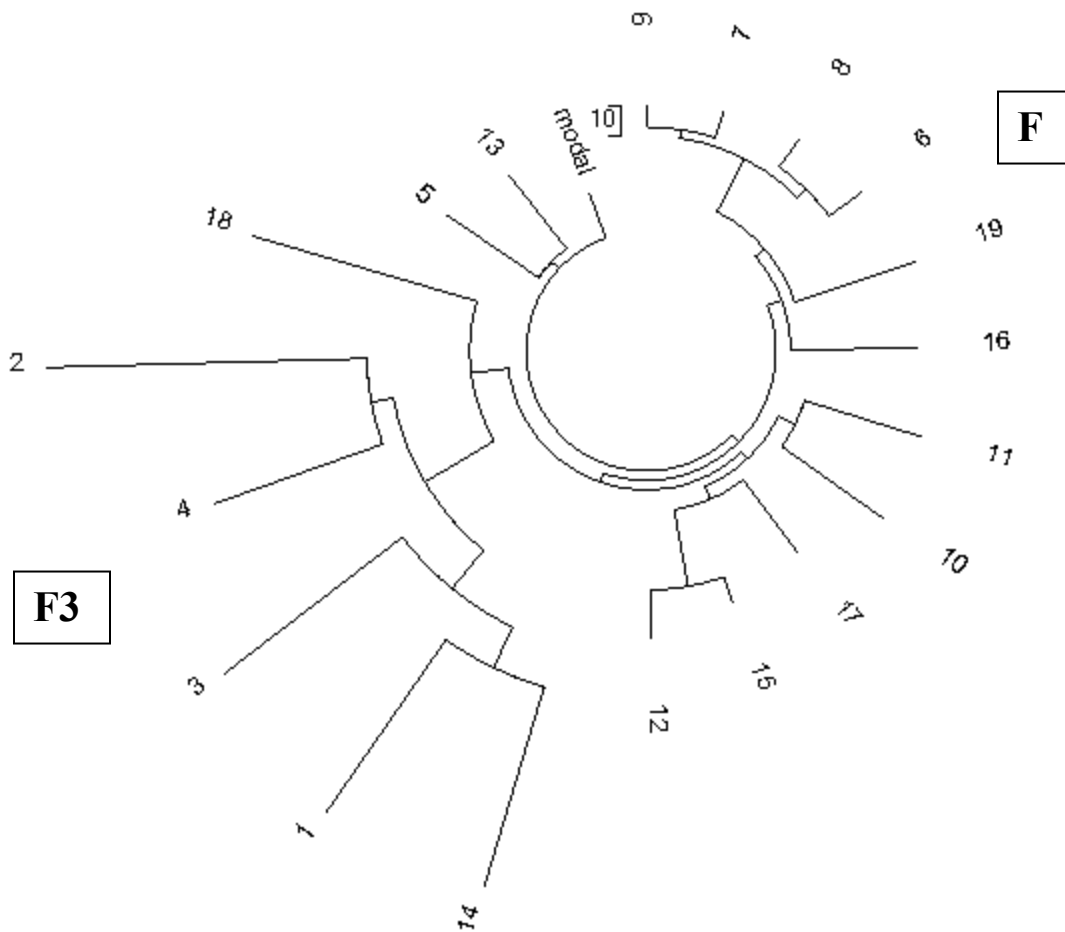


Рис. 4. Дерево из 19 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы F с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch. Отмечены субклады гаплогруппы. Гаплотипы 1-3 отмечены в YSearch как F3, 4-19 как F.

Видно, что гаплотипы 1-3 субклада F3 действительно принадлежат отдельной, на вид более древней ветви, на рис. 4 слева. К этой же ветви относятся и гаплотипы 4 и 14, отмеченные как F (tested) в базе данных YSearch. Гаплотип 18 занимает некую промежуточную позицию между субкладами F и F3. Возможно, это вообще другой субклад гаплогруппы F. Остальные гаплотипы, отмеченные как F, расходятся на три подветви. В одной гаплотипы 6-9, 16, 19; в другой гаплотипы 10-12, 15, 17; в третьей - пара гаплотипов 5 и 13 (рис. 4).

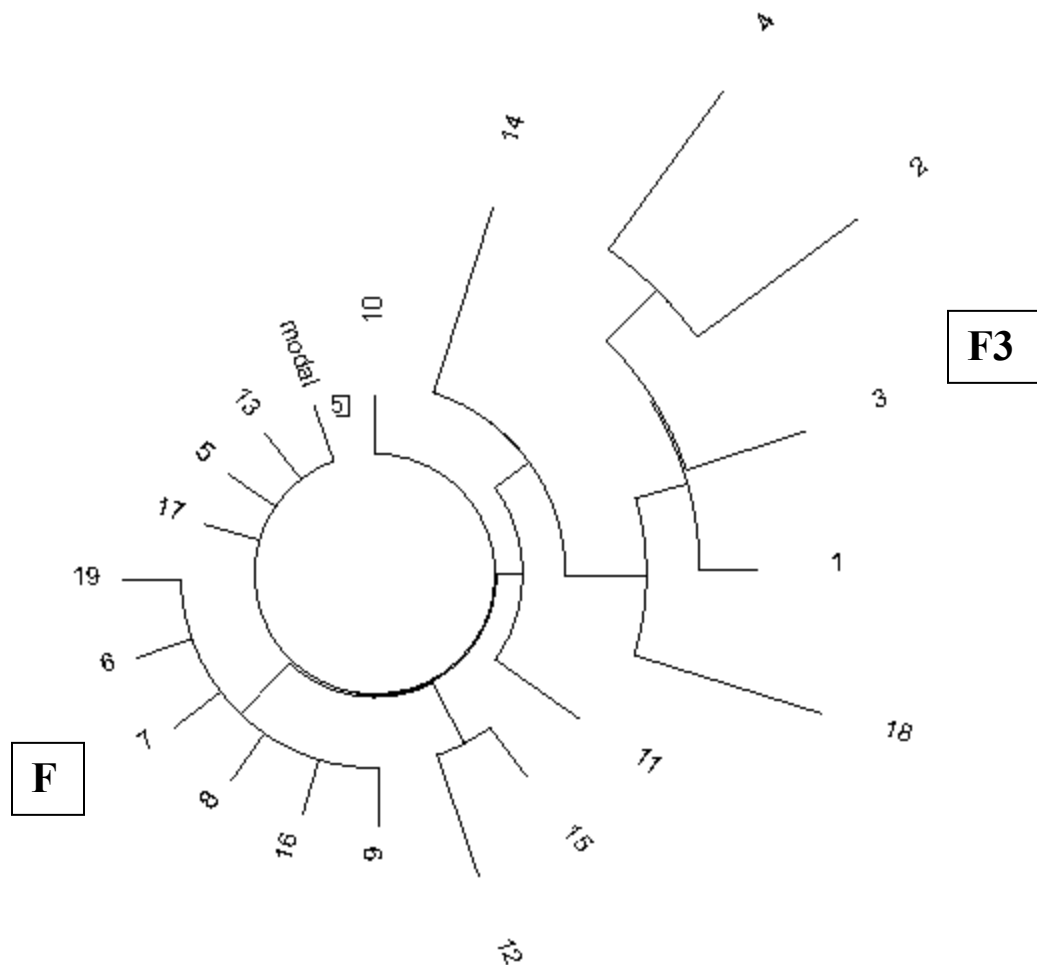


Рис. 5. Дерево из 19 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы F с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch. Отмечены субклады гаплогруппы. Гаплотипы 1-3 отмечены в YSearch как F3, 4-19 как F.

Эта картина полностью подтверждается на более «медленных» маркерах (рис. 5), причем число ветвей редуцируется до двух. Пара гаплотипов 5, 13 оказалась случайной ветвью на 67-маркерном дереве, поскольку вошли в состав базовых гаплотипов в 22-маркерной панели. Гаплотип 18 продолжает занимать некое промежуточное положение, и мы его рассмотрим позже. Все различия в гаплотипах, разделяющие их на ветви на рис. 5 (22-маркерная панель), определяются всего одной, двумя или тремя мутациями во всем гаплотипе. Однако следует напомнить, что для 22-маркерной панели эти различия разводят общих предков ветвей на 4,250, 8,700 и 13,400 лет, соответственно. Такие времена вполне достаточны для возникновения значимых субкладов.

Для проверки рассмотрим серию гаплотипов гаплогруппы F из другой базы данных, FTDNA (The Haplogroup F Y-DNA Project). В базе данных – 24 гаплотипа, из них три обозначены как F3 (те же, что и в базе YSearch), остальные – как F. На рис. 6 дерево гаплотипов представлено в 49-маркерном формате, в котором сняты маркеры, склонные к палиндромным мутациям (подробнее см. ниже). Как видно, это дерево практически то же по форме, что и 67-маркерное дерево на рис. 4.

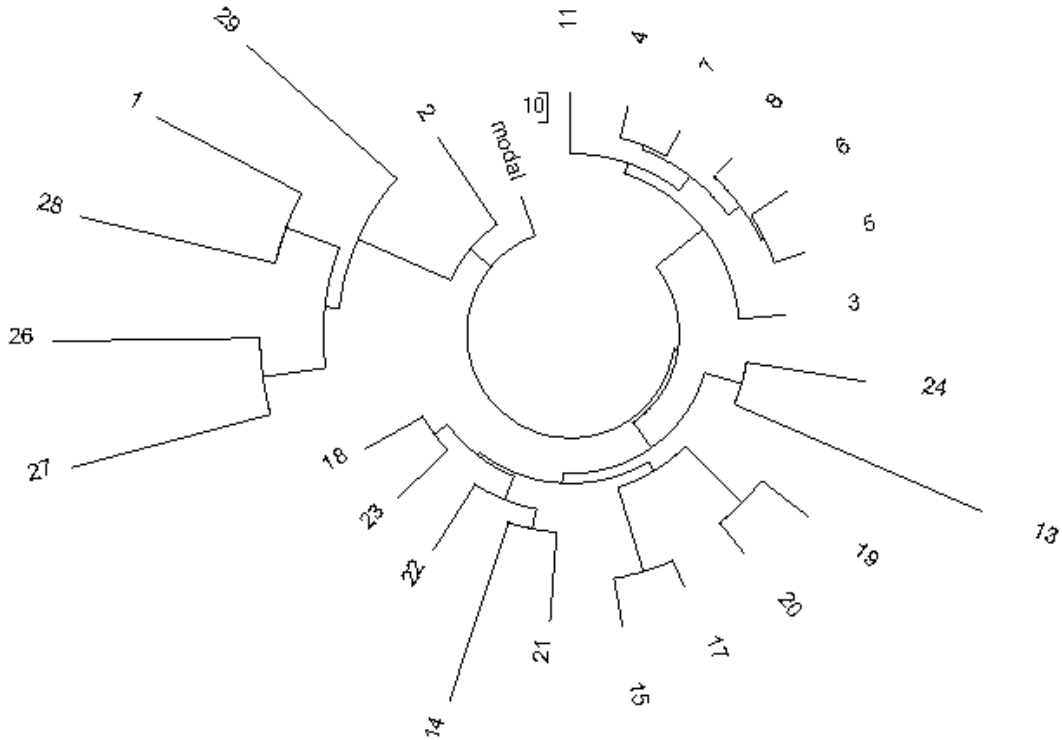


Рис. 6. Дерево из 24 49-маркерных гаплотипов гаплогруппы F с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных <http://www.familytreedna.com/public/F-YDNA/default.aspx?vgroup=F-YDNA&vgroup=F-YDNA&vgroup=F-YDNA§ion=yresults>. Отмечены субклады гаплогруппы. Гаплотипы 26-28 отмечены в базе данных как F3, остальные как F.

Расчеты по дереву на рис. 6 дали те же величины, что рассчитаны по дереву 67-маркерных гаплотипов на рис. 4, и некоторые примеры даны ниже.

Субклад F3

Это – гаплотипы 1-4, и примыкающие к ним 14 и 18 (рис. 4 и 5). Базовый гаплотип их в 67-маркерном формате:

13 22 14 10 11 11 11 12 12 14 11 17 -- 17 8 9 11 11 24 15 19 32 12 12 14 15 -- 11 10 17
17 15 14 19 14 34 36 12 10 – 11 9 15 16 8 11 10 8 10 10 12 20 20 17 11 12 12 18 8 13
25 20 11 13 11 13 11 11 12 12

На первые 4 гаплотипа, образующие «ядро» ветви, приходится 98 мутаций, что дает $98/4/0.12 = 204 \rightarrow 256$ поколений, или 6400 ± 910 лет до общего предка.

Если добавить примыкающие два гаплотипа, то на все 6 гаплотипов в серии будет 156 мутаций, что дает $156/6/0.12 = 217 \rightarrow 276$ поколений, или 6900 ± 880 лет до общего предка. Это – в пределах погрешности одни и те же величины.

Те же результаты дает и обработка 49-маркерного дерева на рис. 6. Напомним, что в 49-маркерной панели сняты 18 маркеров, склонных к палиндромным и нуль-мутациям. Гаплотипы субклада F3 (26-28, отмеченные в базе данных, плюс очевидный гаплотип 1 на рис. 6) имеют 64 мутации в 49-маркерной панели, что дает $64/4/0.08 = 200 \rightarrow 249$ поколений, то есть 6225 ± 1000 лет до общего предка, что практически совпадает с величиной $204 \rightarrow 256$ поколений, или 6400 ± 910 лет до общего предка, рассчитанной выше для 67-маркерных гаплотипов. Добавление гаплотипов 2 и 29 на рис. 5 добавит 32 мутации, что дает $96/6/0.08 = 200 \rightarrow 249$ поколений, или 6225 ± 890 лет до общего предка, то есть ту же самую величину. Иначе говоря, рассмотрение несколько другого списка гаплотипов и обработка его не в 67-, а в 49-маркерном варианте ничего не меняет в результатах расчетов.

Соответствующий 22-маркерный базовый гаплотип имеет вид

11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 9 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 11 11 12

На первых четырех гаплотипах всего 7 мутаций, что дает $7/4/0.006 = 292 \rightarrow 307$ поколений, то есть 7675 ± 3000 лет до общего предка. Как видно, расчеты малых ветвей 22-маркерных гаплотипов сопряжены с большими погрешностями. Эти панели более подходят для сопоставления базовых гаплотипов самих ветвей. Поэтому примем «возраст» общего предка для данных гаплотипов в субкладе F3 как 6900 ± 880 лет.

Субклад F

13 гаплотипов субклада F имеют следующий базовый гаплотип (различия с базовым гаплотипом субклада F3 отмечены:

15 22 14 10 **12 13** 11 12 **13 13** 11 17 -- **17** 8 9 **10** 11 **23** 15 **20 30 11** 12 **15** 15 -- **10** 10 17
17 15 **13 18 18 35 37** 12 10 – 11 **10** 15 16 8 11 10 8 **11** 10 12 20 20 17 11 12 12 **16** 8 13
26 21 11 **14** 11 13 11 11 12 12

Как видно, базовые гаплотипы F и F3 различаются весьма значительно. На все 13 гаплотипов приходится 169 мутаций, что дает $169/13/0.12 = 108 \rightarrow 121$ поколение, то есть 3025 ± 380 лет до общего предка. Действительно, как и видно из рис. 4 и 5, субклад F значительно «моложе» субклада F3. Возраст субклада F очень хорошо воспроизводится по 25-, 37- и 67-маркерным гаплотипам (68, 126 и 169 мутаций, соответственно), что дает (без поправок на возвратные мутации) 114, 108 и 108 поколений до общего предка, то есть в пределах 5% погрешности.

Базовый 22-маркерный гаплотип субклада F имеет вид:

11 12 11 – **10** 11 – 10 – 11 **10** 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 **14** 11 11 12

и отличается от такового для субклада F3 всего на три мутации. Но в 22-маркерной панели это дает 13400 лет расстояния между общими предками. Все 13 гаплотипов имеют 11 мутаций, что дает $11/13/0.006 = 141 \pm 45$ поколений без поправки на возвратные мутации, что опять в пределах погрешности совпадает с более точным определением по 67-маркерным гаплотипам (108 ± 14 поколений).

Итак, мы имеем все три показателя для расчета времени жизни общего предка девятнадцати гаплотипов субкладов F и F3 – «возраст» серии гаплотипов в каждом субкладе, и расстояние между их базовыми гаплотипами (то есть между временами жизни общих предков обоих субкладов). Получаем $(13400 + 6900 + 3025)/2 = 11700$ (округленно) лет до общего предка этих 19 гаплотипов.

Ясно, что это не может быть временем зарождения гаплогруппы F, и имеющиеся в базе данных YSearch 19 гаплотипов являются всего лишь «верхушкой айсберга» гаплогруппы. Либо до «древних» гаплотипов еще не дошли при тестировании, либо большинство ветвей просто не прошли бутылочное горлышко популяции. Потому и оказался в данной выборке субклад F (все европейские гаплотипы, см. выше) «моложе», чем F3 (Турция и Иран), хотя должно быть наоборот, F должен быть старше. Поскольку гаплогруппа F – родительская по отношению ко всем последующим

гаплогруппам, ее возраст не может быть меньше 46 тысяч лет (возраст гаплогруппы I, см. первую часть настоящего исследования), и, вероятно, больше возраста «бета-гаплогруппы» (64 тыс лет), от которой она произошла. Этот диапазон пока и примем, до появления новых гаплотипов и новых ветвей гаплогруппы F и субкладов.

Сопоставление субкладов F и F3 с гаплогруппами A, B и C по базовым гаплотипам

Сравним теперь базовые 22-маркерные гаплотипы рассмотренных ветвей с базовыми гаплотипами древних гаплогрупп.

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 9 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 11 11 12 (F3)

11 12 11 - 10 11 - 10 - 11 10 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 14 11 11 12 (F)

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)

Более древний базовый гаплотип F3 отделяют от базового гаплотипа гаплогруппы A 18 мутаций (122,500 лет), более «молодой» - 19 мутаций (133,500 лет). Так и должно быть, более «молодой» предок дальше отстоит от древних предков. Исходя из возраста гаплогрупп, получаем, что общий предок A и F3 жил $(122,500+85,000+6,900)/2 = 107,200$ лет назад. Это в любом случае старше, чем возраст гаплогруппы A (85 тысяч лет), но, поскольку 6900 лет - явно заниженная цифра для возраста субклада F3, полученная величина не «дотягивает» до возраста альфа-гаплогруппы. Чтобы общий предок действительно был 136 тысяч лет назад, возраст субклада F3 должен быть около 64 тысяч лет, что вполне возможно: $(122500+85000+64000)/2 = 135,750$ лет. Тогда, с соответствии с разрабатываемой концепцией, «родительской» гаплогруппой для F должна была быть «бета-гаплогруппа» с возрастом $64,000 \pm 6,000$ тысяч лет (Клёсов, 2011a). Не исключено, что гаплогруппа F и была «бета-гаплогруппой».

Для субклада F (явно заниженного по возрасту) получается $(133,500+85,000+3,025)/2 = 110,800$ лет назад, вместо 136,000 лет. В принципе, это входит в диапазон погрешности расчетов, но чтобы получить полную сходимость, возраст субклада F должен составить около 54 тысяч лет, $(133,500+85,000+54,000)/2 = 136,250$.

Этот пример показывает, что, отталкиваясь от возраста «альфа-гаплогруппы», и по мутационным расстояниям между базовыми гаплотипами можно рассчитывать «возраст» гаплогрупп, даже когда по ним нет достаточного количества гаплотипов для прямого рассмотрения.

Сопоставление с базовым гаплотипом гаплогруппы B (46 тыс лет назад)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

показывает, что базовые гаплотипы F3 и F отстоят от него на 10 и 13 мутаций, соответственно (53,700 и 76,000 лет). Принцип опять выполняется - субклад (или ветвь) «моложе» - больше мутационная разница с древним базовым гаплотипом.

Получаем для субклада F3 $(53,700+46,000+6,900)/2 = 32,600$ лет до общего (фантомного) предка, занижено по той же причине, что указана выше. На самом деле должно быть 64,000 лет (бета-гаплогруппа), и возраст субклада F3 получается около 30 тысяч лет, $(53,700+46,000+29,000)/2 = 64,000$ (округленно).

Для субклада F получаем $(76,000+46,000+3,025)/2 = 62,500$ лет до «бета-гаплогруппы», что близко к ее ранее определенному возрасту ($64,000 \pm 6,000$ лет). Так что здесь и других расчетов не требуется.

Интересно сопоставить с базовым гаплотипом гаплогруппы C (36,000 лет назад), поскольку гаплогруппы C и F образуют тандем на дереве гаплогрупп (ISOGG).

11 13 11 - 11 11 - 10 - 10 8 16 16 8 10 8 12 12 12 13 8 12 11 11 11 (C)

Действительно, мутационная разница получается минимальной - 7 и 10 мутаций (для субкладов F3 и F), по сравнению с рассмотренными выше примерами. Это - 34,600 и 53,700 между временами жизни общих предков. Напомним, что здесь речь идет не об абсолютной, а о «латеральной» временной дистанции, то есть времени, за которое в 22-маркерной панели накопятся 7 и 10 мутаций, соответственно, от общего предка суммарно до предков субкладов F и F3.

Получаем для времени жизни общего предка субклада F3 и гаплогруппы C $(34,600+36,000+6,900)/2 = 38,800$ лет (округленно) при использовании явно заниженного возраста субклада F3, и $(34,600+36,000+30,000)/2 = 50,300$ лет и $(34,600+36,000+52,000)/2 = 61,300$ лет (используя расчетные величины) для узла C-F на дереве гаплогрупп. Учитывая, что возраст вышестоящей бета-гаплогруппы $64,000 \pm 6,000$ лет, то возможны оба последних варианта.

Для субклада F получаем время жизни жизни общего предка с гаплогруппой C $(53,700+36,000+3,025)/2 = 46,400$ лет (округленно) при использовании явно заниженного возраста субклада F, и $(53,700+36,000+40,000)/2 = 64,900$ лет, используя расчетные величины, полученные выше, для узла C-F на дереве гаплогрупп. Учитывая, что

возраст вышестоящей бета-гаплогруппы $64,000 \pm 6,000$ лет, а возраст нижестоящей гаплогруппы I 46,000 лет (Клёсов, 2011a), второй вариант является более приемлемым.

Резумируя, отметим, что доступные протяженные гаплотипы гаплогруппы F и субклада F3 (гаплотипы гаплогрупп F1, F2 и F4 нами не найдены) пока не являются представительными, и сводятся к явно относительно недавним общим предкам, всего 3,025 и 6,900 лет назад, и их общему предку 11,700 лет назад. Тем не менее, структура (последовательность) базовых гаплотипов представляет независимую информацию, и находится на определенной дистанции от базовых гаплотипов других гаплогрупп. Это позволяет проводить независимые расчеты возраста общих предков гаплогрупп.

Расчеты показали, что возраст субкладов F и F3 на самом деле может составить 54 тысяч лет и 64 тысяч лет, соответственно, тогда время возникновения «узла» C-F было достаточно близко по времени к возникновению родительской «бета-гаплогруппы» ($64,000 \pm 6,000$ лет назад). Заслуживает внимание рассмотрение вопроса, не была ли сводная гаплогруппа C-F той самой «бета-гаплогруппой», как альтернатива предположению о гаплогруппе F в том же качестве (см. выше) .

Тогда картина, обрисованная в первой части настоящего исследования (Клёсов, 2011a), подтверждается и детализируется следующим образом:

- «Альфа»-гаплогруппа возникла 136 тысяч лет назад (ее предком был, условно говоря, «хромосомный Адам»), видимо, не в Африке,
- 85 тысяч лет назад от нее отошла гаплогруппа A, мигрировавшая в Африку,
- 64 тысяч лет назад от «альфа»-гаплогруппы образовалась «бета»-гаплогруппа, возможно, сводная гаплогруппа C-F,
- 46 тысяч лет назад от «альфа»-гаплогруппы гаплогруппа B, также мигрировавшая в Африку,
- 54 тысяч лет назад от сводной гаплогруппы C-F образовалась гаплогруппа F,
- 50 тысяч лет назад от сводной гаплогруппы C-F образовалась сводная гаплогруппа D-E,
- 46 тысяч лет назад от бета-гаплогруппы (возможно, сводная гаплогруппа C-F) образовалась гаплогруппа I,
- 45 тысяч лет назад от сводной гаплогруппы DE образовалась гаплогруппа E
- 42 тысячи лет назад из сводной гаплогруппы DE образовалась гаплогруппа D,
- 36 тысяч лет назад из сводной гаплогруппы C-F образовалась гаплогруппа C.

Последующие ближайшие гаплогруппы на филогенетическом древе выстраиваются в следующую систему (ISOGG, 2011):

- **G** L116, L154, L204, L240, M201, P257/U6, Page94, U2, U3, U7, U12, U17, U20, U21, U23, U33
- **H** M69, M370
- **IJK** L15/M523/S137, L16/M522/S138, L69.1(=G)/S163.1
 - **IJ** M429, P123, P124, P125, P126, P127, P129, P130, S2, S22
 - **I** M170, M258, P19, P38, P212, U179
 - **J** 12f2.1, L134, M304, P209, S6/L60, S34, S35
 - **K** M9, P128, P131, P132
 - **LT** L298/P326
 - **L** M11, M20, M22, M61, M185, M295
 - **T** L206, M184/USP9Y+3178, M193, M272, Page129
 - **K(xLT)** M526 (formerly MNOPS)

Гаплогруппа G

Гаплогруппа G – одна из самых загадочных. Где возникла – неизвестно, когда возникла – неизвестно, хотя сводка ISOGG датирует время ее возникновения примерно 30 тысяч лет назад, «возможно, в северной части Ближнего Востока». Другие датировки, как сообщает ISOGG-2011, даются в диапазоне от 10 до 23 тысяч лет. В Северной и Северо-Западной Европе она отмечена только в 2% популяции, с переходом на юг ее доля возрастает до 8-10%, и она в основном концентрируется на Кавказе, на Ближнем Востоке, в Иране, в Средиземноморье.

В сокращенном виде дерево субкладов гаплогруппы G дается в сводке ISOGG за 2011 год в приведенном ниже виде. Сообщается, что наиболее представленными субкладами являются G1, G2a, G2a1, G2a1a, G2a3a, G2a3b1a, G2c. Среди 997 67-маркерных гаплотипов проекта <http://www.familytreedna.com/public/G-YDNA/default.aspx?vgroup=G-YDNA§ion=yresults>

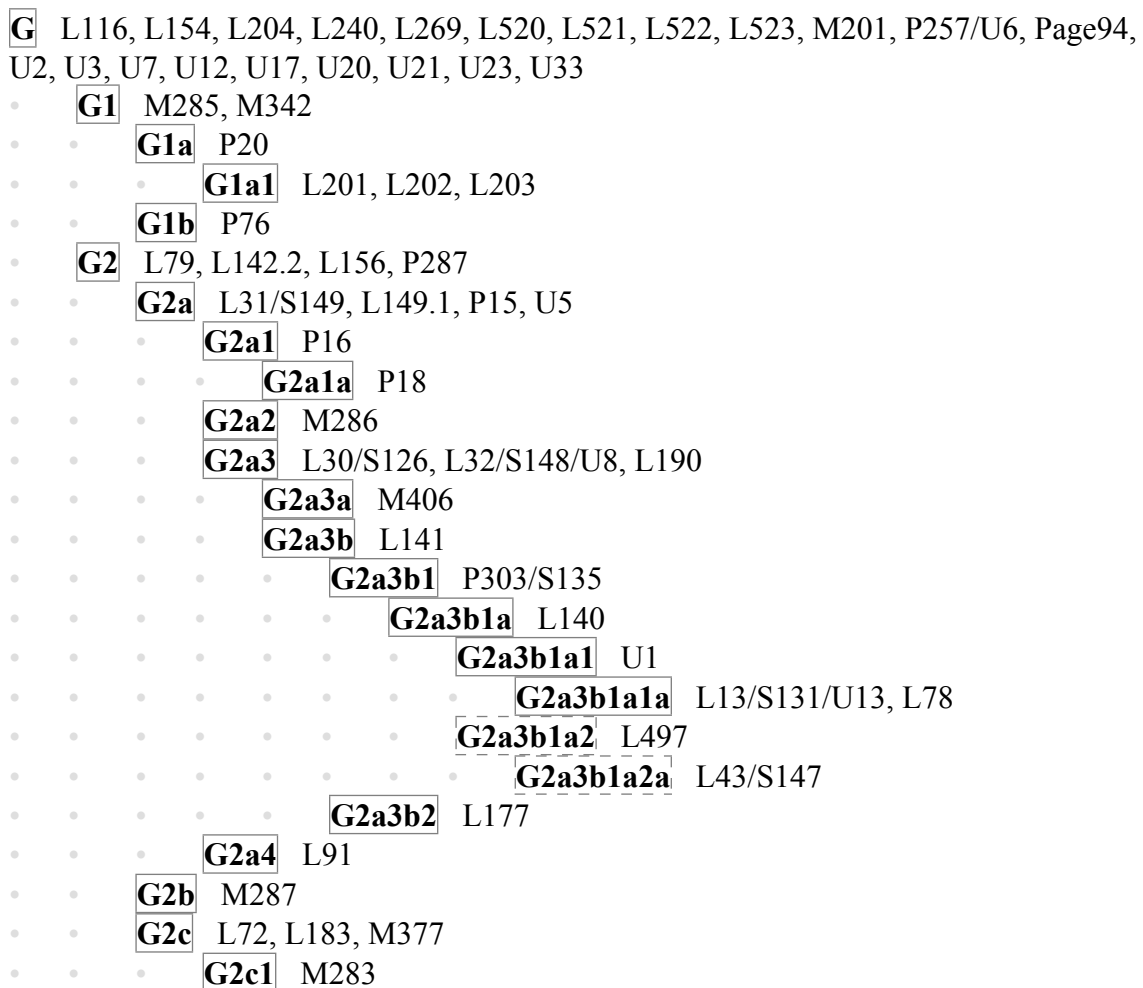
для которых приведены обозначения субкладов, эти субклады занимают следующую долю (впрочем, ценность этой информации совершенно условна, потому что многие гаплотипы, если не большинство, там «недотипированы», как будет показано ниже в настоящем исследовании.

Здесь вторая колонка показывает сведения по процентному содержанию субкладов в указанном проекте. Надо опять подчеркнуть, что почти

никакого отношения к реальности это распределение не имеет, и дается здесь только для информации о том, какие предпочтения имеются (в основном у FTDNA) в отношении глубины типирования.

G	46%
G1	1.4%
G2a	13%
G2a1	0.5%
G2a1a	0.9%
G2a3a	3.2%
G2a3b1	16%
G2a3b1a	4.8%
G2c	2.8%

Дерево субкладов гаплогруппы G по данным ISOGG-2011 (http://www.isogg.org/tree/ISOGG_HapgrpG.html), в некотором сокращении:



Гаплогруппа G и некоторые субклады

Мы будем основывать наш анализ в основном на списке из 997 67-маркерных гаплотипов проекта

<http://www.familytreedna.com/public/G-YDNA/default.aspx?vgroup=G-YDNA§ion=yresults>,

которые мы превратили в 22-маркерные гаплотипы. Этот формат гаплотипов хорош тем, что одна мутация в этих гаплотипах происходит в среднем раз в 4250 лет, что облегчает изучение серий гаплотипов, происходящих от древних общих предков.

Для детального рассмотрения сначала были взяты все 454 гаплотипа, типированных как «гаплогруппа G». Было ясно, что из этих гаплотипов почти никакие не относятся к гаплогруппе G*, и что они расходятся по субкладам, которые просто «нетипированы». Но 454 67-маркерных гаплотипов – неплохая выборка, чтобы провести это «типирование» по виду и строению базовых гаплотипов, и по виду дерева гаплотипов.

На рис. 7 показано дерево этих 454 гаплотипов, обозначенных в базе данных как гаплогруппы G. Как и оказалось, все они принадлежат нисходящим субкладам данной гаплогруппы. Администраторы проекта провели большую работу, и в значительной степени сами выявили многие субклады, которые оказались нетипированы тестирующими компаниями. На рис. 7 приняты индексы субкладов, используемые в Проекте.

На дереве – три базовых гаплотипа

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11

что при формальном рассмотрении дает $\ln(454/3)/0.006 = 837 \rightarrow 944$ поколения, то есть 23,600 лет до общего предка. Как будет показано ниже, это в целом согласуется с расчетом времени жизни общего предка по мутациям всего дерева, и, соответственно, может быть приближенно принято за то, что в основе всего дерева был один общий предок, и за его датировку. Но это только самое первое приближение, поскольку в этом расчете мы пока не принимали во внимание деление дерева по субкладам.

основном DYS388=12. Эта система важна для понимания исторического развития субкладов гаплогруппы G, и будет рассмотрена ниже.

Субклады G2c2 и G2c2a с нуль-мутацией в DYS425, 22-маркерные гаплотипы

Из 87 гаплотипов с нуль-мутацией на рис. 8 тринадцать являются разнородными, составленными из разных субкладов (ветвь слева), из оставшихся 74 гаплотипов 54 образуют ветвь протяженных базовых гаплотипов субклада G2c2 (мутационные различия с базовым гаплотипом всего дерева на рис. 7 отмечены)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 **0** 10 **11** 12 **9** **13** 11 11 11,

Семь идентичных гаплотипов слева внизу на рис. 8 представляют следующий базовый гаплотип, который авторы цитируемого проекта относят к субкладу G2c2a (отмечена одна мутация по сравнению с базовым гаплотипом субклада G2c2)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 **0** **9** 11 12 9 13 11 11 11

и на оставшиеся 13 гаплотипов субклада G2c2 приходится 14 мутаций. Логарифмический метод расчета дает $[\ln(67/54)]/0.006 = 36$ поколений, то есть 900±150 лет до общего предка субклада G2c2, линейный метод дает $14/67/0.006 = 35$ поколений, то есть 875±250 лет до общего предка, что совпадает практически идеально. Это указывает на наличие всего одного предка в нуль-мутационном субкладе G2c2, и на приемлемую корректность расчетов.

Одна мутация между базовыми гаплотипами субкладов G2c2 и G2c2a показывает, что их общие предки жили примерно на 4250 лет «латерального расстояния» друг от друга. На столь малых (для 22-маркерных гаплотипов) временах эта оценка является грубой, и как показано ниже на 49-маркерных гаплотипах, эта разница составляет 1000 лет. Так что ИХ общий предок, то есть общий предок субкладов G2c2 и G2c2a, жил примерно $(1000+900)/2 = 950$ лет назад, то есть это и был общий предок субклада G2c2, что вполне логично.

49-маркерные гаплотипы использовались не столько потому, что они не содержат палиндромных мутаций. К сожалению, в «Проектах» FTDNA с недавнего времени принята новая форма записи, в которой «сцепленные» локусы (маркеры) помещены в одну ячейку, и разделять их на отдельные маркеры – процедура трудоемкая. Поэтому в таких случаях нами вместо 67-

маркерных гаплотипов зачастую используется, помимо 22-маркерной, и 49-маркерная панель, в которой эти «сцепленные» локусы, склонные к палиндромным мутациям, отсутствуют. Эта 49-маркерная панель описана в работе (Klyosov, 2011), соответствующая константа скорости мутации равна 0.0080 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет).

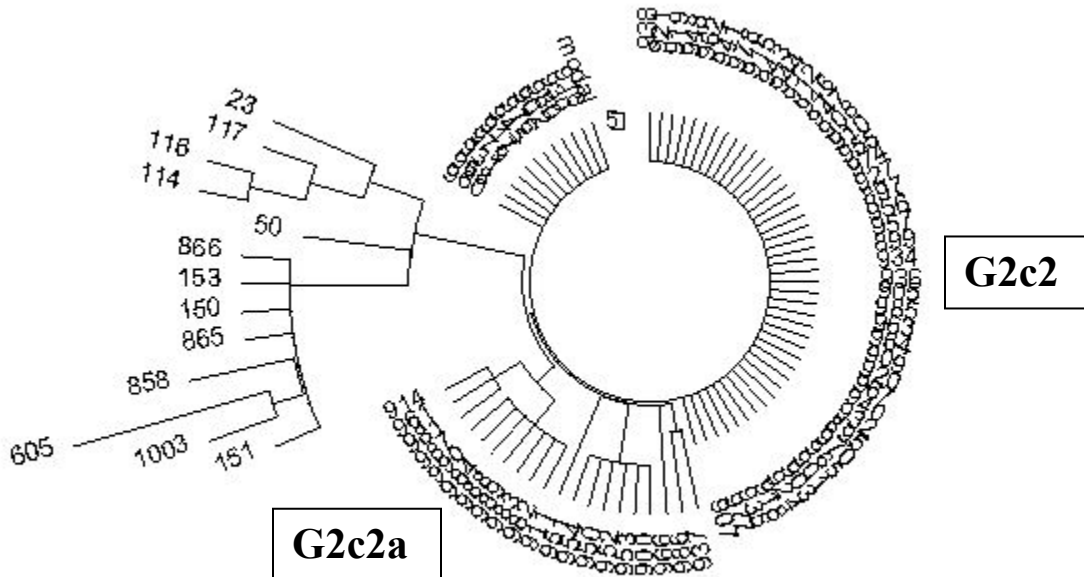


Рис. 8. Дерево из 87 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы G с субкладами, в которых DYS425=0. Гаплотипы взяты из базы данных <http://www.familytreedna.com/public/G-YDNA/default.aspx?vgroup=G-YDNA§ion=yresults>. Большую часть дерева составляют гаплотипы субклада G2c2, с несколькими субкладами группы G2c2a (слева внизу). Иностранная ветвь слева состоит из разнородных гаплотипов субкладов G1a3, G2a, G2a2, G2a3a, G2a3b, G2a4, G2a6; гаплотип 1003 обозначен в базе данных как вызывающий сомнения.

Базовый гаплотип серии гаплотипов субклада G2c2 с нуль-мутацией отличается от базового гаплотипа всего дерева на рис. 7 на пять мутаций (отмечено выше), что разводит ИХ общих предков на 23,500 лет. Иначе говоря, их общий предок жил примерно $(23500+23600+900)/2 = 24,000$ лет назад. Это и есть общий предок всего дерева на рис. 7, как было определено выше.

Субклады G2c2 и G2c2a с нуль-мутацией в DYS425, 49-маркерные гаплотипы

Для проверки выводов предшествующего раздела были рассмотрены 49-маркерные гаплотипы, в которой «сцепленные» локусы, склонные к палиндромным мутациям, отсутствуют. Эта 49-маркерная панель описана в работе (Klyosov, 2011), соответствующая константа скорости мутации равна 0.0080 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет). Дерево из 97 гаплотипов субклада G2c2 и нижестоящего субклада G2c2a, все с нуль-мутациями в DYS425, приведено на рис. 9. В нем на десять гаплотипов больше, чем в дереве на рис. 8, потому что добавленные гаплотипы были положительно типированы на субклад G2c2; дерево на рис. 8 ограничивалось только гаплотипами, которые были типированы тестирующими компаниями как G, что ни в одном случае из 87 гаплотипов на рис. 8 не оказалось правильным; все 87 гаплотипов оказались неотипированы, и на самом деле принадлежали субкладам G2c2 или G2c2a.

Дерево показывает целый ряд ветвей, которые, судя по виду дерева, происходят от одного общего предка. Собственно, это же мы получили из 22-маркерного дерева субклада G2c2 (рис. 8), и время жизни общего предка субклада, рассчитанное по 22-маркерным гаплотипам, оказалось 900 ± 150 лет назад. 49-маркерное дерево имеет четыре базовых гаплотипа

13 23 15 10 **11 12** 11 14 **11** - 18 **11 11** 24 16 21 28 - 10 11 17 16 15 16 12 **10** - **11 8 8** 11
10 8 12 10 14 **10 11 12** 14 **9** 13 19 21 18 **13 11** 13 10 **11 11** 12

которые полностью совпадают с базовым 22-маркерным гаплотипом дерева на рис. 8 (эти совпадения отмечено выше, плюс совпадения в трех маркерах, которые входят в 22-маркерную панель, но не входят в 49-маркерную - DYS395S1a,b, и DYS425).

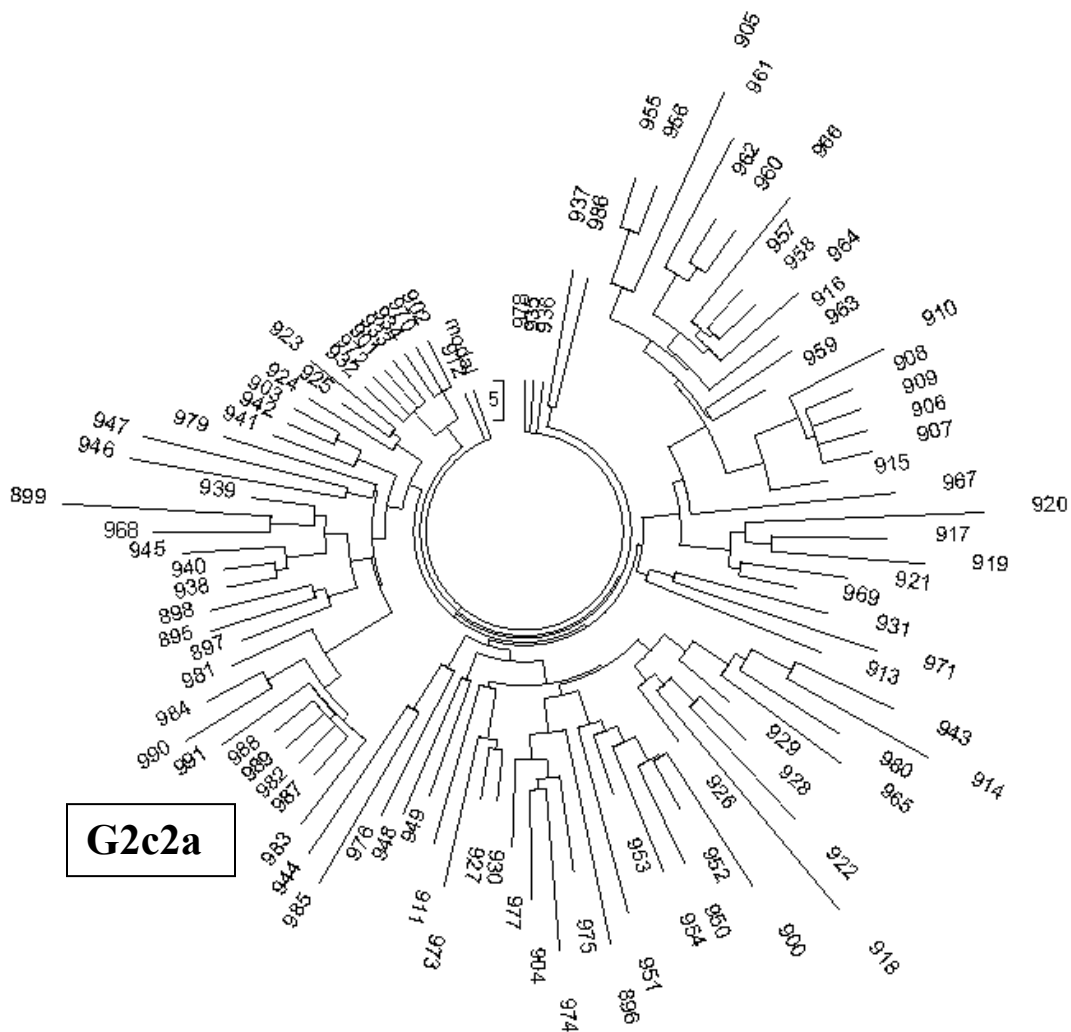


Рис. 9. Дерево из 97 49-маркерных гаплотипов гаплогруппы G2c2, в которых DYS425=0. Гаплотипы взяты из базы данных <http://www.familytreedna.com/public/G-YDNA/default.aspx?vgroup=G-YDNA§ion=yresults>. Большую часть дерева составляют гаплотипы субклада G2c2, с несколькими субкладами группы G2c2a (слева внизу).

Поскольку на дереве 97 гаплотипов (из них 8 гаплотипов субклада G2c2a, см. ниже), из которых 4 базовых, логарифмический метод дает $[\ln(89/4)]/0.08 = 39 \rightarrow 41$ поколение, или примерно 1025 лет до общего предка. Примерно - потому что всего четыре базовых гаплотипа дают большую погрешность определения. Тем не менее, это хорошо согласуется с величиной 900 ± 150 лет для «возраста» общего предка, рассчитанного по 22-маркерным гаплотипам.

22-маркерные гаплотипы не смогли показать «возраст» общего предка для субклада G2c2a, поскольку все семь гаплотипов были идентичны друг другу, и технически в 22-маркерной панели этот возраст был нулевой. Ясно, что общий предок жил относительно недавно. 49-маркерные гаплотипы позволяют этот возраст уточнить. На дереве 49-маркерных гаплотипов в ветвь этого субклада входят уже восемь гаплотипов, все с характерной особенностью DYS594=9, как указывалось выше. Это ветвь показана на рис. 10. Базовый гаплотип ветви следующий:

13 **24** 15 10 11 12 11 14 11 – 18 11 11 24 16 21 28 – 10 11 17 16 15 16 12 10 – 11 8 8 11
10 8 12 10 14 **9** 11 12 14 9 13 19 **22** 18 13 11 13 10 11 11 12

Отмечены мутационные различия субклада G2c2a по сравнению с «родительским» субкладом G2c2 (см. выше). Здесь уже три мутации, по сравнению с одной мутацией в более «грубых» 22-маркерных гаплотипах. Так что разница между общими предками этих субкладов составляет $3/0.08 = 38 \rightarrow 40$ поколений, или 1000 лет.

Поскольку этих базовых гаплотипов всего четыре, то есть половина всего субклада, то уже можно приблизительно рассчитать «возраст» субклада по данным гаплотипам: $[\ln(8/4)]/0.08 = 8.7$ поколений, то есть всего 217 лет, естественно, с большой погрешностью, но порядок ясен. Проверим это линейным методом, более точным в данной ситуации. Все 8 гаплотипов имеют всего пять мутаций от базового гаплотипа, что дает $5/8/0.08 = 7.8$ поколений, то есть 195 лет до общего предка. Разница – всего 11%. Так что погрешность по случайному совпадению оказалась совсем небольшой.

Итак, общий предок всех восьми гаплотипов субклада G2c2a с нуль-мутацией жил всего 200 лет назад, и его родительского субклада G2c2 с нуль-мутацией – 950 лет назад.

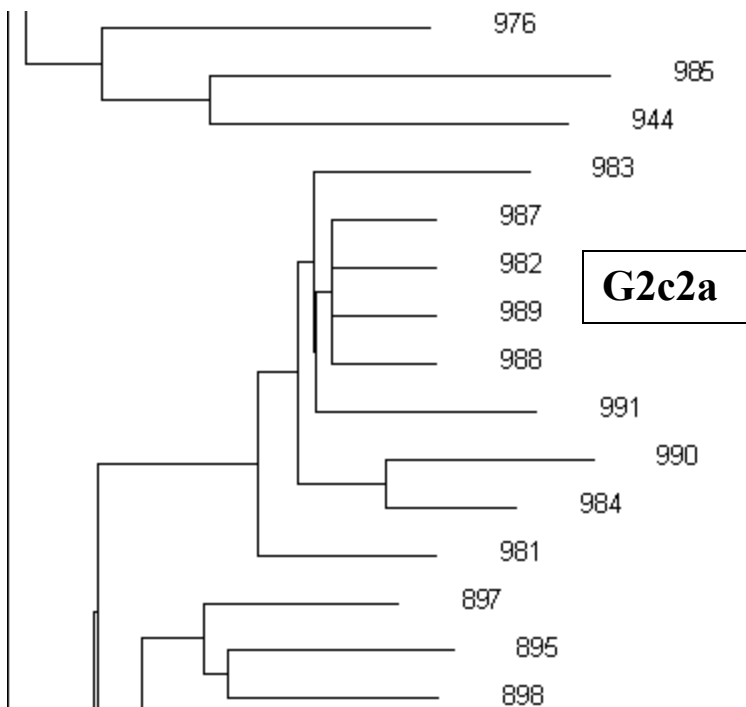


Рис. 10. Фрагмент дерева 49-маркерных гаплотипов, показывающий субклад G2c2a из восьми гаплотипов (гаплотипы 982-984, 987-991) с нуль-мутацией в DYS425. Гаплотипы взяты из базы данных <http://www.familytreedna.com/public/G-YDNA/default.aspx?vgroup=G-YDNA§ion=yresults>.

Подразделение дерева гаплогруппы G на подгруппы субкладов

Внимательное рассмотрение дерева на рис. 7 показало, что оно состоит из двух половин, в одной преобладает DYS388=12, в другой DYS388=13. Это наблюдение позволяет лучше понять динамику субкладов во времени, поскольку в какой-то момент произошла характерная мутация этого маркера, и в дальнейшем последующие субклады все унаследовали эту «медленную» мутацию. Рассмотрим это явление более подробно.

На рис. 11 приведено дерево гаплотипов, ранее показанное на рис. 7, но из которого изъяты все нуль-мутированные гаплотипы, общим числом 87. Дерево стало более компактным, и в нем еще более заметно деление дерева на две половины, с DYS388=12 (правая половина) и DYS388=13 (левая половина). Видно, что левая половина более компактная, следовательно, более «молодая», правая – более древняя. 56 базовых гаплотипов на вершине дерева принадлежат левой половине, в них всех DYS388=13, поэтому они не могут относиться к всему дереву.

и из 22 аллелей только одна отличается от базового гаплотипа всего дерева (отмечена выше). Логарифмический метод дает «возраст» общего предка дерева $[\ln(180/10)]/0.006 = 482 \rightarrow 518$, то есть примерно 12,950 лет. Поскольку дерево на рис. 12 имеет 504 мутации от базового гаплотипа, это дает $504/180/0.006 = 467 \rightarrow 496$, то есть $12,400 \pm 1,400$ лет до общего предка. Различие в этих величинах – всего 4%, и это различие попадает в погрешность расчетов. Это означает, что дерево с неплохой точностью может считаться произошедшим от одного общего предка. Как видно, этот предок довольно древний.

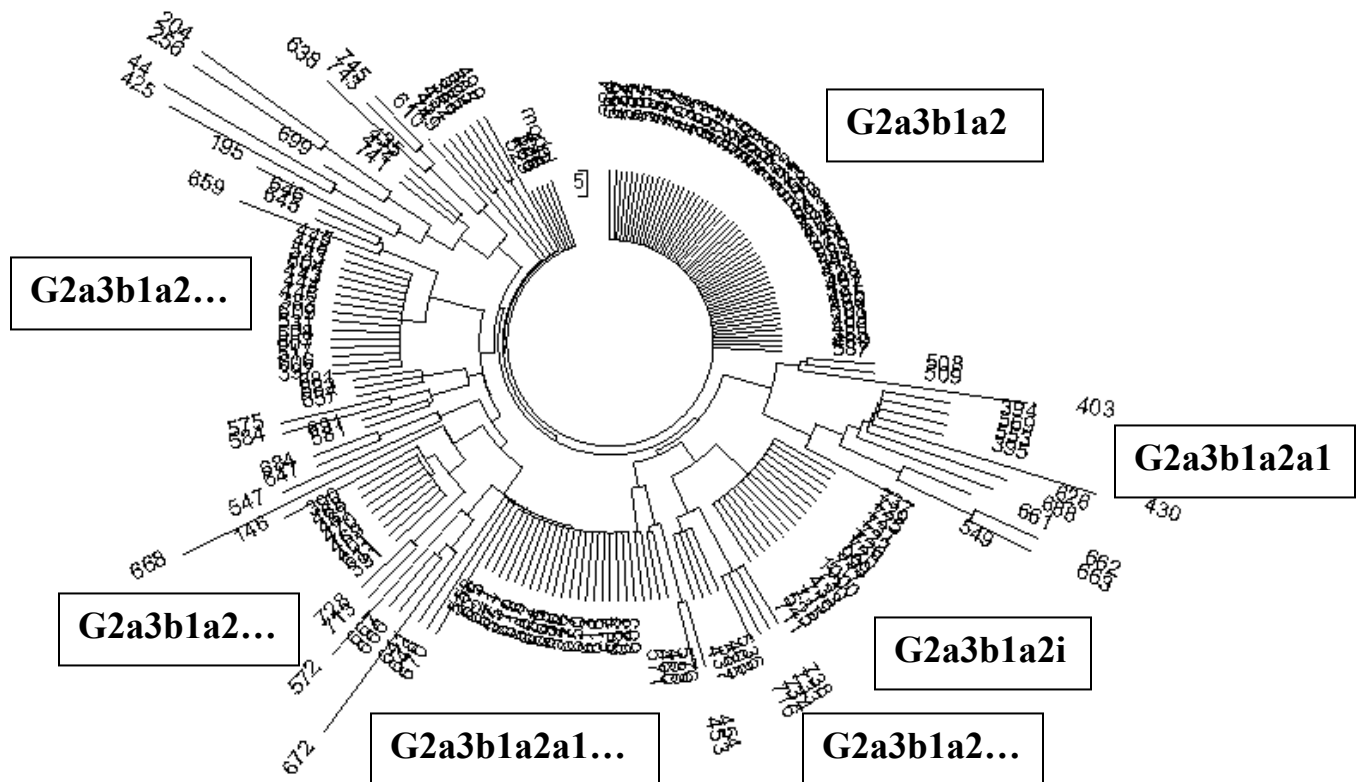


Рис. 13. Дерево левой ветви на рис. 8, состоящее из 187 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы G с субкладами, за вычетом гаплотипов с нуль-мутацией. Почти все гаплотипы дерева (185 из 187) имеют DYS388=13. Гаплотипы взяты из базы данных <http://www.familytreedna.com/public/G-YDNA/default.aspx?vgroup=G-YDNA§ion=yresults>. Идентификация субкладов проведена ниже. Многоточия в индексах субкладов показывают недотипированные субклады.

Напротив, на рис. 13 дерево имеет 185 гаплотипов с $DYS388=13$ из 187, то есть 99% от всех. Из этих 187 гаплотипов дерева 56 - базовых гаплотипов

11 **13** 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11

Как видно, этот базовый гаплотип симметричен предыдущему, и тоже отличается только на одну мутацию от базового гаплотипа всего дерева на рис. 10 (отмечена выше). Понятно, что с таким количеством базовых гаплотипов «возраст» общего предка относительно недавний.

Логарифмический метод дает его «возраст» как $[\ln(187/56)]/0.006 = 201 \rightarrow 207$, то есть $5,175 \pm 860$ лет. Поскольку дерево на рис. 13 имеет 204 мутаций от базового гаплотипа, это дает $204/187/0.006 = 182 \rightarrow 187$, то есть $4,675 \pm 570$ лет до общего предка. Это различие тоже мало, примерно 10%, и тоже попадает в погрешность расчетов. Таким образом, и это дерево с хорошей точностью может считаться произошедшим от одного общего предка, только значительно более недавнего.

Теперь понятно, почему дерево на рис. 7, имея базовый гаплотип одной половины дерева

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **13** 11 11 11

и другой половины

11 **13** 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11

причем почти с одинаковым количеством гаплотипов в каждой половине (не считая гаплотипов с нуль-мутацией, которые образуют совершенно отдельную ветвь), показало базовый гаплотип, равноудаленный от обоих

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11

Поскольку одна мутация между двумя 22-маркерными гаплотипами разводит их общих предков на 4250 лет, ИХ общий предок жил примерно $(4250+12400+5175)/2 = 10,900$ лет назад. Это всего на 13% отличается от «возраста» общего предка более древней ветви, что находится в пределах погрешности для расчетов такого рода. Таким образом, более древняя ветвь, с возрастом 12,400 лет и базовым гаплотипом (с $DYS388=12$)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **13** 11 11 11

является родительской по отношению к более молодой ветви, с $DYS388=13$).

Как уже отмечалось выше, базовый гаплотип ветвь с нуль-мутацией (субклад G2c2) отличается от базового гаплотипа дерева на 5 мутаций, что разводит их общих предков на 23,500 лет.

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 **0** 10 **11** 12 **9 13** 11 11 11,

Это дает «возраст» ИХ общего предка примерно $(23500+12400+900)/2 = 18,400$ лет. Как будет показано ниже, это всего ненамного «моложе» возраста общего предка доступных гаплотипов гаплогруппы G с субкладами (примерно 24 тысячи лет).

Основные базовые гаплотипы дерева гаплогруппы G

На дереве гаплотипов гаплогруппы G с субкладами (рис. 7) в 22-маркерном формате имеется по меньшей мере 20 разных базовых гаплотипов. Иначе говоря, это гаплотипы, которые идентичны друг другу и либо образуют отдельную ветвь (тогда возраст данной ветви относительно «молодой», поскольку в ней не обнаруживается мутаций), либо находятся в отдельной ветви вместе с мутированными гаплотипами. Тогда суммарное количество мутаций в ветви связано с «возрастом» общего предка данной ветви.

Для начала выпишем базовые гаплотипы по часовой стрелке по деревьям гаплогруппы G с субкладами (рис. 12 и 13), нумеруя их в этом порядке.

Дерево гаплотипов рис. 12 (правая ветвь на рис. 11) с DYS388=12. Субклады G1, G1a, G1c, G2a, G2a1a, G2a3a, G2a3a1, G2a3b1, G2a3b1a, G2a3b1a1a, G2a3b1a3

Базовый гаплотип дерева на рис. 12 следующий:

1) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a; 12400)

Ранее мы установили, что общий предок, имевший это гаплотип, жил $12,400 \pm 1,400$ лет назад. По данным проекта гаплогруппы G, 10 базовых гаплотипов этой ветви принадлежат субкладу G2a с нижеследующими субкладами G2a3, G2a3a, G2a3b1, G2a3b1a и G2a3b1a1, G2a3b1a1a1. Если так, то датировка 12,400 лет назад относится к субкладу G2a, G2a3 или G2a3a, в зависимости от глубины проведенного типирования.

2) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 **11** 8 13 11 11 11 (G2a3b2a)

Выше - базовый гаплотип соседней ветви субклада G2a3b2a, и он отличается на одну мутацию от предыдущего базового гаплотипа.

Следующие четыре базовых гаплотипа сидят в составе ветви из 14, видимо, недотипированных G2a и G2a3a3a гаплотипов. Сами же базовые были идентифицированы в проекте G как принадлежащие субкладу G2a3a3a1:

3) 11 12 **12** - 11 **12** - 10 - 11 **9** 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a3a3a1)

Три мутации от базового гаплотипа дерева транслируются в 13,400 лет латерального временного расстояния между двумя общими предками субкладов G2a и G2a3a3a1. Если принять, что общий предок имеющихся у нас гаплотипов гаплогруппы G жил 18,400 лет назад (см. выше), и общий предок субклада G2a жил 12,400 лет назад, то общий предок субклада G2a3a3a1 жил 11 тысяч лет назад, поскольку $(13,400+12,400+11,000)/2 = 18,400$.

4) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **12** 11 11 11 (G2a3b1a)

Выше - базовый гаплотип всего дерева на рис. 7, их было три гаплотипа на 454 гаплотипов дерева. Но при выделении дерева с DYS388=12 в отдельное, эти три базовых гаплотипа заняли скромное место в боковой ветви из восьми гаплотипов. Все восемь были определены в проекте G как принадлежащие субкладу G2a3b1a, в ряде случаев с подчиненными субкладами -2, -2e и -2g. Необычность этой ветви в том, что у всех восьми гаплотипов мутирован только маркер DYS388, причем мутирован в широких пределах - две аллели DYS388=14 и три аллели DYS388=15. Это - все аллели 14 и 15 всего дерева, и они все собрались именно в этой ветви. Остальные маркеры идентичны. Похоже, что дерево собралось все эти необычные аллели в одну ветвь просто потому, что некуда было их девать.

5) 11 12 **10** - 11 11 - **11** - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **14** 11 11 11 (G2a3b1a1a1c)

Ветвь выше из четырех базовых гаплотипов является дочерней от протяженной ветви из 21 базового гаплотипа:

6) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **14** 11 11 11 (G2a3b1a1a1)

Следующая довольно обширная ветвь содержит четыре разных базовых гаплотипа в четырех подветвях:

7) 11 12 **10** - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 **12** 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a1a1)

8) 11 12 **10** - **12** 11 - **9** - 11 8 15 16 8 10 8 **12** 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a1a1a)

9) 11 12 **12** - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 **12 11** 12 12 8 **12** 11 11 11 (G1c)

10) 11 12 **12** -11 11 -10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 **12** 10 12 12 8 **12** 11 11 11 (G1a)

К этой ветви примыкает одиночный гаплотип (номер 8), который авторы проекта G предсказали как принадлежащий субкладу G1. Всего среди 997 гаплотипов в проекте есть девять, отмеченные как гаплотипы субклада G1. Их базовый гаплотип

11 12 **12** -11 11 -10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 **12** 10 12 12 8 **12** 11 11 11 (G1, 10,900)

отстоит от базового гаплотипа субклада G2a

1) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a; 12400)

на 5 мутаций, что разводит их общих предков на 23,500 лет.

Среди этих 9 гаплотипов субклада G1 имеется 22 мутации, что дает $22/9/0.006 = 407 \rightarrow 436$ поколений, то есть 10,900 лет до общего предка, и их общий с G2a предок, то есть предположительно общий предок гаплогруппы G, жил $(10900+23500+12400)/2 = 23,400$ лет назад. Близкая к ней величина, 24,000 лет назад для общего предка гаплогруппы G, была нами найдена ранее.

Поскольку базовый гаплотип G1 отстоит на 22 мутации от базового гаплотипа A (170,500 лет), ИХ общий предок жил $(170,500+85,000+10,900)/2 = 133,200$ лет назад (округлено). Это опять общий предок «альфа-гаплогруппы» (130,000 лет назад) с точностью до 3%.

Отметим, что общий предок гаплогруппы G1 (10,900 лет назад) на самом деле не «моложе» общего предка гаплогруппы G2a (12,400 лет назад), так как это противоречило бы филогенетическому дереву. Это – общие предки тех немногих гаплотипов, что входят в список проекта G, и именно к ним относятся указанные датировки. Если бы список гаплотипов был расширен, возраст общего предка был древнее, базовый гаплотип еще более приблизился к базовому гаплотипу гаплогруппы A (и B), и число мутаций между ними было бы меньше. Компенсация дала бы тот же возраст «альфа-гаплогруппы». Иначе говоря, если правильному базовому гаплотипу для данной группы гаплотипов соответствует правильно рассчитанный возраст общего предка, то это даст правильный возраст «альфа-гаплогруппы», что мы и наблюдаем.

Возвращаемся к ветвям дерева гаплотипов.

11) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a3a1)

12) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 **9** 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a3a)

13) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 **9** 11 11 (G2a3b1a3)

Итак, общая матрица базовых гаплотипов с DYS388=12 следующая:

- 1) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a; 12400)
- 2) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 **11** 8 13 11 11 11 (G2a3b2a)
- 3) 11 12 **12** - 11 **12** - 10 - 11 **9** 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a3a3a1)
- 4) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **12** 11 11 11 (G2a3b1a)
- 5) 11 12 **10** - 11 11 - **11** - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **14** 11 11 11 (G2a3b1a1a1c)
- 6) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **14** 11 11 11 (G2a3b1a1a1)
- 7) 11 12 **10** - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 **12** 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a1a1)
- 8) 11 12 **10** - **12** 11 - **9** - 11 8 15 16 8 10 8 **12** 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a1a1a)
- 9) 11 12 **12** - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 **12 11** 12 12 8 **12** 11 11 11 (G1c)
- 10) 11 12 **12** - 11 11 - 10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 **12** 10 12 12 8 **12** 11 11 11 (G1a)
- 11) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a3a1)
- 12) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 **9** 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a3a)
- 13) 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 **9** 11 11 (G2a3b1a3)

Суммарно по всем 13 базовым гаплотипам имеется 31 мутация (от базового гаплотипа G2a), что дает $31/13/0.006 = 397 \rightarrow 416$ поколений, то есть $10,475 \pm 2,210$ лет от усредненного возраста всех 13 базовых гаплотипов до общего предка. Поскольку большинство базовых гаплотипов образуют свои плоские ветви, средний возраст невелик, и соответствует примерно 2,000 лет. Таким образом, общий предок всего дерева на рис. 12 жил примерно 12,500 лет назад, что практически совпадает с величиной 12,400 лет, полученной при анализе всего дерева (см. выше). Закономерно, что только один базовый гаплотип из всего списка в 13 гаплотипов не имеет мутаций – это базовый гаплотип G2a. Он и есть базовый гаплотип всего дерева на рис. 12, и это его возраст – 12,400 лет. Как нами оценено выше, общий предок гаплогруппы G жил 24 тысячи лет назад.

Дерево гаплотипов рис. 13 (левая ветвь на рис. 11) с DYS388=13. Субклады G2a3b1a2, G2a3b1a2a1 и подчиненные субклады, в основном неидентифицированные

На дереве, приведенном на рис. 13, имеется 56 базовых гаплотипов. Это – субклад G2a3b1a2:

14) 11 13 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2)

Как отмечалось выше, единственное отличие от базового гаплотипа дерева на рис. 12 (другой половины дерева на рис. 11) – это маркер DYS388=13, отличающийся на одну мутацию от второй серии гаплотипов гаплогруппы G. Базовые гаплотипы с DYS388=13 и соответствующие субклады происходят от относительно недавних предков.

Выше были проведены расчеты, по которым логарифмический метод дает «возраст» всего дерева на рис. 13 как $[\ln(187/56)]/0.006 = 201 \rightarrow 207$, то есть $5,175 \pm 860$ лет, и линейный метод - $204/187/0.006 = 182 \rightarrow 187$, то есть $4,675 \pm 570$ лет до общего предка. Это различие мало, примерно 10%, и попадает в погрешность расчетов. Таким образом, это дерево с хорошей точностью может считаться произошедшим от одного общего предка, с возрастом примерно 4700 лет.

Следующей по часовой стрелке идет резко выдающаяся ветвь из 11 гаплотипов с четырьмя базовыми гаплотипами субклада G2a3b1a2a1:

15) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 **16** 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2a1)

Эта малая ветвь демонстрирует точную сходимость между логарифмическим и линейным методами (11 мутаций на 11 гаплотипов), несмотря на малое число гаплотипов. Логарифмический метод дает $[\ln(11/4)]/0.006 = 169 \rightarrow 173$ поколения, то есть примерно 4300 лет до общего предка, линейный метод $11/11/0.006 = 167 \rightarrow 171$ поколение, или 4275 лет до общего предка данного субклада, с приведением формально рассчитанной погрешности 4275 ± 1360 лет.

Далее идет серия из 16 базовых гаплотипов, образующих отдельную подветвь субклада G2a3b1a2i (обозначение субклада – из проекта G):

16) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 14 **11** 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2i)

Следующая двойная подветвь состоит из четырех базовых гаплотипов того же субклада (или недотипированного дочернего субклада)

17) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 **15** 8 10 8 14 **11** 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2i)

и варианта вышестоящего субклада G2a3b1a2 (базовый гаплотип номер 14 выше) или его недотипированного и неиндицированного производного:

18) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 **15** 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2)

Напомним, что различие базовых гаплотипов на одну мутацию в 22-маркерном формате разводит их общих предков примерно на 4250 лет, то

есть помещает ИХ общего предка всего на две с небольшим тысячи лет ниже возраста их усредненных базовых гаплотипов.

Внизу дерева на рис. 13 – протяженная ветвь из 20 базовых гаплотипов, отнесенная в проекте G к субкладу G2a3b1a2a1, как и базовый гаплотип 15 (см. выше):

19) 11 13 11 – 11 11 – 10 – **12** 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2a1)

От базового гаплотипа номер 15 его отделяет две мутации, что разводит общих предков на 8700 лет. Возможно, это тоже недотипированный субклад группы G2a3b1a2

Далее идут подветви из 8 и 15 базовых гаплотипов, которые в проекте гаплогруппы G тоже отнесены к субкладу G2a3b1a2, хотя это, скорее всего, очередные недотипированные субклады:

20) 11 13 11 – 11 11 – **11** – 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2)

21) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 **9** 12 11 11 11 (G2a3b1a2)

В итоге получаем матрицу из восьми базовых гаплотипов дерева на рис. 13, с DYS388=13:

14) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2)
15) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 **16** 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2a1)
16) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 14 **11** 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2i)
17) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 **15** 8 10 8 14 **11** 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2i)
18) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 **15** 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2)
19) 11 13 11 – 11 11 – 10 – **12** 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2a1)
20) 11 13 11 – 11 11 – **11** – 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11 (G2a3b1a2)
21) 11 13 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 **9** 12 11 11 11 (G2a3b1a2)

Эти базовые гаплотипы суммарно имеют 8 мутаций, что помещает их общего предка на $8/8/0.006 = 167 \rightarrow 171$ поколение, или на 4275 лет от усредненного возраста всех восьми базовых гаплотипов до общего предка. Средний возраст всех восьми базовых гаплотипов не превышает тысячи лет, и скорее ближе к 500 годам, поскольку большинство их вообще не имеют мутаций. Таким образом, общий предок всего дерева на рис. 13 жил примерно 4800 лет назад, что практически совпадает с величиной 4700 лет, полученной при анализе всего дерева (см. выше). Закономерно, что только один базовый гаплотип из всего списка в 8 гаплотипов не имеет мутаций – это базовый гаплотип G2a3b1a2. Он и есть базовый (равноудаленный) гаплотип всего дерева на рис. 13, и это его возраст – 4700 лет.

Базовые гаплотипы с DYD388=12 (G2a, с возрастом 12400 лет) и DYS388=13 (G2a3b1a2, с возрастом 4700 лет) различаются на две мутации, то есть примерно на 8700 лет. Поэтому ИХ общий предок жил примерно $(8700+12400+4700)/2 = 12900$ лет назад, что совпадает с возрастом G2a в пределах 4%. Это и был общий предок субклада G2a, как и следует из филогении. По оценкам, проведенным выше, общий предок гаплогруппы G по имеющимся в наличии гаплотипам, жил примерно 24,000 лет назад.

Рассмотрим гаплотипы, которые не были формально типированы как «G», и потому не попали на дерево гаплотипов на рис. 7, но были типированы и/или отнесены к определенным субкладам гаплогруппы G.

Субклад G2a3b2

В проекте G есть 10 гаплотипов данного субклада – пять типированные, и пять предсказанные. Все они образуют единый базовый гаплотип

11 12 11 – 11 11 – 10 – **12 8 16** 16 8 10 8 14 10 12 **11** 8 13 11 11 11 (G2a3b2)

(отличия от базового гаплотипа G2a отмечены). Такой гаплотип выше мы не рассматривали. Пять типированных гаплотипов имеют семь мутаций от данного базового гаплотипа, все десять гаплотипов имеют 13 мутаций. Таким образом, типированные и предсказанные гаплотипы образуют единую серию, общий предок которой жил $13/10/0.066 = 217 \rightarrow 224$ поколения назад, то есть 5600 ± 1650 лет назад. Три мутации разводят эти базовые гаплотипы на 13400 лет, и общий предок субкладов G2a и G2a3b2 жил $(13400+12400+5600)/2 = 15,700$ лет назад. Это, видимо, те же 12400 ± 1400 лет для субклада G2a, с соответствующей погрешностью расчета.

Субклад G2a3b2a

В проекте G есть 14 гаплотипов данного субклада. Все они образуют единый базовый гаплотип

11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 **11** 8 13 11 11 11 (G2a3b2a)

(единственное отличие от базового гаплотипа G2a отмечено). Это – базовый гаплотип номер 2 (G2a3b2a) в списке дочерних гаплотипов субклада G2a. Который мы уже выявили выше. На все 14 гаплотипов имеются всего три мутации, что дает $3/14/0.006 = 36$ поколений, или 900 ± 530 лет до общего предка

Субклад G2a4

В проекте G есть 11 гаплотипов данного субклада. Все они образуют базовый гаплотип

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 **12** 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a4)

(двойная мутация от базового гаплотипа G2a отмечена). Такого базового гаплотипа в списках выше не было. На все 11 гаплотипов имеются 13 мутаций, что дает $13/11/0.006 = 197 \rightarrow 204$ поколений, или 5100 ± 1500 лет до общего предка. Две мутации разводят общих предков G2a и G2a4 на 8700 лет, и помещают ИХ общего предка на $(8700+12400+5100)/2 = 13,100$ лет назад. Это - время жизни общего предка субклада G2a, с точностью до 6%.

Субклад G2a6

В проекте гаплогруппы G 17 гаплотипов отнесены к субкладу G2a6, но их базовый гаплотип в точности соответствует базовому гаплотипу G2a4, приведенному выше.

Субклад G2c

Базовый гаплотип субклада G2c с нуль-мутацией в маркере DYS425 приведен выше. В проекте G есть 4 гаплотипа данного субклада без нуль-мутации. Все они образуют базовый гаплотип

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 **11** 10 **11** 12 8 13 11 11 11 (G2c)

(пять мутаций от базового гаплотипа G2a отмечены). Такого базового гаплотипа в списках выше не было. На все четыре гаплотипа имеются 5 мутаций, что дает $5/4/0.006 = 208 \rightarrow 215$ поколений, или 5375 ± 2600 лет до общего предка. Пять мутаций разводят общих предков G2a и G2c на 23,500 лет, и помещают ИХ общего предка на $(23500+12400+5375)/2 = 20,600$ лет назад (округлено). Это, видимо, время жизни общего предка субклада G2, и всего немногим меньше возраста всей гаплогруппы (24 тысячи лет) по доступным гаплотипам.

Еще некоторые соображения по динамике субкладов гаплогруппы G

Почти все из 13 «молодых» субкладов гаплогруппы G (имеющих DYS388=13) отличаются всего на одну мутацию от их предкового базового гаплотипа G2a3b1a2 (см. выше). Это и показывает, что это часть филогенетического дерева относительно молодая.

Если же сравнить базовые гаплотипы с DYS388=12, то мутационные различия между ними более выражены. Например, базовые гаплотипы G1a, G1c и G2a (номера 10, 9 и 1 выше) различаются на шесть мутаций суммарно:

11 12 12 - 11 11 - 10 - 11 8 **16** 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 11 (G1a)
 11 12 12 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 **11** 12 12 8 12 11 11 11 (G1c)
 11 12 **11** - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 **14** 10 12 12 8 **13** 11 11 11 (G2a)

Возможно, что базовый гаплотип

11 12 12 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 11 (G)

и есть их предковый гаплотип G, как следует из филогении субкладов (в сокращенном варианте):

- G** L116, L154, L204, L240, L269, L520, L521, L522, L523, M201
 - **G1** M285, M342
 - • **G1a** P20
 - • **G1c** ???
 - **G2** L79, L142.2, L156, P287
 - • **G2a** L31/S149, L149.1, P15, U5

Шесть мутаций на три базовых гаплотипа помещают их общего предка на 8700 лет ниже усредненного возраста общих предков этих базовых гаплотипов.

Сопоставление предположительного базового гаплотипа гаплогруппы G (24,000 лет до общего предка) с базовыми гаплотипами гаплогрупп А (85,000 лет) и В (46,000 лет)

Сопоставим выявленный базовый гаплотип всего дерева

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 12 11 11 11

с базовыми гаплотипами гаплогрупп А и В (Клёсов, 2011а):

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

В данном случае неважно, к какому именно субкладу гаплогруппы G этот базовый гаплотип принадлежит. Как будет показано ниже, все базовые гаплотипы субкладов гаплогруппы G близки по строению и все примерно одинаково удалены от базовых гаплотипов гаплогрупп А и В. Здесь важно только то, что это базовый гаплотип дерева, то есть равноудаленный от его гаплотипов, и что его возраст примерно 24 тысячи лет.

Базовый гаплотип всего дерева отличается на 22 (эквивалентно 170,500 лет) и 8 (40,600 лет) мутаций от базовых гаплотипов гаплогрупп А и В. Поскольку «возраст» гаплогруппы А примерно 85 тысяч лет, то общий предок гаплогрупп А и G (и его субкладов) жил примерно $(170,500+85,000+24,000)/2 = 139,750$ лет назад, то есть он и был общим предком «альфа-гаплогруппы», или «хромосомным Адамом». Возраст последнего был определен как примерно 130,000 лет (Клёсов, 2011a), в настоящей работе – как 136,000 лет. Как видно, отклонение составляет меньше 3%.

Для общего предка гаплогруппы В и G получаем $(40,600+46,000+24,000)/2 = 55,300$ лет. Это – тоже в пределах погрешности расчетов, поскольку возраст общего предка «бета-гаплогруппы» был определен ранее (Клёсов, 2011a) как $64,000 \pm 6,000$ лет.

Для того, чтобы продемонстрировать, что выбор гаплотипа для сравнения не так важен, проведем подобное сравнение с базовым гаплотипом субклада G2a с возрастом 12,400 лет (см. выше):

11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 **13** 11 11 11 (G2a)

Он на одну мутацию (отмечено) отличается от базового гаплотипа всего дерева, что приближает его на ту же мутацию к базовому гаплотипу А (21 мутация), но отдаляет на ту же мутацию от базового гаплотипа В (9 мутаций). Это дает соответственно $(157,400+85,000+12,400)/2 = 127,400$ лет до общего предка «альфа-гаплогруппы», или «хромосомного Адама», и $(47,000+46,000+12,400)/2 = 52,700$ лет до общего предка «бета-гаплогруппы», общего предка неафриканских гаплогрупп.

Интересно, что предположительный базовый гаплотип гаплогруппы G, вычисленный в предыдущем разделе

11 12 12 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 11 (G)

отличается от базовых гаплотипов А и В на 21 и 7 мутаций, соответственно, то есть стоит к ним ближе всех других из гаплогруппы G. Оптимальное

попадание во времена жизни «альфа»- и «бета»-гаплогруппы дает время жизни общего предка гаплогруппы G 40 тысяч лет назад.

Гаплогруппа Н

Эта гаплогруппа - одна из самых территориально «локализованных», поскольку подавляющее большинство ее носителей живет в Индии. Согласно сегодняшней филогении, гаплогруппа Н образовалась из F параллельно с гаплогруппой G и сводной гаплогруппой IJK, и сводка ISOGG предполагает, что общий предок гаплогруппы Н жил 30-40 тысяч лет назад.

Дерево субкладов гаплогруппы по данным ISOGG следующее (в сокращении):

- Н M69, M370
 - Н1 M52
 - • Н1а M82
 - • • Н1а1 M36, M197
 - • • Н1а2 M97
 - • • Н1а3 M39, M138
 - Н2 Apt
 - • Н2а P80, P314.1
 - • Н2b P266
 - Н3 P254

В проекте «Гаплогруппа Н»

<http://www.familytreedna.com/public/YNaploGroupH/default.aspx?vgroup=YNaploGroupH§ion=yresults>

приведены 21 67-маркерных гаплотипов, из которых семь отнесены (по типированию) к гаплогруппе Н, два - к субкладу Н1, и еще 11 - к субкладу Н1а. Но, как часто бывает при тестировании достаточно редких гаплогрупп, типирование проводится поверхностно, и субклады «недотипируются».

Это видно из дерева указанных 21 гаплотипов, показанного на рис. 14. Например, относительно «молодая» ветвь справа явно представляет один субклад, в котором все DYS425=0. Согласно типированию, там смесь субкладов Н и Н1а.

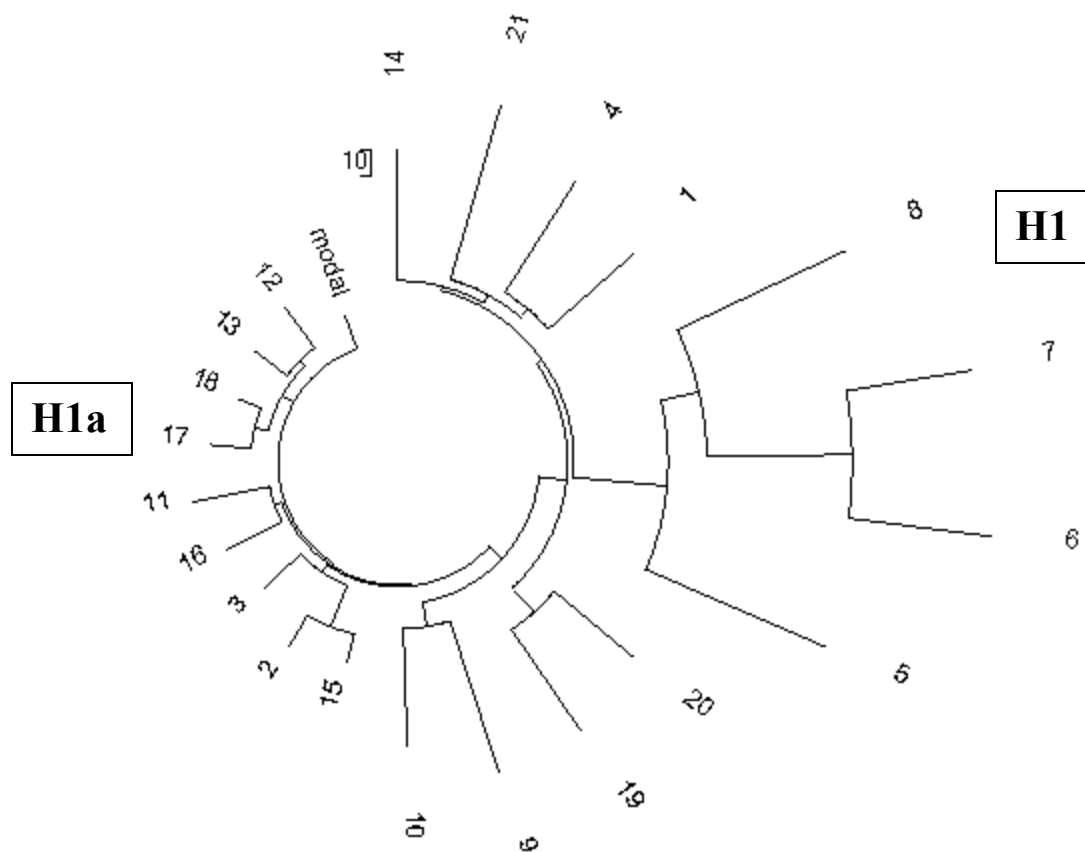


Рис. 14. Дерево из 21 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы Н с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы Н»

<http://www.familytreedna.com/public/YNaploGroupH/default.aspx?vgroup=YNaploGroupH§ion=yresults>. В базе данных указано следующее типирование: гаплогруппа Н (гаплотипы 1-7), гаплогруппа Н1 (гаплотипы 8, 9), и гаплогруппа Н1а (гаплотипы 10-21). Более реалистичное отнесение к субкладам показано на дереве.

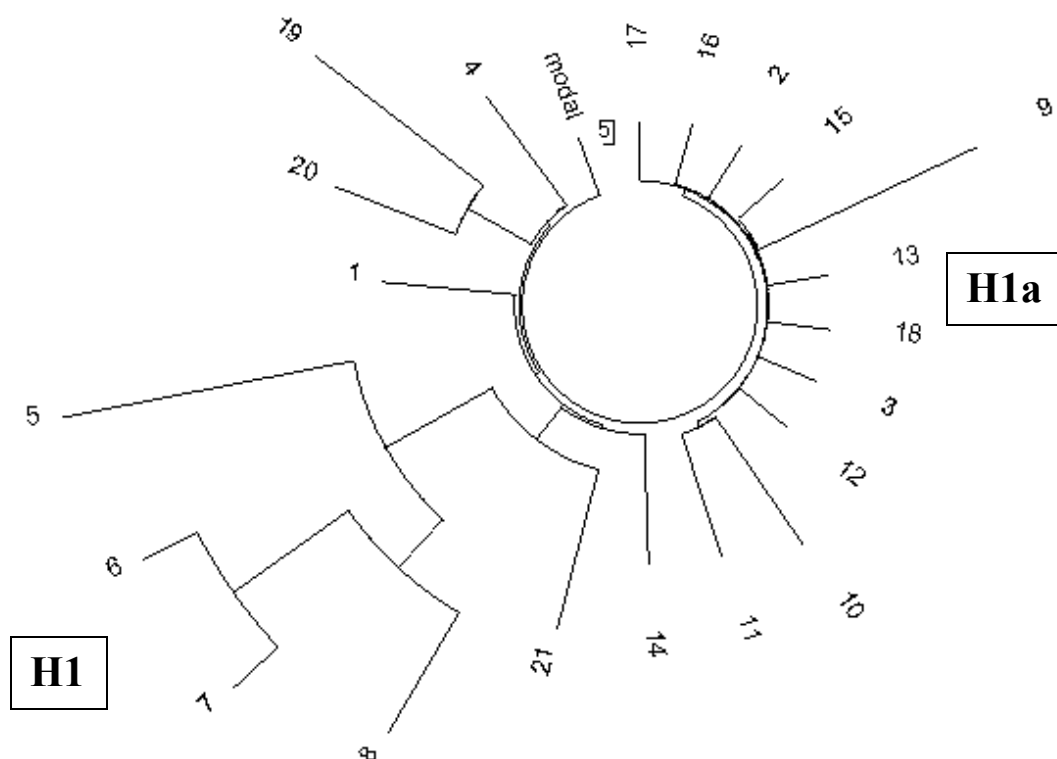


Рис. 15. Дерево из 21 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы Н с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы Н»

<http://www.familytreedna.com/public/YNaploGroupH/default.aspx?vgroup=YNaploGroupH§ion=yresults>. В базе данных указано следующее типирование: гаплогруппа Н (гаплотипы 1-7), гаплогруппа Н1 (гаплотипы 8, 9), и гаплогруппа Н1а (гаплотипы 10-21). Более реалистичное отнесение к субкладам показано на дереве.

Анализ 67-маркерных гаплотипов показал, что левая ветвь дерева из 9 гаплотипов, предположительно субклада Н1а, имеет следующий базовый гаплотип:

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 16 -- 18 9 9 10 12 24 14 19 31 12 12 15 15 -- 11 11 19
 21 15 11 19 16 35 37 12 9 - 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 0 21 21 18 10 12 12 16 8 14 23 20
 15 12 11 12 9 12 14 11 (Н1а)

Все девять гаплотипов имеют 52 мутации от базового гаплотипа, что дает $52/9/0.12 = 48 \rightarrow 51$ поколение, то есть 1275±220 лет до общего предка. Остальные 12 гаплотипов, предположительно субклада Н1, имеют 344 мутации от базового гаплотипа

12 22 15 10 15 17 11 12 11 14 11 16 -- 17 9 9 10 12 23 14 19 31 12 13 15 15 -- 10 11 19
 21 15 11 17 18 34 38 12 9 - 11 8 16 16 8 10 10 8 11 9 13 21 21 18 10 12 12 15 8 13 23
 20 15 12 11 12 9 12 14 11 (H1)

Картина ветвей дерева примерно такая же в 22-маркерном формате (рис. 15), только возраст предположительного субклада H1a здесь не определяется, поскольку составляет менее «шага» одной мутации (1275±220 лет). На девять гаплотипов там только одна мутация от базового гаплотипа

11 12 11 - 10 12 - 9 - 11 8 16 16 8 10 8 0 10 12 12 8 12 11 12 14 (H1a)

Другая ветвь, предположительно субклада H1a, имеет такой же базовый гаплотип, только в DYS425 там не нуль-мутация, а мутированная аллель (с 13-ю мутациями):

11 12 11 - 10 12 - 9 - 11 8 16 16 8 10 8 13 10 12 12 8 12 11 12 14 (H1)

Во всех 12 гаплотипах там 42 мутации, то дает $42/12/0.006 = 583 \rightarrow 634$ поколения, то есть 15,850 лет до общего предка субклада, предположительно H1, округленно 16 тысяч лет. Ясно, что базовый гаплотип с нуль-мутацией произошел от субклада H1.

Сопоставим базовый гаплотип субклада H1 с базовыми гаплотипами гаплогрупп А и В:

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

Между ними 25 и 11 мутаций, соответственно (214,400 и 60,700 лет). Для более нижестоящих по филогении субкладов F3 и G2a получается 18 и 22 мутации, что находится в качественном согласии с динамикой развития гаплогрупп и субкладов.

Это дает возраст общего предка гаплогрупп H1 и А как $(214,400+85,000+16,000)/2 = 157,700$ лет, и общего предка гаплогрупп H1 и В как $(60,700+46,000+16,000)/2 = 61,350$ лет. Это опять в пределах погрешности расчетов «альфа» и «бета»-гаплогруппа.

Если, наконец, сопоставить базовые гаплотипы субкладов F3, G2a и H1, то увидим, что они достаточно похожи друг на друга:

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 9 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 11 11 12 (F3)
 11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 14 10 12 12 8 13 11 11 11 (G2a)

11 12 11 - 10 12 - 9 - 11 8 16 16 8 10 8 13 10 12 12 8 12 11 12 14 (H1)

12 маркеров из 22 у них идентичны, а на все три базовых гаплотипа приходится 13 мутаций. Это означает, что ИХ общий предок жил на $13/3/0.006 = 722 \rightarrow 803$ поколения, то есть на 20 тысяч лет древнее из усредненного возраста (6900, 24000 и 16000 лет, среднее примерно 16 тысяч лет). Получается, что их общий предок жил примерно 36 тысяч лет назад, при расчете по доступным в настоящее время гаплотипам. На самом деле их общий предок - «бета-гаплогруппа» - жил 64000 ± 6000 лет назад. Это в целом согласуется с датировками общего предка гаплогруппы В и трех указанных субкладов, которые - на основании их базовых гаплотипов (расстояния от базового гаплотипа гаплогруппы В 10, 9 и 11 мутаций) - получают 53,300, 58,500 и 56,800 лет назад, соответственно.

Гаплогруппа I

22-маркерные базовые гаплотипы субкладов этой гаплогруппы были рассмотрены в части I настоящего исследования. В кратком изложении, возраст гаплогруппы I1 примерно 17 тысяч лет, и ее основной современный субклад I1d1 с базовым гаплотипом

11 14 11 - 8 11 - 10 - 11 8 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 11 12 (I1d1)

имеет общего предка примерно 3500 лет назад. Общий предок двух ветвей субклада I2a2

11 13 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 7 10 8 12 10 12 12 8 12 10 11 12 (I2a2 - old)
11 13 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 15 7 10 8 12 10 12 12 7 14 10 11 12 (I2a2-young)

с возрастом 6250 ± 800 и 2275 ± 390 лет, жил 13,400 лет назад. Общий предок субклада I2a1 (5600 ± 620 лет назад)

11 13 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 10 11 12 (I2a1)

и I2a2 жил 18,675 лет назад. Общий предок субкладов I2b1 и I2b2

11 13 12 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 9 13 12 12 12 (I2b1)
11 13 11 - 10 12 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 11 12 12 8 13 12 12 12 (I2b2)

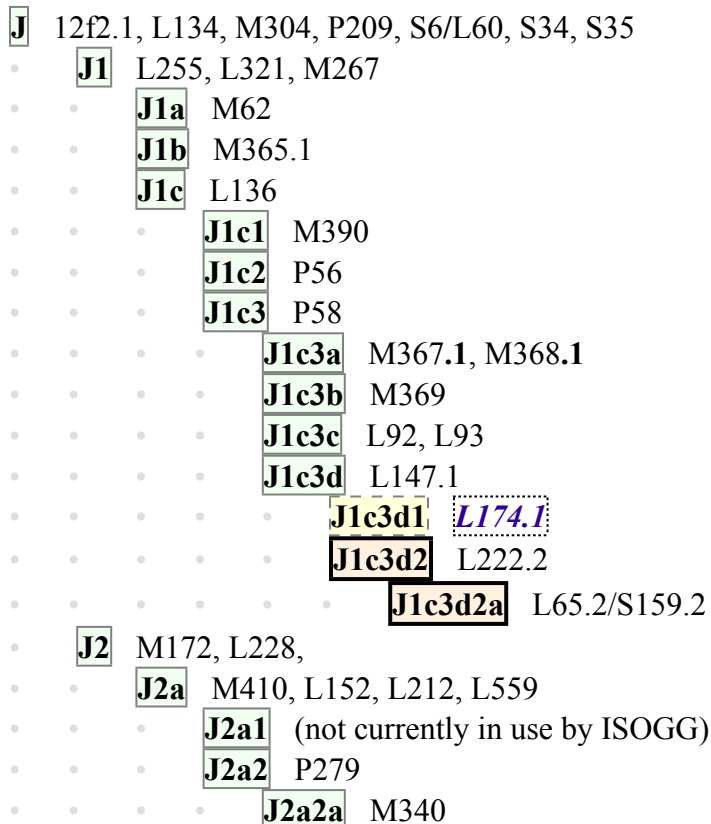
жил 14,500 лет назад. Базовые гаплотипы субкладов I2a и I2b различаются на 7 мутаций (34,600 лет), что помещает общего предка гаплогруппы I2 на 34,000 лет назад, а всей гаплогруппы I - на 46 тысяч лет назад.

Сопоставление базовых гаплотипов гаплогрупп А и I2 (между которыми 18 мутаций) помещает их общего предка на 127,000 лет назад. Это – «альфа-гаплогруппа». Между В и I2 – 10 мутаций, что помещает их общего предка на 53,700 лет назад. Это – «бета-гаплогруппа».

Гаплогруппа J

Гаплогруппа J – одна из наиболее изученных в отношении числа идентифицированных субкладов. Ее две основные подгруппы, которые обычно называют гаплогруппами – J1 и J2. Их возникновение относят к ближневосточному региону, откуда они распространились на восток до Индии и дальше, и на запад до Европы, в особенности до Средиземноморья. Условно предполагают, что гаплогруппа J1 возникла в Южной Месопотамии, а J2 – в Северной Месопотамии, но это скорее просто предположения. Опять же предполагают, что продвижение носителей гаплогруппы J2 до Индии было примерно 8 тысяч лет назад, хотя это в целом согласуется с датировками гаплотипов гаплогруппы J2 в Индии.

Дерево гаплогрупп J в сокращенном варианте (ISOGG-2011) изображается в следующем виде:



•	•	•	J2a3	DYS413≤18, L26/S57, L27			
•	•	•	•	J2a3a M47, M322			
•	•	•	•	J2a3b M67/S51			
•	•	•	•	•	J2a3b1 M92, M260		
•	•	•	•	•	•	J2a3b1a M327	
•	•	•	•	•	J2a3b2 M163, M166		
•	•	•	•	J2a3b3 L210, L218, L227			
•	•	•	J2a3c M68				
•	•	•	J2a3d M319				
•	•	•	J2a3e M339				
•	•	•	J2a3f M419				
•	•	•	J2a3g P81				
•	•	•	J2a3h L24, L207.1				
•	•	•	•	J2a3h1 M158 (location under L24 is uncertain)			
•	•	•	•	J2a3h2 L25			
•	•	•	•	•	J2aeh2a DYS445≤7		
•	•	•	•	•	•	J2a3h2a1 L70	
•	•	•	•	•	•	•	J2a3h2a1a M137
•	•	•	•	•	•	•	J2a3h2a1b M289
•	•	•	•	•	•	•	J2a3h2a1c M318
•	•	•	•	•	•	•	J2a3h2a1d L398
•	•	•	•	J2a3h2b L229, L230, L264			
•	•	•	•	J2a3h2c L231			
•	•	•	•	J2a3h2d L243			
•	•	•	•	J2a3h2e L254			
•	•	•	•	J2a3h2f L192.2			
•	•	•	•	•	J2a3h2f1 L271		
•	•	•	•	J2a3h2g L270			
•	•	•	J2a3i L88.2, L198				
•	•	J2b M12, M102, M221, M314, L282					
•	•	•	J2b1 M205				
•	•	•	J2b2 M241				
•	•	•	•	J2b2a M99			
•	•	•	•	J2b2b M280			
•	•	•	•	J2b2c M321			
•	•	•	•	J2b2d P84			
•	•	•	•	J2b2e DYS455≤9			
•	•	•	•	J2b2f L283			

В «Проекте J»

http://www.familytreedna.com/public/Y-DNA_J/default.aspx?vgroup=Y-DNA_J&vgroup=Y-DNA_J&vgroup=Y-DNA_J§ion=yresults

на конец июня 2011 года имелось 869 67-маркерных гаплотипов гаплогрупп J1 и J2, которые были взяты за основу настоящего исследования. Дерево 22-маркерных гаплотипов приведено на рис. 16.

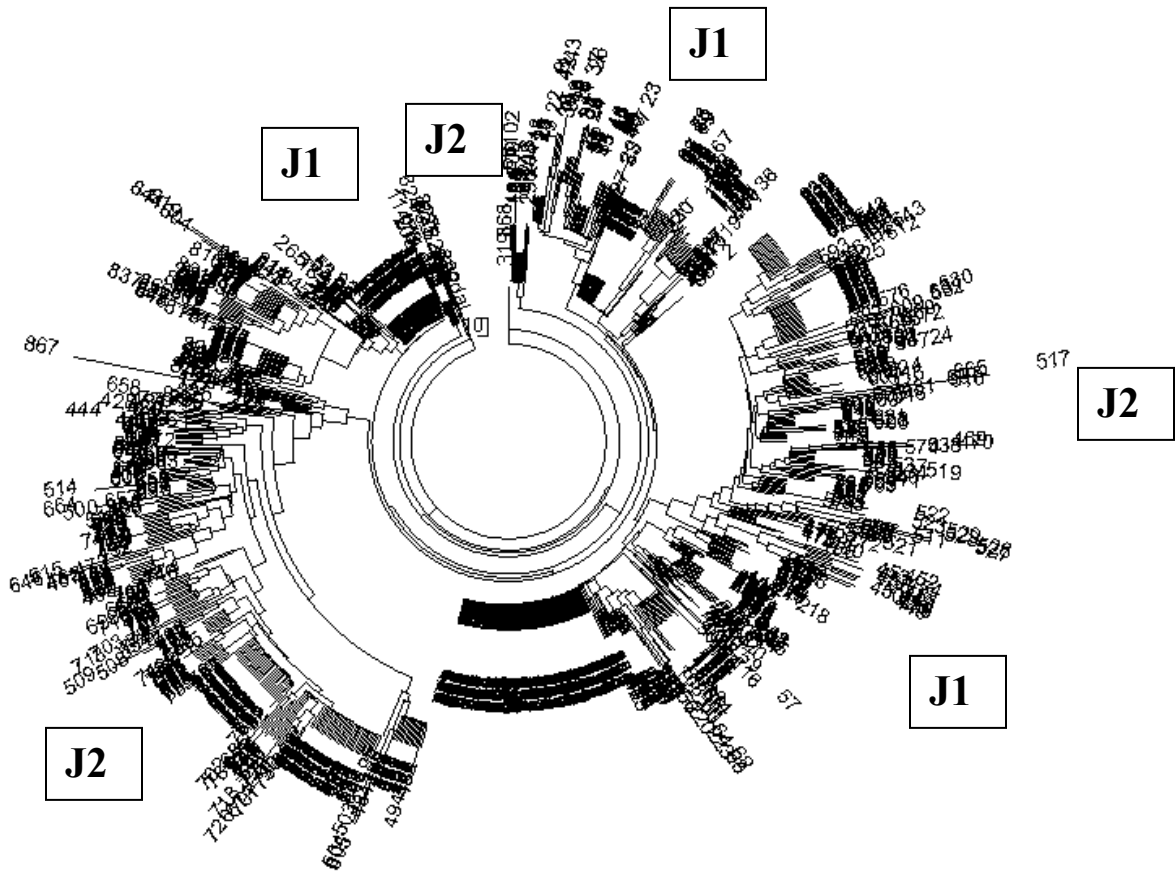


Рис. 16. Дерево из 869 22-маркерных гаплотипов гаплогрупп J1 и J2 с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы J» http://www.familytreedna.com/public/Y-DNA_J/default.aspx?vgroup=Y-DNA_J&vgroup=Y-DNA_J&vgroup=Y-DNA_J§ion=yresults. В базе данных указано следующее типирование: гаплогруппа J1 с субкладами (гаплотипы 1-427), гаплогруппа J2 с субкладами (гаплотипы 428-869).

Первый же беглый взгляд на дерево показывает, что J1 гаплогруппа имеет такой же порядок древности, как и гаплогруппа J2, поскольку соответствующие ветви примерно одинаковы по высоте. Хотя при более внимательном рассмотрении можно видеть, что ветви первой гаплогруппы (J1) все-таки более длинные (высокие), чем гаплогруппы второй (J2), которые образуют протяженные, но более «мелкие» по высоте ветви.

Гаплогруппа J1

В первом сегменте дерева гаплотипов сверху по часовой стрелке находятся 30% всех гаплотипов гаплогруппы J1. Их объединяет:

- пара DYS395S1 = 15-16 у всех базовых гаплотипов этого сегмента,
- DYS438=10 у большинства,
- пара DYS531-DYS578 =11-8 у всех,
- DYS594 = 10 у всех.

Восемь основных базовых гаплотипов этого сегмента следующие:

- (1) 11 **16** 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 **10** 12 12
- (2) 11 **14** 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 **11 13** 8 12 11 12 12
- (3) 11 **13 12** - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 **11 13** 8 12 11 12 12
- (4) 11 **13** 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 **11 13** 8 12 11 12 12
- (5) 11 15 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12
- (6) **10** 15 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 **11** 10 12 12 8 12 **12** 12 12
- (7) 11 **16 13** - 11 11 - **11** - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 **11** 12
- (8) 11 **18** 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

Это – следующие субклады гаплогруппы J1:

(1) J1c3-P58. Ветвь состоит из 12 гаплотипов, из которых шесть базовые, что дает $[\ln(12/6)]/0.006 = 116$ поколений, то есть 2900 ± 1200 лет до общего предка. В этих 12 гаплотипах имеется 8 мутаций, что дает $8/12/0.006 = 111$ поколений, то есть 2775 ± 1020 лет до общего предка, что фактически одно и то же в пределах погрешностей расчетов.

(2)- (4) J*. В этой ветви три базовых гаплотипа.

(2) На 14 гаплотипов приходится шесть базовых, что дает $[\ln(14/6)]/0.006 = 141$ поколение, то есть 3525 ± 1500 лет до общего предка, и 12 мутаций, что дает $12/14/0.006 = 143$ поколения, то есть 3575 ± 1100 лет до общего предка, что фактически одно и то же в пределах погрешностей расчетов.

(3) На 9 гаплотипов приходится 8 мутаций, что дает $8/9/0.006 = 148$ поколений, то есть 3700 ± 1400 лет до общего предка.

(4) На 17 гаплотипов приходится девять базовых, что дает $[\ln(17/9)]/0.006 = 106$ поколений, то есть 2650 ± 900 лет до общего предка, и 10 мутаций, что дает $10/17/0.006 = 98$ поколений, то есть 2450 ± 800 лет до общего предка, что фактически одно и то же в пределах погрешностей расчетов.

(5) В ветви – 17 базовых гаплотипов, явно от недавнего общего предка, принадлежащих субкладу J1c3d-L147.1, так называемый «еврейский кластер».

(6) В ветви – 9 базовых гаплотипов из 13, субклада J1c-L136. Это тоже недавняя ветвь, возрастом $[\ln(13/9)]/0.006 = 61$ поколение, или 1525 ± 530 лет. 4 мутации на 13 гаплотипов дают $4/13/0.006 = 51$ поколение, или 1275 ± 650 лет, что фактически одно и то же в пределах погрешностей расчетов.

(7) 11 базовых гаплотипов из 18 дают $[\ln(18/11)]/0.006 = 82$ поколения, или 2050 ± 650 лет до общего предка, и 8 мутаций дают $8/18/0.006 = 74$ поколения, или 1850 ± 680 лет до общего предка. Это – субклад J1c3*.

(8) Субклад J1c3d (возможно, J1c3d2) представлен пятью базовыми гаплотипами.

Таким образом, средний возраст этих восьми ветвей составляет примерно 1950 лет. На эти базовые гаплотипы приходится 25 мутаций, что помещает общего предка данного сегмента J1 дерева гаплотипов на $25/8/0.006 = 521 \rightarrow 565$ поколений, то есть на 14,125 лет древнее усредненного «возраста» базовых гаплотипов, то есть примерно на 16 тысяч лет назад. Общий предок гаплотипов этого сегмента дерева гаплотипов имел базовый гаплотип

11 15 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

В следующий сегмент гаплогруппы J1 на дереве гаплотипов в правом нижнем секторе входят еще шесть базовых гаплотипов:

- (9) 11 16 11 – **10** 11 – 10 – 11 8 15 16 8 **11** 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12
- (10) 11 **17** 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 **11** 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12
- (11) 11 **15** 11 – **10** 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12
- (12) 11 16 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 **12** 12 12
- (13) 11 **17** 11 – 11 11 – 10 – **12** 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12
- (14) 11 **17** 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

Они соответствуют следующим субкладам:

- (9) J1c3d-L147.1, еврейские гаплотипы
- (10) J1c3d-L147.1, еврейские гаплотипы
- (11) J1c3d-L147.1, в основном Британские острова и арабские эмираты
- (12) J1c3d-L147.1, так называемый « модальный гаплотип коэнов», с общим предком 1050 лет назад
- (13) J1c3d2-L222.2, арабская ветвь гаплотипов, включая сейидов (Клэсов и Лугуев, 2011)
- (14) J1c3d2-L222.2, арабская ветвь гаплотипов.

На эти шесть базовых гаплотипов приходится только 10 мутаций, что помещает общего предка данного сегмента J1 дерева гаплотипов на $10/6/0.006 = 278 \rightarrow 293$ поколения, то есть на 7,325 лет древнее усредненного «возраста» базовых гаплотипов, равному примерно 1600 лет, то есть примерно на 9 тысяч лет назад. Общий предок гаплотипов этого сегмента дерева гаплотипов имел базовый гаплотип

11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

Он всего лишь на одну мутацию (4,250 лет) отличается от базового гаплотипа первого сегмента гаплогруппы J1 на дереве гаплотипов, и представляет дочернюю ветвь от линии J1 с возрастом 16 тысяч лет. Как мы видим, в эту линию входят и арабы, и их линия сейидов (линия пророка Мухаммеда), и еврейские линии, включая линию коэнов J1 с возрастом примерно 1050 лет. Этот гаплотип появится на дереве в прямом виде в верхней левой части, и будет рассмотрен ниже. Это – гаплотип линии Авраама, линии евреев и арабов.

В верхней левой части дерева есть еще три базовых гаплотипа гаплогруппы J1:

- (15) 11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 **13** 11 12 12
- (16) 11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12
- (17) 11 16 11 - 11 11 - **9** - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

Все они принадлежат субкладу J1c3d-L147.1, и все в базе данных проекта J идут под названием «коэны». Вместе с линией «коэнов» из предыдущего сегмента

- (12) 11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 **12** 12 12

их четыре базовых гаплотипа, то есть четыре ДНК-линии. Как видно, первые пять аллелей, включающих первые три панели в формате FTDNA, за исключением DYS438, у них одинаковы, как и большинство других базовых аллелей. Но это – разные ДНК-генеалогические линии, расходящиеся в еврейских и арабских линиях от «линии Авраама». Две мутации на три последних базовых гаплотипа дают $2/3/0.006 = 111$ поколений, то есть 2775 лет до общего предка. С добавлением еще одного базового гаплотипа (12) получим три мутации на четыре гаплотипа, то есть $3/4/0.006 = 125$ поколений, или 3125 лет до общего предка. С добавлением соответствующих арабских базовых гаплотипов

- (13) 11 **17** 11 - 11 11 - 10 - **12** 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

(14) 11 17 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

получим «матрицу Авраама»

(12) 11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 12 12

(13) 11 17 11 - 11 11 - 10 - 12 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

(14) 11 17 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

(15) 11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 13 11 12 12

(16) 11 16 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

(17) 11 16 11 - 11 11 - 9 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

в которой на шесть базовых гаплотипов приходится шесть мутаций. Это дает $6/6/0.006 = 167 \rightarrow 170$ поколений, то есть примерно 4250 лет до общего предка евреев и арабов. Эта величина была получена ранее (Клёмов, 2010а) при анализе 67-маркерных гаплотипов.

Итак, возраст гаплотипов гаплогруппы J1 дают возраст общего предка гаплогруппы примерно 16 тысяч лет.

Сравним предковый гаплотип гаплогруппы J1

11 15 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12 (J1)

с базовыми гаплотипами гаплогрупп А и В:

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (А)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (В)

Между J1 и А - 23 мутации (184,200 лет), что помещает их общего предка на $(184,200+85,000+16,000)/2 = 142,600$ лет назад. Это - общий предок «альфа»-гаплогруппы, с разницей менее 5% от установленной величины 136,000 лет.

Между J1 и В - 9 мутаций (47,000 лет), что помещает их общего предка на $(47,000+46,000+16,000)/2 = 54,500$ лет назад. Это - общий предок «бета»-гаплогруппы, с установленным ранее временем жизни $64,000 \pm 6,000$ лет назад.

Гаплогруппа J2

Гаплотипы гаплогруппы J2 на дереве гаплотипов находятся во втором и четвертом сегментах дерева на рис. 16. Во втором сегменте дерева гаплотипов сверху по часовой стрелке находятся 37% всех гаплотипов гаплогруппы J2. Их объединяет:

- пара DYS395S1 = 15-15 у всех базовых гаплотипов этого сегмента,
- DYS438=9 у всех,
- DYS578 =7 у всех,

Шесть основных базовых гаплотипов этого сегмента следующие:

- (1) 11 **16** 11 - 11 11 - 9 - **10** 7 15 15 8 10 8 12 **11** 12 12 8 12 11 12 12
- (2) 11 15 11 - 11 11 - 9 - **10** 7 15 15 8 10 8 **0** 10 12 12 8 12 11 12 12
- (3) 11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 **11** 12
- (4) 11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 **0** 10 12 12 8 12 11 12 12
- (5) 11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12
- (6) 11 15 11 - 11 **12** - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

Они имеют 8 мутаций от предкового гаплотипа этого сегмента

- (5) 11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

что дает $8/6/0.006 = 222 \rightarrow 229$ поколений, то есть 5725 лет. Общий предок всех шести гаплотипов жил примерно на 1500 лет древнее (последнее - это усредненный «возраст» приведенных выше базовых гаплотипов), то есть примерно 7,225 лет назад.

Приведенные выше шесть базовых гаплотипов относятся к следующим субкладам гаплогруппы J2:

(1) J2a3b3-L210/L218/L227 (бывшая J2a4b3). Ветвь состоит из 18 базовых гаплотипов, с соседними гаплотипами субклада J2a3b-M67.

(2) J2a4b1 (так называемый «еврейский кластер»), с нуль-мутацией DYS425=0, с 16 базовыми гаплотипами, и примыкающими двумя гаплотипами того же субклада, в которых всего три мутации от указанного базового гаплотипа. Это дает $3/18/0.006 = 31$ поколение, то есть 775 ± 450 лет до общего предка.

(3) J2a3b-M67 (бывшая J2a4b-M67). Ветвь состоит из шести гаплотипов, из которых пять базовых.

(4) J2a3b1-M92 (бывшая J2a4b1-M92), с нуль-мутацией D425=0. Ветвь состоит из девяти гаплотипов, из которых шесть базовых, и является подветвью, с примыкающими пятью базовыми гаплотипами (5)

(5) J2a3b-M67, без нуль-мутации.

(6) J2a3b-M67, шесть базовых гаплотипов.

В левой половине дерева гаплотипов – еще 12 базовых гаплотипов:

- (7) 11 **17** 11 – 11 11 – 9 – 11 7 14 **14** 8 10 8 12 10 12 12 **8** 12 11 12 12
- (8) 11 15 11 – 11 11 – 9 – 11 7 14 15 8 10 8 12 10 12 12 9 12 11 12 12
- (9) 11 15 11 – 11 11 – 9 – 11 7 14 15 8 10 8 **11** 10 12 12 9 12 11 12 12
- (10) 11 **16** 11 – 11 11 – 9 – 11 7 14 15 8 10 8 12 10 12 12 9 12 11 12 12
- (11) 11 **16** 11 – 11 11 – 9 – **12** 7 14 15 8 10 8 12 10 12 12 9 12 11 12 12
- (12) 11 **14** 11 – 11 11 – 9 – 11 7 14 15 8 10 8 12 10 12 12 9 12 11 12 12
- (13) 11 15 11 – 11 11 – 9 – **10** 7 14 15 8 10 8 12 **11** 12 **13** **8** 12 11 12 12
- (14) 11 15 11 – 11 11 – 9 – 11 7 14 15 8 10 8 12 **11** 12 12 9 12 11 12 12
- (15) 11 **14** 11 – 11 11 – 9 – 11 7 14 15 8 10 8 12 10 12 12 **8** 12 11 12 12
- (16) 11 15 11 – 11 11 – **10**–11 7 14 **14** 8 10 8 12 10 12 12 **8** **13** 11 12 12
- (17) 11 15 11 – 11 11 – 9 – 11 **8** **15** **17** 8 10 8 12 **11** 12 12 **8** 12 11 12 12
- (18) 11 15 11 – 11 11 – 9 – 11 **8** **15** **17** 8 10 8 12 **11** 12 12 **8** 12 11 **13** 12

Это – субклады:

(7) J2a4*, в ветви из 19 гаплотипов этого субклада 13 базовых гаплотипов и 24 мутации. Это дает $24/19/0.006 = 211 \rightarrow 218$ поколений, то есть 5450 ± 1240 лет до общего предка.

(8) J2a4h2, в ветви 30 базовых гаплотипов.

(9) J2a3h2a1-L70 (бывший J2a4h2a1-L70), в подветви 4 базовых гаплотипа.

(10) J2a3h2a1-L70, в подветви 26 базовых гаплотипов.

(11) J2a3h2 (бывший J2a4h2), в подветви 6 базовых гаплотипов.

(12) J2a3h2d-L243 (бывший J2a42d-L243), в подветви 7 базовых гаплотипов.

(13) J2a4*, 7 базовых гаплотипов в ветви.

(14) J2a3h2e-L254 (бывший J2a4h2e-L254), в подветви 5 базовых гаплотипов. Это – «гаплотип коэнов» в гаплогруппе J2.

(15) J2a4* и J2a4d, 5 базовых гаплотипов.

(16) J2a*, 5 базовых гаплотипов

(17) J2b, J2b2, J2b2f-L283, 11 базовых гаплотипов.

(18) J2b2-M241, 7 базовых гаплотипов.

Все 12 базовых гаплотипов имеют 33 мутации от предкового гаплотипа этого сегмента

(8) 11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 14 15 8 10 8 12 10 12 12 9 12 11 12 12

что дает $33/12/0.006 = 458 \rightarrow 487$ поколений, то есть 12,175 лет плюс усредненный возраст всех базовых гаплотипов, что составляет примерно 1500 лет. Таким образом, общий предок всех 12 гаплотипов левой половины дерева гаплотипов гаплогруппы J2 жил примерно 13,675 лет назад. Поскольку базовый гаплотип правой половины дерева гаплогруппы J2

(5) 11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 **15** 15 8 10 8 12 10 12 12 **8** 12 11 12 12

отличается на две мутации (8700 лет) от базового гаплотипа левой половины (8), то их общий предок жил $(8,700+7,225+13,675)/2 = 14,800$ лет назад.

Для проверки можно рассмотреть число мутаций во всех 18 базовых гаплотипах. Их 48, что дает $48/18/0.006 = 444 \rightarrow 473$ поколений, то есть 11,825 лет, плюс примерно 1500 лет (усредненный возраст всех базовых гаплотипов). то есть примерно 13,325 лет до общего предка гаплогруппы J2. Наконец, очень приблизительный расчет по всем 442 гаплотипам гаплогруппы J2 без их разделения на ветви показывает 1592 мутации в 22-маркерном формате, что дает $1592/442/0.006 = 600 \rightarrow 659$ поколений, или примерно 16,500 лет до общего предка. Как видно, все эти величины (последняя - самая неточная) дают в среднем (и по наиболее надежному расчету) примерно 15,000 лет как «возраст» гаплогруппы J2. Базовый гаплотип гаплогруппы можно представить в виде

(5) 11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12

Это - базовый гаплотип правой половины дерева для гаплогруппы J2.

Сравним предковый гаплотип гаплогруппы J2

11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12 (J2)

с базовыми гаплотипами гаплогрупп А и В:

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

Между J2 и A - 24 мутации (198,900 лет), что помещает их общего предка на $(198,900+85,000+15,000)/2 = 149,450$ лет назад. Это - общий предок «альфа»-гаплогруппы, с разницей всего 10% от установленной ранее величины 136,000 лет.

Между J2 и B - 12 мутаций (68,150 лет), что помещает их общего предка на $(68,150+46,000+15,000)/2 = 64,575$ лет назад. Это - общий предок «бета»-гаплогруппы, с установленным ранее временем жизни $64,000 \pm 6,000$ лет назад.

Между базовыми гаплотипами гаплогрупп J1 и J2 - всего три мутации:

11 15 11 - 11 11 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12 (J1)

11 15 11 - 11 11 - 9 - 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12 (J2)

Это разводит общих предков этих гаплогрупп на 13,400 лет, и помещает их общего предка - гаплогруппу J на $(13400+16000+15000)/2 = 22,200$ лет назад.

Гаплогруппа L

Это относительно малоизученная гаплогруппа. Она найдена в основном среди дравидов Индии, Пакистана, Цейлона (Шри Ланка), немного в Центральной Азии, и то не как сама исходная L (L*), а как субклады L1a, L1b и L1c.

В номенклатуре ISOGG-2011 дерево субкладов гаплогруппы выглядит следующим образом (в несколько сокращенном виде; убран дублирующий сноп, который ничего не дает в данном рассмотрении):

- L M11, M20, M22, M61, M185
 - □ L1 M295
 - • L1a M27, M76, P329
 - • L1b M317
 - • • L1b1 M349
 - • • L1b2 M274
 - • L1c M357
 - • • L1c1 PK3

Та же номенклатура помещает гаплогруппы L и T в одну сводную гаплогруппу LT, родительскую по отношению к гаплогруппам L и T. В этом исследовании мы рассмотрим, насколько это обосновано, поскольку в таком случае базовые гаплотипы обеих гаплогрупп должны быть похожи

значительно больше, чем с любыми другими базовыми гаплотипами других гаплогрупп.

В Проекте «Гаплогруппа L» <http://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-L/default.aspx?vgroup=Y-Haplogroup-L&vgroup=Y-Haplogroup-L§ion=yresults> на середину июня 2011 года было 138 гаплотипов гаплогруппы L с субкладами, из них 53 67-маркерных. Большинство из 121 гаплотипов, для которых были указаны страны наиболее отдаленных известных предков, были из Индии (23 гаплотипа) и Пакистана (12 гаплотипов), далее идут Италия (10), Германия и Швейцария (по 7), Турция и Ливан (по 6), Армения (4), Англия, Португалия и Бельгия (по 3), и затем идут еще двадцать стран, включая Россию и Белоруссию, со случайными одним (13 стран) или двумя (7 стран) гаплотипами. Согласно формальному типированию, 116 гаплотипов были отнесены к L, десять L2, восемь L2a, и четыре L3. Это обычно типирование поверхностное, и обычно «недотипировано», часто просто предсказано на уровне гаплогруппы.

Дерево гаплогруппы L с субкладами, построенное по 53 67-маркерным гаплотипам, показано на рис. 17. Администраторы проекта L прекрасно справились с отнесением субкладов, допустив всего две погрешности – неверно отнесли гаплотип 48 (он – в субкладе L2, не L2a), и не отнесли гаплотип 53 (он – в субкладе L1).

Видно, что дерево гаплотипов достаточно четко делится на ветви субкладов. На основании анализа картины мутаций в гаплотипах ветвей, времена до общих предков по 67-маркерным гаплотипам следующие.

Субклад L*

В списке есть всего два гаплотипа этого субклада, или, как такие называют, пара-гаплогруппы. Причина такого названия в том, что это «остаточный» субклад, который уменьшается в объеме по мере нахождения очередных субкладов этой гаплогруппы.

С учетом того, что в распоряжении имеется всего два 67-маркерных гаплотипа, базовый гаплотип этой пары следующий:

11 22 13 10 12 16 11 12 11 14 16 16 -- 12 9 9 11 11 26 15 20 26 12 12 15 16 -- 9 10 18
22 17 14 17 14 32 38 11 10 – 11 8 16 16 7 11 10 8 12 9 12 21 23 14 13 12 12 16 8 13 25
23 13 12 11 14 11 11 13 11

Между этими гаплотипами есть 24 мутации, что дает $24/2/0.12 = 100 \rightarrow 111$ поколений, то есть 2775 ± 630 лет до их общего предка.

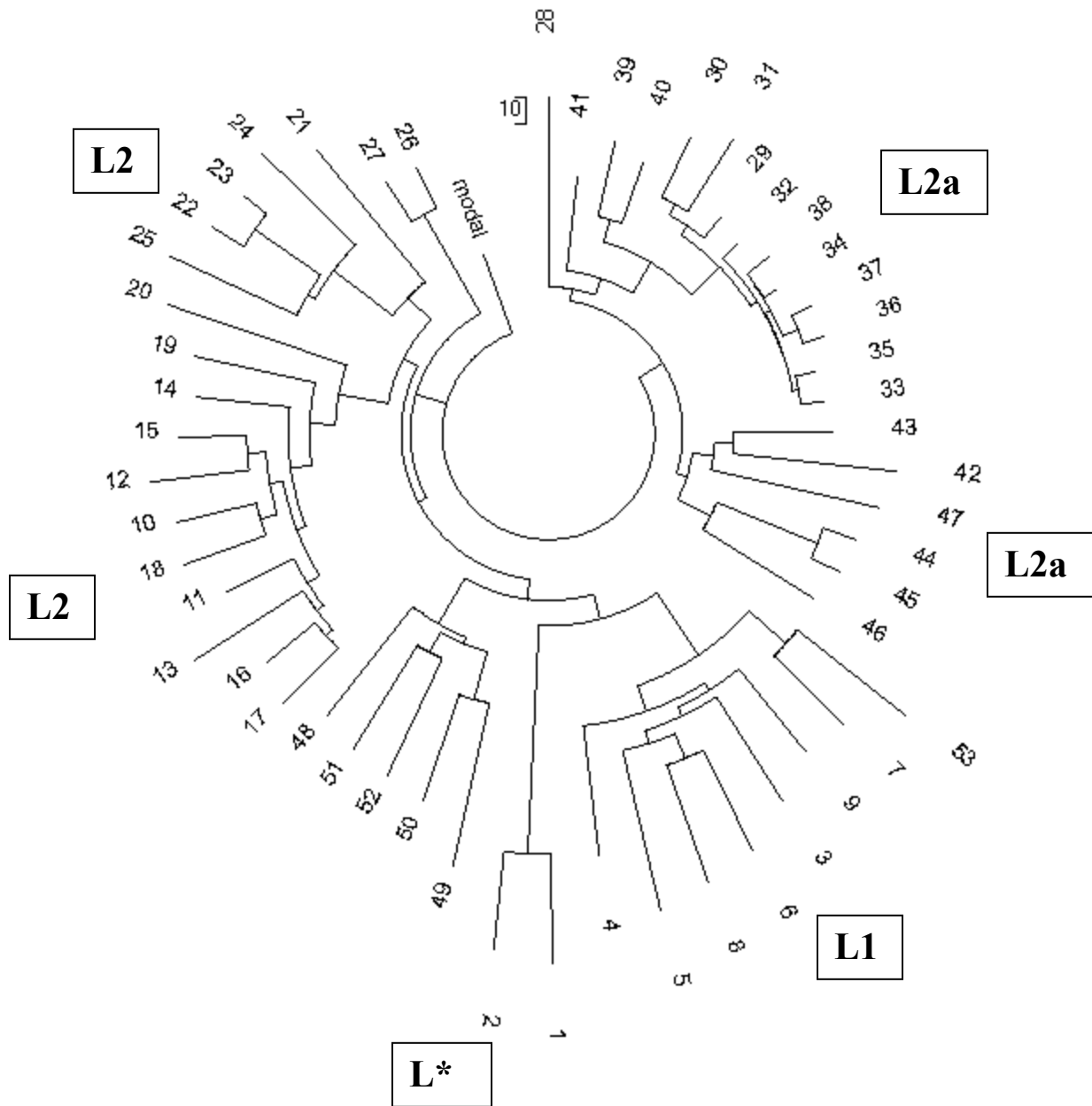


Рис. 17. Дерево из 53 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы L с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы L» <http://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-L/default.aspx?vgroup=Y-Haplogroup-L&vgroup=Y-Haplogroup-L§ion=yresults>

В базе данных указано следующее типирование: гаплогруппа L* (гаплотипы 1, 2), гаплогруппа L1 (гаплотипы 3-9), гаплогруппа L2 (гаплотипы 10-27), гаплогруппа L2a (гаплотипы 28-48), гаплогруппа L3 (гаплотипы 49-52), и гаплотип 53 не отнесен к субкладам. Построение

дерева в нашей работе внесло только две поправки - гаплотип 48 оказался в гаплогруппе L3, и гаплотип 53 - в группе L1.

Соответствующее 22-маркерное дерево (рис. 18) показывает, что эти два гаплотипа несимметричны по отношению к дереву, и гаплотип 2 более древний. Это учтено в базовом гаплотипе выше, но не влияет на число мутаций.

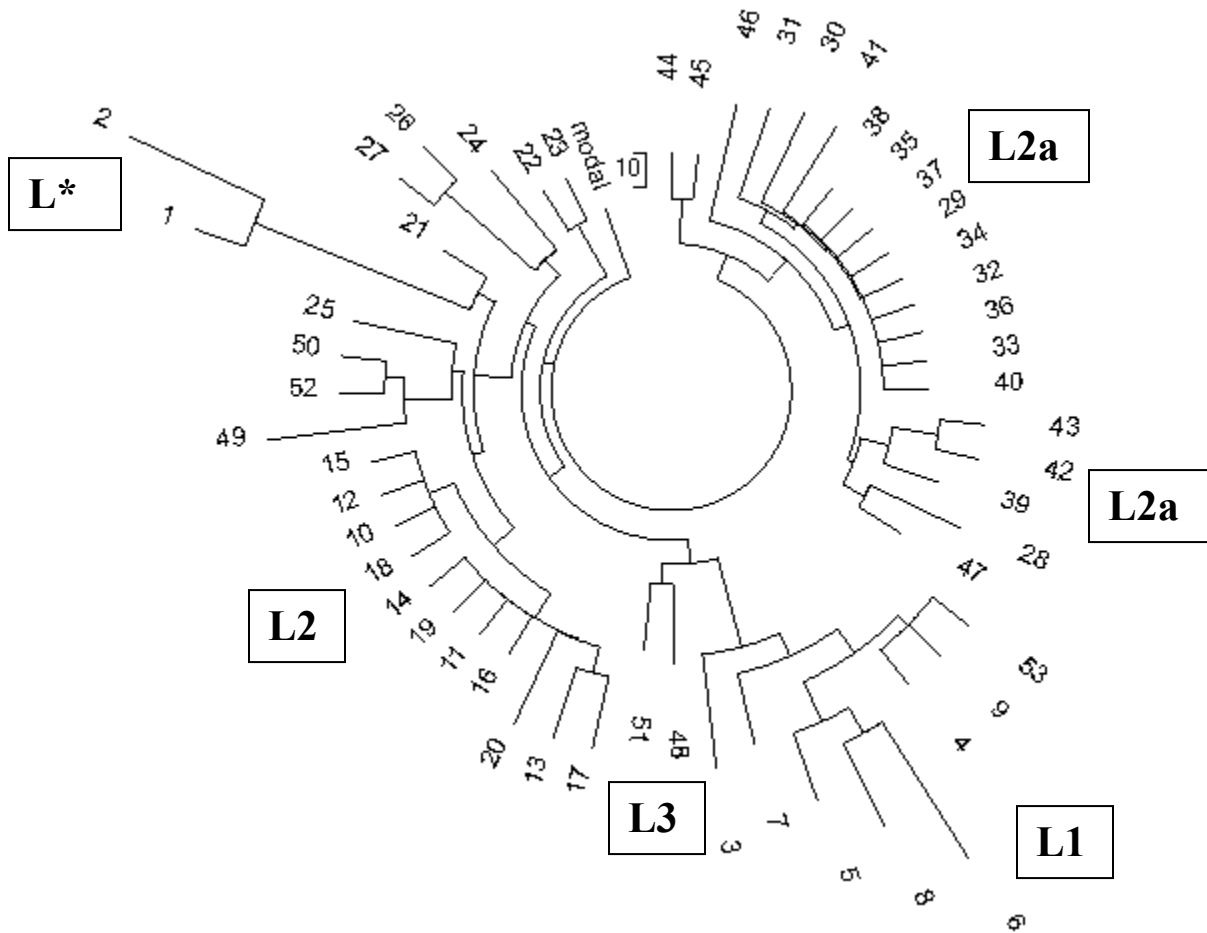


Рис. 18. Дерево из 53 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы L с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы L» <http://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-L/default.aspx?vgroup=Y-Haplogroup-L&vgroup=Y-Haplogroup-L§ion=yresults>

Естественно, «возраст» 2775 лет не может быть у «парагаплогруппы» L, это примерный возраст общего предка этих двух гаплотипов в базе данных.

22-маркерные гаплотипы этих двух представителей гаплогруппы L* значительно более стабильные, и между ними есть всего одна мутация. Базовый гаплотип следующий:

11 12 **16** - 11 **11** - **10** - 11 8 **16 16 7** 10 8 12 **13** 12 12 8 **12 11** 11 **13** (L*)

Одна мутация между двумя базовыми 22-маркерными гаплотипами соответствует примерно 4250 лет между общими предками (Клёсов, 2011а), то есть общий предок обоих гаплотипов L* жил 2125 ± 2125 лет назад. Действительно, всего одна мутация в серии дает 100%-ную погрешность в расчетах. Эта столь неточная величина приведена здесь для того, чтобы показать, что она не противоречит расстоянию 2775 ± 630 лет до общего предка, рассчитанную по двум 67-маркерным гаплотипам L*.

Приведенный выше «базовый» гаплотип L* отличается от базового гаплотипа гаплогруппы T (см. ниже) на 15 мутаций, или на 93 тысячи «латеральных» лет между их общими предками. Ясно, что эти гаплогруппы удалены очень далеко друг от друга на дереве гаплогрупп, и было ошибкой ISOGG ревизовать позицию гаплогруппы T на схеме 2010 года, и переносить ее в сводную гаплогруппу LT на схеме 2011 года.

11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 (T1)

Поскольку общий предок гаплогруппы T с показанным выше базовым гаплотипом жил примерно 20 тысяч лет назад (см. ниже), и общий предок L* с указанным базовым гаплотипом жил примерно 3 тысячи лет назад, то их общий предок жил примерно $(93,000 + 20,000 + 3,000) / 2 = 58,000$ лет назад. Это и был общий предок «бета-гаплогруппы», датированный ранее как $64,000 \pm 6,000$ лет назад, а не ошибочная сводная гаплогруппа LT, введенная в этом (2011) году ISOGG.

Субклад L1

Гаплотипы этого субклада образуют довольно компактную ветвь на дереве как в 67-маркерном, так и в 22-маркерном форматах (рис. 17 и 18). Восемь гаплотипов ветви показывают 137 мутаций от базового гаплотипа

11 22 14 10 13 17 **11 12** 12 12 **14** 16 -- 15 9 9 **11 12** 23 15 19 27/28 14 14 15 16 -- 11 11 19 19 16 14 17/18 15/16 34 36 11 **10** - **11 8 16 17 7** 11 **10 8** 10/11 9 **13** 20 20 14 **11 12 12** 16/17 **8** 12 23 21/22 15 **12 11** 14 11 **11 12** 11,

что дает $137/8/0.12 = 143 \rightarrow 167$ поколений, то есть 4175 ± 550 лет до общего предка субклада по представленным гаплотипам.

Аллели 22-маркерных гаплотипов отмечены выше. Базовый гаплотип субклада L1 в этом формате имеет вид:

11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 16 17 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 11 12 (L1)

Отмечены мутированные аллели по сравнению с субкладом L* по имеющимся в наличии двум гаплотипам. Из 22 маркеров в восьми гаплотипах субклада только пять показали мутации, и суммарно из 176 аллелей только 10 мутировали. Это дает $10/8/0.006 = 208 \rightarrow 216$ поколений, то есть 5400 ± 1800 лет до общего предка. Формально это в пределах погрешности с 4175 ± 550 лет, рассчитанными по 67-маркерным гаплотипам, но на таких небольших (для 22-маркерных гаплотипов) глубинах 67-маркерные гаплотипы дают меньшую погрешность.

Восемь мутаций по сравнению с базовым гаплотипом для L* разводят их общих предков на 40,600 лет, и помещают ИХ общего предка на $(40600+2775+4175)/2 = 23,775$ лет, округленно 24 тысячи лет назад.

Различие с базовым 22-маркерным гаплотипом T1 составляет 9 мутаций, или 47 тысяч лет. Это тоже слишком большое расстояние, чтобы рассматривать их произошедших от одной сводной гаплогруппы LT. Расчеты показывают, что общий предок гаплогрупп L1 и T1 жил примерно $(47,000+20,000+4175)/2 = 36,000$ лет назад (округленно).

Субклад L2

11 гаплотипов основной ветви этого субклада образуют четкую подветвь ветвь как в 67-, так и в 22-маркерном форматах. Базовый 67-маркерный гаплотип следующий:

11 23 15 10 13 17 11 12 12 13 13 17 -- 15 9 9 11 12 24 16 19 31 15 15 16 16 -- 10 9 17
21 15 14 17 16 31 32 11 10 - 11 8 15 15 7 11 10 8 12 9 13 19 20 13 11 12 12 16 8 12 24
22 18 12 11 14 11 12 12 11

Все 11 67-маркерных гаплотипов содержат 126 мутаций, что дает $126/11/0.12 = 95 \rightarrow 105$ поколений, то есть 2625 ± 350 лет до общего предка. Здесь опять мы имеем дело с бутылочными горлышками популяций, поскольку общий предок субклада L1 жил 4175 ± 550 лет назад, данной ветви субклада L2 2625 ± 350 лет назад, а расстояние между их базовыми гаплотипами равно 42 мутации, что намного более 10 тысяч лет. Понятно, что мы видим только «верхушки айсберга» выживших потомков обеих

субкладов, тем более что на дереве гаплотипов есть и другие ветви субклада L2.

Базовый 22-маркерный гаплотип данной подветви имеет вид:

11 12 **13** - 11 **11** - 10 - 11 8 **15 15** 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 **12** 12 (L2, подветвь)

Он на 6 мутаций (отмечено) отличается от базового гаплотипа субклада L1, что соответствует почти 30 тысячам лет «латерального» расстояния между их общими предками.

На все 11 гаплотипов в 22-маркерном формате приходится всего 7 мутаций, то есть меньше, чем по мутации на гаплотип. Ясно, что общий предок этой подветви жил сравнительно недавно, примерно $7/11/0.006 = 106$ поколений, то есть 2650 ± 1040 лет назад. Эта величина практически идеально совпадает с 2625 ± 350 лет, полученной по 67-маркерным гаплотипам.

Соседняя подветвь субклада L2 состоит из пяти гаплотипов в 67-маркерном варианте, плюс два удаленных гаплотипа третьей подветви (номер 26 и 27). Ветвь из пяти гаплотипов имеет базовый гаплотип

11 12 **14** - 11 **12** - 10 - 11 8 15 15 7 10 8 **0** 11 12 12 8 12 11 **11** 12 (L2, 2-я подветвь)

и в подветви - 10 мутаций от него, что дает $10/5/0.006 = 333 \rightarrow 348$ поколений, то есть 8700 ± 2900 лет до общего предка. Здесь обращает внимание нуль-мутация в DYS425 в четырех из пяти гаплотипов подветви, и единственный гаплотип (номер 25), в котором DYS425=13, выброшен деревом в отдельную смешанную подветвь, в смеси с гаплотипами субклада L3. Если этот гаплотип снять из расчетов, то останется 5 мутаций, что дает $5/4/0.006 = 208 \rightarrow 215$ поколений, то есть 5375 ± 2600 лет до общего предка. Это уже не противоречит величине 3725 ± 560 лет, полученной для 67-маркерных гаплотипов, и разница входит в погрешность расчетов.

Третья подветвь из двух гаплотипов дает условный базовый гаплотип

11 12 15 - 11 11 - 10 - 11 9 15 15 7 10 8 13 11 12 12 8 13 11 11 12 (L2, 3-я подветвь)

и в подветви мутаций нет.

В итоге субклад L2 образуется тремя подветвями, с базовыми гаплотипами

11 12 **13** - 11 11 - 10 - 11 8 15 15 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 **12** 12
11 12 14 - 11 **12** - 10 - 11 8 15 15 7 10 8 **0** 11 12 12 8 12 11 11 12

11 12 **15** - 11 11 - 10 - 11 9 15 15 7 10 8 13 11 12 12 8 13 11 11 12

На все три подветви - 5 мутаций от предположительно базового гаплотипа субклада L2

11 12 14 - 11 11 - 10 - 11 9 15 15 7 10 8 13 11 12 12 8 13 11 11 12 (L2)

что дает до общего предка $5/3/0.006 = 278 \rightarrow 293$ поколения, то есть $7,325 \pm 3600$ лет от усредненного «возраста» всех трех базовых гаплотипов, равного примерно 2100 лет. Это суммарно дает 9400 лет до общего предка субклада L2.

Субклад L2a

Ветвь этого субклада состоит из двух подветвей (67-маркерных гаплотипов) или трех подветвей (22-маркерных гаплотипов), которые перестроены лишь одиночными гаплотипами. 13 бесспорных гаплотипов большей подветви образуют следующий базовый гаплотип:

12 23 14 10 16 19 11 12 11 14 13 16 -- 16 9 9 11 12 25 16 19 30 15 15 17 18 -- 10 10 20
21 15 14 18 14 31 33 11 10 - 11 8 15 15 7 11 9 8 11 9 13 20 20 14 11 12 12 14 8 11 24
23 13 11 11 14 10 11 12 11

Все 13 67-маркерных гаплотипов содержат 75 мутаций, что дает $75/13/0.12 = 48 \rightarrow 51$ поколение, то есть 1275 ± 195 лет до общего предка.

Базовый 22-маркерный гаплотип данной подветви имеет вид:

11 12 13 - 11 12 - 10 - 11 8 15 15 7 9 8 13 11 12 12 8 11 11 11 12 (L2a, подветвь)

На все 13 гаплотипов в 22-маркерном формате приходится всего 4 мутации. Это дает $4/13/0.006 = 51$ поколение, то есть 1275 ± 650 лет назад. Эта величина практически идеально совпадает с 1275 ± 195 лет, полученной по 67-маркерным гаплотипам, за тем исключением, что в первой больше погрешность из-за малого числа мутаций в гаплотипах.

Соседняя подветвь из двух гаплотипов имеет «базовый» гаплотип

11 12 **15** - 11 12 - 10 - 11 8 15 15 7 9 8 13 11 12 12 8 **12** 11 11 12 (L2a, 2-я подветвь)

Наконец, третья подветвь из пяти гаплотипов имеет базовый гаплотип

11 12 **14** - 11 12 - 10 - 11 8 15 **16** 7 9 8 13 11 12 12 8 11 11 11 12 (L2a, 3-я подветвь)

В ней – четыре мутации, что дает $4/5/0.006 = 133$ поколения, то есть 3325 ± 1700 лет до общего предка.

В итоге все три базовых гаплотипа субклада L2a

11 12 **13** – 11 12 – 10 – 11 8 15 15 7 9 8 13 11 12 12 8 11 11 11 12 (L2a, подветвь)
11 12 **15** – 11 12 – 10 – 11 8 15 15 7 9 8 13 11 12 12 8 **12** 11 11 12 (L2a, 2-я подветвь)
11 12 14 – 11 12 – 10 – 11 8 15 **16** 7 9 8 13 11 12 12 8 11 11 11 12 (L2a, 3-я подветвь)

оказываются равноудалены от их предполагаемого предкового гаплотипа

11 12 14 – 11 12 – 10 – 11 8 15 15 7 9 8 13 11 12 12 8 11 11 11 12 (L2a)

на суммарные 4 мутации в трех маркерах, что помещает их общего предка, предположительно субклада L2a, на $4/3/0.006 = 222 \rightarrow 229$ поколений, то есть примерно на 5,725 лет древнее их суммарного «возраста», равного 1530 лет, то есть примерно на 7255 лет назад.

Субклад L3

Ветвь этого субклада компактна на дереве 67-маркерных гаплотипов, но расходится на две подветви на дереве 22-маркерных гаплотипов. В 67-маркерном формате ветвь образует следующий базовый гаплотип:

12 22 15 10 9 17 11 12 12 13 14 16 -- 18 9 9 11 12 25 16 19 27 15 16 16 16 -- 11 10 19
21 15 14 15 16 33 34 11 10 – 11 8 15 16 7 11 10 8 10 9 13 20 20 13 11 12 12 16 8 13 24
21 15 12 11 14 11 12 11 11

От базового 67-маркерного гаплотипа L2a (см. выше) его отделяет 49 мутаций, что соответствует разнице в 16,650 лет между их общими предками. Но «возраст» самой ветви L3 относительно небольшой, и на пять гаплотипов ветви приходится 74 мутации, что дает $74/5/0.12 = 123 \rightarrow 141$ поколение, то есть 3525 ± 540 лет до общего предка.

Базовый 22-маркерный гаплотип данной ветви имеет вид:

11 12 14 – 11 12 – 10 – 11 8 15 16 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 12 12 (L3)

В ветви – пять мутаций, что дает $5/5/0.006 = 167 \rightarrow 170$ поколений, то есть 4250 ± 2075 лет до общего предка субклада на примере данных пяти гаплотипов. Это в пределах погрешности совпадает с величиной, полученной на 67-маркерных гаплотипах.

Рассматривая все четыре базовых гаплотипа ветвей

11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 **16 17** 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 11 12 (L1, 4175)
11 12 14 - 11 **11** - 10 - 11 **9** 15 15 7 10 8 13 11 12 12 8 **13** 11 11 12 (L2, 9400)
11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 15 15 7 **9** 8 13 11 12 12 8 **11** 11 11 12 (L2a, 7255)
11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 15 **16** 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 12 12 (L3, 3525)

заметим, что все они имеют 9 мутаций от предполагаемого базового гаплотипа гаплогруппы L

11 12 14 - 11 12 - 10 - 11 8 15 15 7 10 8 13 11 12 12 8 12 11 11 12 (L)

что дает $9/4/0.006 = 375 \rightarrow 397$ поколения, то есть 9,925 лет плюс 6,090 лет (усредненный «возраст» всех трех базовых гаплотипов), или примерно 16,000 лет до общего предка гаплогруппы L.

Сопоставим базовый гаплотип субклада L с базовыми гаплотипами гаплогрупп A и B:

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)
11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

Между ними 21 и 15 мутаций, соответственно (157,400 и 93,000 лет). Это дает $(157,400+85,000+16,000)/2 = 129,200$ лет до общего предка, что почти идеально совпадает с «возрастом» «альфа»-гаплогруппы, или «хромосомным Адамом». Для общего предка «бета-гаплогруппы» получаем $(93,000+46,000+16,000)/2 = 77,500$ лет. Это несколько выше, чем диапазон 64,000±6,000 лет, но на самом деле менее, чем на 11% от верхней границы погрешности.

От базового гаплотипа гаплогруппы T1

11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 (T1)

гаплогруппу L отделяет 12 мутаций, то есть 68,150 лет. Это явно много, чтобы им быть вместе в сводной гаплогруппе LT, как предполагает ISOGG-2011.

Поскольку общий предок гаплогруппы T с показанным выше базовым гаплотипом жил примерно 20 тысяч лет назад (см. раздел Гаплогруппа T), и общий предок L с указанным базовым гаплотипом жил примерно 16 тысяч лет назад, то ИХ общий предок жил примерно $(68,150+20,000+16,000)/2 =$

52,000 лет назад (округленно). Это и был общий предок «бета-гаплогруппы», датированный ранее как 64,000±6,000 лет назад, а не ошибочная сводная гаплогруппа LT, введенная в этом году ISOGG.

Гаплогруппа M

Данные по этой гаплогруппе в доступных базах данных отсутствуют. Соответствующих проектов в системе FTDNA нет. Дерево субкладов гаплогруппы M дается в сводке ISOGG-2011 в следующем сокращенном виде:

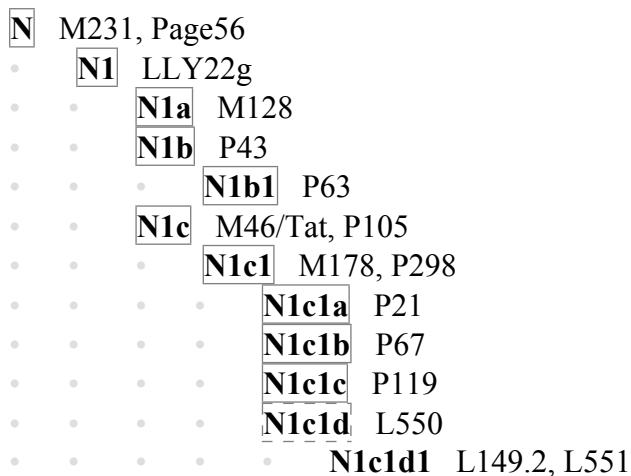
- M** P256, Page93
 - M1** M4, M5/P73, M106, M186, M189, M296, P35, Page1
 - M1a** P34
 - M1a1** P51
 - M1a2** P94
 - M1b** P87
 - M1b1** M104/P22, Page67
 - M1b1a** M16
 - M1b1b** M83
 - M2** M353, M387
 - M2a** M177/SRY9138
 - M3** P117, P118

По данным ISOGG, гаплогруппа M встречается в основном у папуасов Новой Гвинеи, составляя долю от трети до двух третей населения.

Гаплогруппа N

Больше всего этой гаплогруппы в Китае, хотя она составляет там относительно небольшой процент населения. В процентном отношении больше всего гаплогруппы N (в виде субклада N1c1) в Финляндии (до 77%) и среди этнических русских на территориях с северу от Пскова. В целом среди этнических русских европейской части России доля этой гаплогруппы составляет примерно 14%.

Дерево субкладов гаплогруппы по данным ISOGG выглядит следующим образом:



О распространении гаплогруппы N с субкладами дает представление подборка соответствующих гаплотипов в проекте «Гаплогруппа N» <http://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project/default.aspx?vgroup=N+Y-DNA+Project§ion=yresults>

Из 450 гаплотипов разных форматов

- 212 гаплотипов (47%), то есть почти половина, приходится на Финляндию,
- 40 (9%) на Россию,
- 33 (7%) на Польшу,
- 21 (5%) на Литву,
- 19 (4%) на Швецию,
- 17 (3.8%) на Германию,
- 12 (2.7%) на Норвегию,
- 10 (2.2%) на Украину,
- 9 (2%) на Англию,
- 7 (1.6%) на Латвию

Перечисленные страны составляют уже 84% общей численности гаплотипов гаплогруппы N с субкладами. Остальные 16% приходятся на 23 страны, в которых в базах данных находится по 4 гаплотипа и меньше, включая Китай, который не представлен в базах данных. Там же – все остальные европейские страны, а также Турция, Иран, Филипины, Казахстан.

Указанная база данных содержит 256 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы N с субкладами, которые представлены на дереве на рис. 19

как 49-маркерные, со снятыми маркерами, склонными к палиндромным и нуль-мутациям.

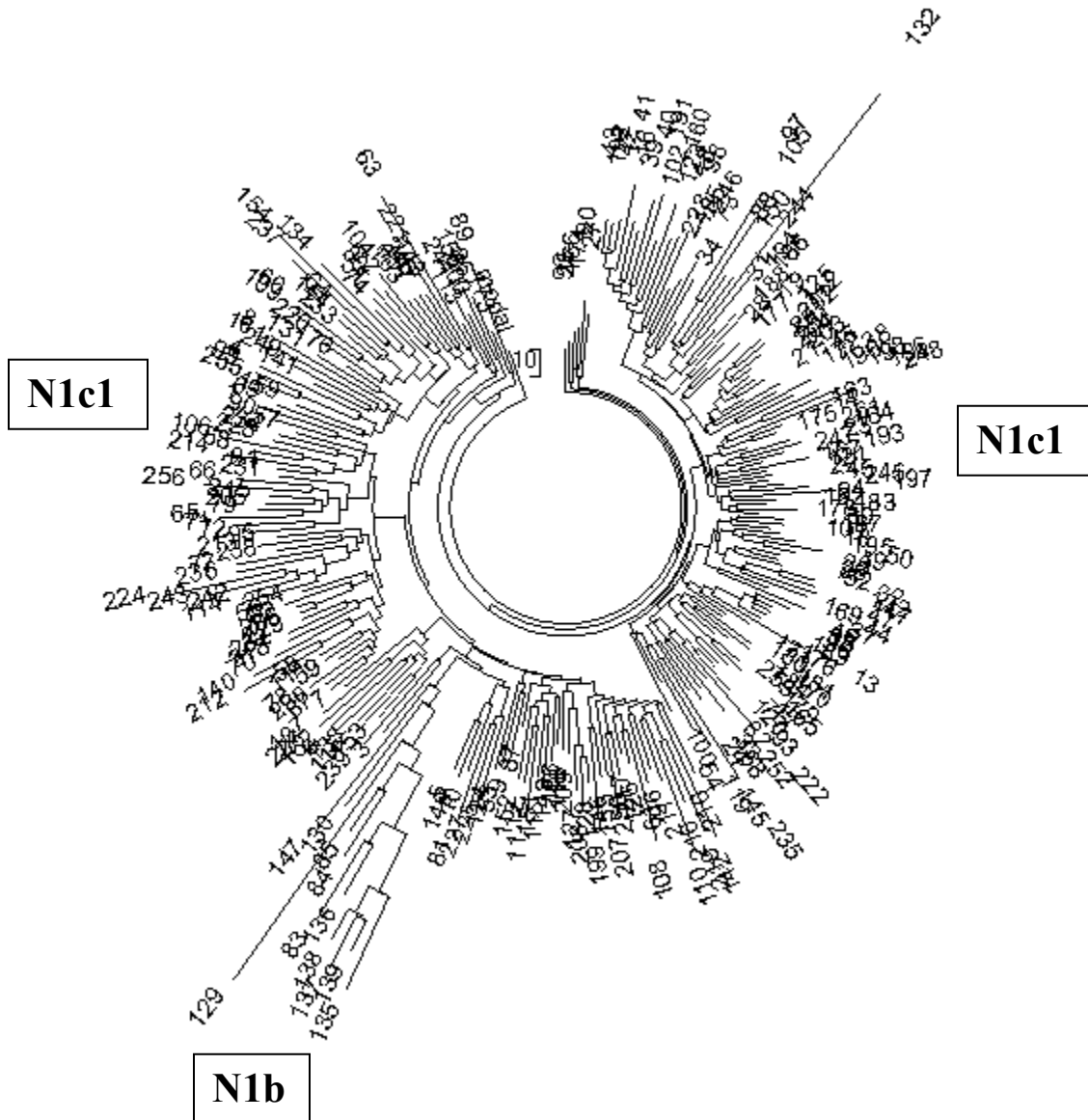


Рис. 19 Дерево из 256 49-маркерных гаплогрупп гаплогруппы N с субкладами. Гаплогруппы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы N» <http://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project/default.aspx?vgroup=N+Y-DNA+Project§ion=yresults>. Гаплогруппы 1-112 типированы в «Проекте» как N, 113-134 как N1, 135-139 как N1b, 140-256 как N1c1.

В подписи к рис. 19 указаны результаты типирования гаплотипов, но это, как обычно, в значительной степени недотипировано или просто «предсказано», особенно в отношении гаплотипов, помеченных как “N”.

На дереве на рис. 19 обращает на себя внимание резко выделяющаяся ветвь, центральную часть которой составляют гаплотипы, типированные как принадлежащие субкладе N1b. Эти пять гаплотипов имеют 49-маркерный базовый гаплотип

12 23 13 11 11 12 10 13 12 – 15 11 12 28 14 18 27 – 11 11 15 14 17 17 12 10 -- 11 8 8
11 10 8 10 10 13 10 12 12 17 7 13 21 21 14 12 11 10 11 11 12 11

от которого ветвь насчитывает 25 мутаций. Это дает $25/5/0.08 = 63 \rightarrow 67$ поколений, то есть 1675 ± 375 лет до общего предка.

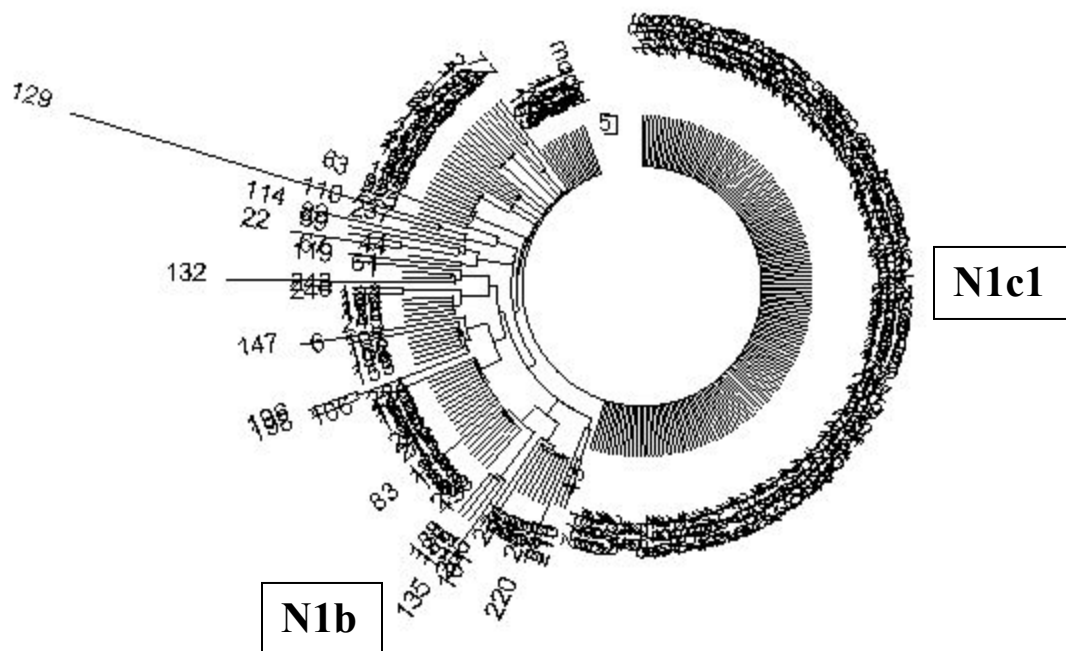


Рис. 20. Дерево из 256 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы N с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы N» <http://www.familytreedna.com/public/N%20Y-DNA%20Project/default.aspx?vgroup=N+Y-DNA+Project§ion=yresults>. Гаплотипы 1-112 типированы в «Проекте» как N, 113-134 как N1, 135-139 как N1b, 140-256 как N1c1.

Эта же ветвь в 22-маркерном формате (рис. 20) имеет вид

11 12 12 – 11 12 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12 (N1b)

и имеет всего три мутации, что дает 2500 ± 1500 лет до общего предка.

Большую часть 22-маркерного дерева занимают базовые гаплотипы, их 162 гаплотипа из всех 256, точнее, из 251, поскольку пять гаплотипов отнесены к субкладу N1b.

11 12 **14** - 11 12 - 10 - 11 8 15 **17** 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12 (N1c1)

Они на три мутации отличаются от базового гаплотипа N1b (отмечено), что разводит их общих предков примерно на 13,400 лет. Формальный подсчет возраста общего предка базовых гаплотипов N1c1 дает $\ln(251/162)/0.006 = 73$ поколения, то есть 1825 ± 230 лет. Начало нашей эры.

Эти же 251 гаплотипов содержат 134 мутации от приведенного выше базового гаплотипа, что дает $134/251/0.006 = 89$ поколений, то есть 2225 ± 290 лет до общего предка. В принципе, разница между логарифмическим и линейным методом укладываются в погрешность расчетов, но не исключено, что в ветви дерева входят гаплотипы субклада N1 и/или N1b, что может завышать число мутаций. Но это завышение невелико, и не меняет принципиально результаты расчетов.

Итак, мы получили два основных базовых гаплотипа субкладов гаплогруппы N:

11 12 12 - 11 12 - 10 - 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12 (N1b, 1675)

11 12 **14** - 11 12 - 10 - 11 8 15 **17** 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12 (N1c1, 2225)

с расстоянием между общими предками этих субкладов 13,400 лет. Это помещает ИХ общего предка, субклада N1, примерно на $(13,400 + 1,675 + 2,225)/2 = 8,650$ лет назад.

Сопоставим полученные базовые гаплотипы с базовыми гаплотипами А и В

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (А)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (В)

Базовые гаплотипы N1b и N1c1 отстоят от А на 22 и 25 мутаций, соответственно, от В - на 10 и 13 мутаций. Ясно, что N1b более древний субклад, хотя то, что мы сейчас видим - это, вероятно, результат прохождения бутылочного горлышка популяции N1b. Поскольку 22 мутации эквивалентны 170,500 лет между общими предками гаплогрупп А N1b, то ИХ общий предок жил $(170,500 + 85,000 + 1,675)/2 = 128,600$ лет назад.

Это - «альфа»-гаплогруппа. Общий предок гаплогрупп А и N1c1 жил $(214,400+85,000+2,225)/2 = 150,800$ лет назад. Это - всего на 11% выше обычно получаемого возраста «альфа-гаплогруппы», что вполне в пределах погрешности расчетов.

10 мутаций между N1b и В эквивалентны 53,700 лет между общими предками, что дает $(53,700+46,000+1,675)/2 = 51,000$ лет (округленно). Это - менее ожидаемых 58,000-64,000 лет до «бета»-гаплогруппы, но не так принципиально. Для 13 мутаций разницы с субкладом N1c1 общий предок гаплогрупп жил $(76,000+46,000+2225)/2 = 62,100$ лет назад, что попадает прямо в предполагаемый диапазон времени.

Остается предположить, что DYS392 в базовом гаплотипе субклада N1b равен не 12, а 14. Тогда базовые гаплотипы придут в более жесткое соответствие с гаплогруппами А и В. Действительно, ветвь N1b слева внизу на рис. 15 включает не только пять гаплотипов, типированных как N1b, но еще шесть гаплотипов (83, 84, 85, 129, 130 и 147), типированных как N, N1 и N1c1. DYS392 в них равны 14, 14, 14, 15, 14 и 15, соответственно, что делает базовую аллель DYS392=14 в предполагаемом субкладе N1b.

В любом случае, независимо от этой итерации, в этой части исследования показано, что общий предок субклада N1 жил примерно 8,650 лет назад, два его субклада по имеющимся в наличии базовым гаплотипам относительно недавние, датируются концом прошлой эры и началом новой эры, и что гаплогруппа N относится к последовательности гаплогрупп, производных «альфа»-гаплогруппы, или «хромосомного Адама», который вовсе не обязательно вышел из Африки.

Гаплогруппа О

Эта гаплогруппа встречается в основном в Китае и в целом в восточной Азии, включая острова южной части Тихого океана и Полинезию. Субклад O2b часто встречается в Корее и Японии.

Согласно сводке ISOGG за 2011 год, дерево субкладов гаплогруппы О выглядит следующим образом (в некотором сокращении):

- O** M175, P186, P191, P196
 - O1** MSY2.2
 - O1a** M119, Page20
 - O1a1** M307.1/P203.1
 - O1a1a** M101
 - O1a2** M50, M103, M110
 - O2** P31, M268
 - O2a** PK4
 - O2a1** M95
 - O2a1a** M88, M111
 - O2a1b** **M297**
 - O2b** IMS-JST022454, M176/M302/SRY465, P49, Page92
 - O2b1** M312
 - O2b1a** 47z
 - O3** M122
 - O3a** M324, P93, P197, P198, P199, P200
 - O3a1** L127.1, KL1/L465, KL2/L467
 - O3a1a** M121, DYS257/P27.2
 - O3a1b** M164
 - O3a1c** IMS-JST002611
 - O3a1c1** P103
 - O3a2** IMS-JST021354/P201
 - O3a2a** M159
 - O3a2b** M7
 - O3a2b1** M113, M188, M209
 - O3a2b1a** **N4**
 - O3a2b1b** N5
 - O3a2b1** **P386**
 - O3a2c** P164
 - O3a2c1** M134
 - O3a2c1a** M117, M133, Page23
 - O3a2c1a1** M162
 - O3a2c1b** P101
 - O3a3** M300
 - O3a4** M333

В «проекте гаплогруппы O»

<http://www.familytreedna.com/public/o3/default.aspx?vgroup=o3§ion=y> results приведены 19 67-маркерных гаплотипов, и на их основании построены деревья гаплотипов данной гаплогруппы в 67- и 22-маркерных форматах (рис. 21 и 22).

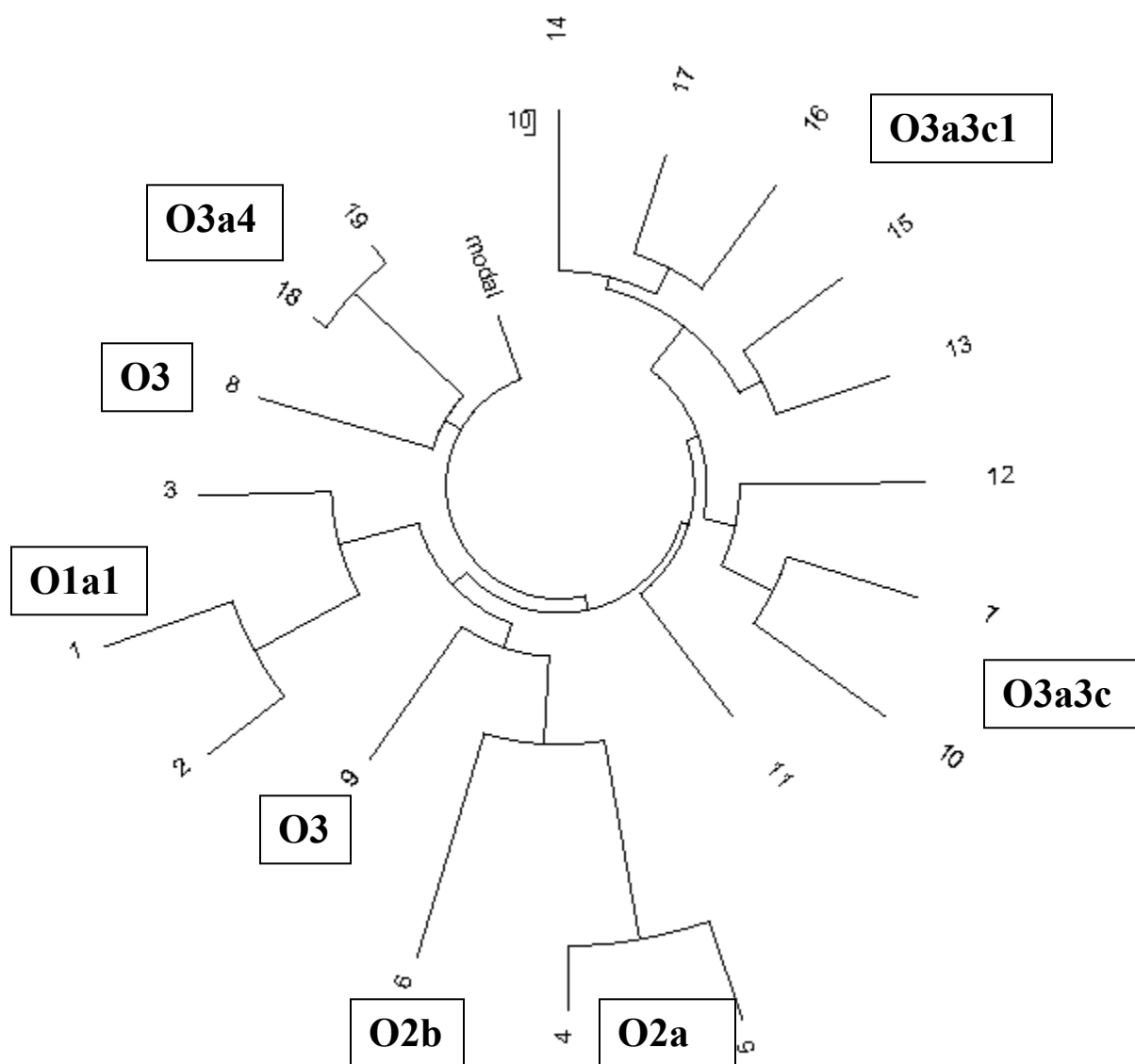


Рис. 21. Дерево из 19 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы O с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы O»

<http://www.familytreedna.com/public/o3/default.aspx?vgroup=o3§ion=y> results. Гаплотипы 1, 3, 4, 7, 8, 10, 16, 17, 19 типированы в «Проекте» как O, 2 как O1a1, 5 как O2, 6 как O2b, 9 как O3, 11-13 как O3a3c, 14 и 15 как O3a3c1, 18 как O3a4.

Как обычно, многие гаплотипы «недотипированы» в отношении их субкладов, и для половины гаплотипов «Проекта» обозначены как относящиеся к гаплогруппе O, без приведения субкладов. Попытка их распределения по некоторым субкладам дана в «Проекте», видимо, «на

глаз». Некоторые возможные корректировки приведены на деревьях на рис. 21 и 22.

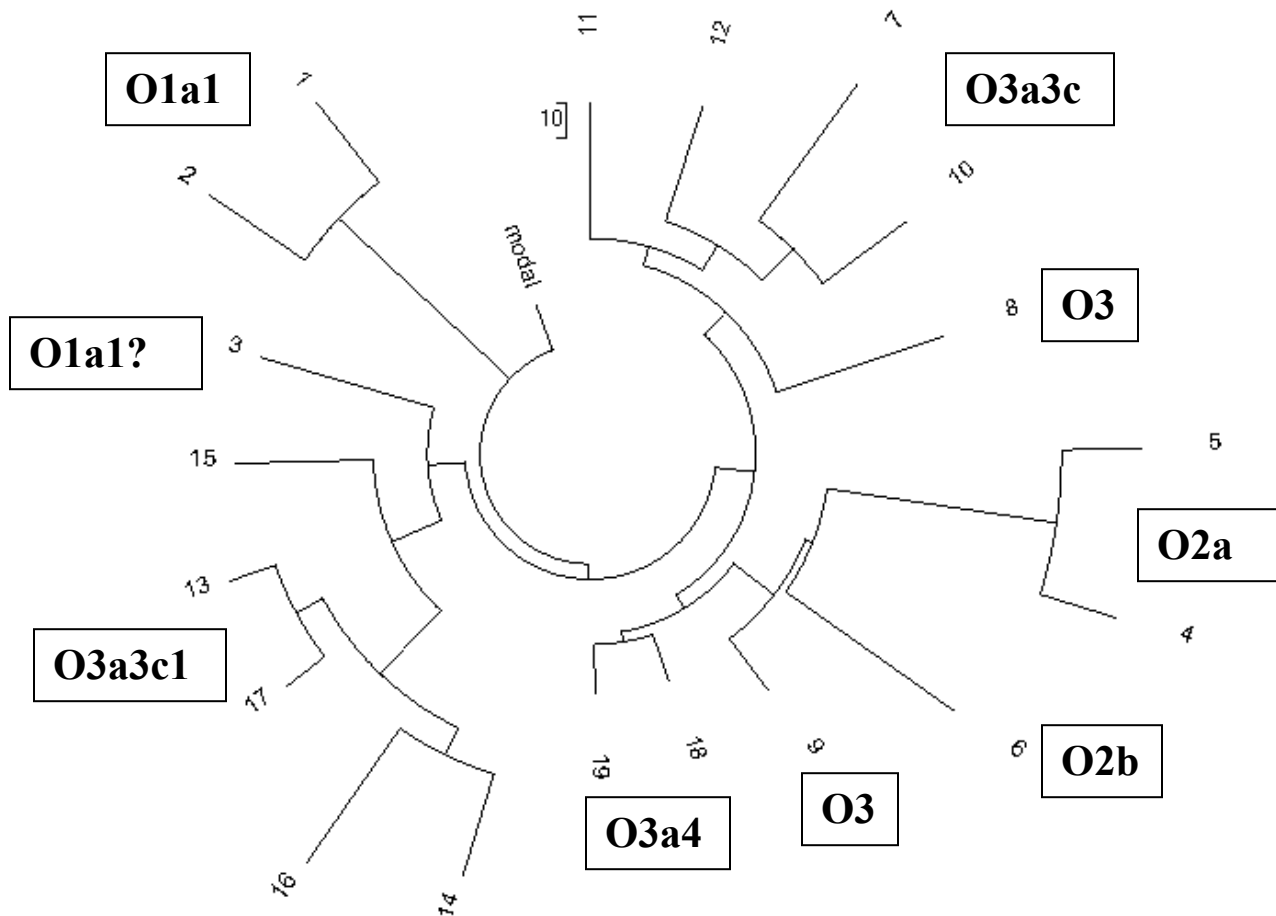


Рис. 22. Дерево из 19 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы O с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы O»

<http://www.familytreedna.com/public/o3/default.aspx?vgroup=o3§ion=y> results. Гаплотипы 1, 3, 4, 7, 8, 10, 16, 17, 19 типированы в «Проекте» как O, 2 как O1a1, 5 как O2, 6 как O2b, 9 как O3, 11-13 как O3a3c, 14 и 15 как O3a3c1, 18 как O3a4.

Субклад O1

К нему относятся два гаплотипа (1 и 2 на рис. 21 и 22). Один из них типирован как O (определенно неотипирован), второй как O1a1. «Проект» занес оба гаплотипа в субклад O1, хотя это может оказаться субклад O1a1, как показано на рис. 21 и 22. Дело в том, что обычно наиболее глубоко

типированный гаплотип и определяет субклад, если, конечно, типирование надежное. Базовый гаплотип этих двух гаплотипов

(1) 11 12 14 - 11 11 -- 10 - 12 8 17 17 8 7 8 12 11 12 **12/13** 7 11 11 **10/11** 12 (O1)

Отмечены спорные аллели. Эти два мутационных различия помещают общего предка этих гаплотипов примерно на 4350 лет назад.

Субклад O2

К нему относятся два гаплотипа (4 и 5). Один из них типирован как O, второй как O2. «Проект» занес их обоих как O2a. Базовый гаплотип:

(2) 11 12 **13** - 11 11 -- 10 - 12 **9 15** 17 8 7 8 **11 10** 12 12 7 **12 12/9** 11 **13** (O2-O2a)

Отмечены отличия от предыдущего базового гаплотипа. Третий справа маркер (DYS568) различается в двух гаплотипах столь значительно, что это почти определено два разные субклада, например, O2 и O2a. Три мутации на этих двух гаплотипах помещают их общего предка примерно на 6700 лет назад.

Субклад O2b

К нему относится только один гаплотип (6):

(3) 11 12 13 - 11 11 -- **13** - **11 8** 15 17 8 7 8 11 **11** 12 12 7 12 **10 12 12** (O2b)

Отмечены отличия от предыдущего базового гаплотипа. Различия очень велики - 10 мутаций между двумя гаплотипами разводят их общих предков на 53,700 лет. И это - производные одного субклада, O2.

Субклад O3

К нему относится только один гаплотип (9), типированный в «Проекте» как O:

(4) 11 12 13 - 11 11 -- 10 - 11 8 15 17 8 7 8 11 11 12 12 7 12 **11 11** 12 (O3)

Отмечены отличия от субклада O2b. На удивление, на этот раз различия относительно небольшие.

Субклад O3a3c

В соответствующей ветви четыре гаплотипа (7, 10-12), которые исходно были типированы как два О и два О3а3с. Видимо, два гаплотипа О недотипированы. Их базовый гаплотип

(5) 11 12 **12** - 11 11 -- 10 - 11 **10** 15 17 8 7 8 **12** 11 12 12 7 12 **10** 11 12 (О3а3с)

На все четыре гаплотипа - 7 мутаций, что дает $7/4/0.006 = 292 \rightarrow 307$ поколений, то есть примерно 7700 лет до общего предка.

Субклад О3а3с1

В соответствующей ветви пять гаплотипов (13-17), которые исходно были типированы как два О, один О3а3с и два О3а3с1. В такой ситуации самый глубокий типированный гаплотип ветви определяет е субклад с большей вероятностью. Их базовый гаплотип

(6) 11 **10 14** - 11 11 -- **11** - 11 **11** 15 **15** 8 7 8 12 11 12 12 7 12 **11** 11 12 (О3а3с1)

На все пять гаплотипов - 7 мутаций, что дает $7/5/0.006 = 233 \rightarrow 240$ поколений, то есть примерно 6000 лет до общего предка. Это находится в разумном соответствии с возрастом вышестоящего субклада (7700 лет).

Субклад О3а4

Два почти одинаковых гаплотипа, один из которых типирован как О, второй - О3а4, образуют отдельно стоящую малую ветвь, с их базовым гаплотипом

(7) 11 **12 13** - 11 11 -- **10** - 11 **8** 15 **17** 8 7 8 12 11 12 12 7 12 11 11 12 (О3а4)

В 67-маркерном варианте между ними всего одна мутация, что формально эквивалентно 8 поколениям между ними, или примерно 200 лет.

Неизвестный субклад

Гаплотип (3) стоит на дереве особняком, и на дереве 67-маркерных гаплотипов тяготеет к субкладу О1, хотя на 22-маркерном дереве он с последним не группируется, а тоже стоит особняком. У него необычный маркер $DYS395S1b=19$, да и в целом его гаплотип отстоит от О1 как минимум на семь мутаций (возможно, и на девять), то есть на 35-47 тысяч лет от О1. Это вряд ли один и тот же субклад.

(8) 11 12 14 - 11 11 -- 10 - **11** 8 **15 19** 8 7 8 12 **10** 12 12 7 **12** 11 10 12 (??)

Если все восемь гаплотипов представить в виде матрицы гаплогруппы O, то получим, что между ними 36.5-37.5 мутаций:

- | | | | |
|-----|---|---|--|
| (1) | 11 12 14 - 11 11 -- 10 - 12 8 | 17 17 8 7 8 12 11 12 12/13 7 11 11 10/11 12 | (O1) |
| (2) | 11 12 13 - 11 11 -- 10 - 12 9 | 15 17 8 7 8 11 10 12 12 | 7 12 12/9 11 13 (O2-O2a) |
| (3) | 11 12 13 - 11 11 -- 13 - 11 8 | 15 17 8 7 8 11 11 12 12 | 7 12 10 12 12 (O2b) |
| (4) | 11 12 13 - 11 11 -- 10 - 11 8 | 15 17 8 7 8 11 11 12 12 | 7 12 11 11 12 (O3) |
| (5) | 11 12 12 - 11 11 -- 10 - 11 10 | 15 17 8 7 8 12 11 12 12 | 7 12 10 11 12 (O3a3c) |
| (6) | 11 10 14 - 11 11 -- 11 - 11 11 | 15 15 8 7 8 12 11 12 12 | 7 12 11 11 12 (O3a3c1) |
| (7) | 11 12 13 - 11 11 -- 10 - 11 8 | 15 17 8 7 8 12 11 12 12 | 7 12 11 11 12 (O3a4) |
| (8) | 11 12 14 - 11 11 -- 10 - 11 8 | 15 19 8 7 8 12 10 12 12 | 7 12 11 10 12 (??) |

Это - очень большая величина, и транслируется в 21,900 лет. Для расчета «возраста» общего предка к этой величине следует прибавить усредненный «возраст» всех восьми гаплотипов, который приблизительно равен 3100 лет. Таким образом, общий предок гаплогруппы O по представленным гаплотипам жил примерно 25 тысяч лет назад. Это качественно согласуется с расчетами по более чем тысяче 7- и 8-маркерным гаплотипов (Клёсов, 2010b), которые дали для субклада O2-M95 с подгруппами «возраст» 20,450 лет.

Это согласуется и с расчетом по всем 19 22-маркерным гаплотипам, без деления их на ветви и без выделения базовых гаплотипов. Этот подход часто дает ложные данные, если в выборке доминирует одна ветвь, особенно если ветвь «молодая». Тогда программа принимает этот гаплотип за базовый, и ориентирует расчет на некоего «фантомного» общего предка. В данном случае такой выраженной ветви не было, и дерево имеет вполне симметричный вид. Расчет дает базовый гаплотип для всего дерева

11 12 13 - 11 11 -- 10 - 11 **9** 15 17 8 7 8 12 11 12 12 7 12 11 11 12 (O)

и все 19 гаплотипов имеют 99 мутаций. Это дает $99/19/0.006 = 868 \rightarrow 985$ поколений, то есть $24,625 \pm 3,500$ лет до общего предка. Это на удивление хорошо сходится с полученной выше величиной (25 тысяч лет для гаплогруппы O).

Полученный базовый гаплотип отстоит от базовых гаплотипов гаплогрупп A и B на 26 (226,000 лет) и 16 (102,300 лет) мутаций, соответственно. Эти величины уже указывают на большое расстояние гаплогруппы O от начала дерева гаплогрупп. Напомним, что субклады гаплогруппы N, родственной гаплогруппе O, отстоит от A и B на 22-25 и 10-13 мутаций, соответственно (см. выше).

12 11 11 – 9 11 – 10 – 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)
 11 12 11 – 11 11 – 10 – 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

11 12 13 – 11 11 -- 10 – 11 9 15 17 8 7 8 12 11 12 12 7 12 11 11 12 (O)

Эти величины показывают, что общий предок гаплогруппы O и A жил $(226,000+85,000+25,000)/2 = 168,000$ лет назад, и $(93,000+46,000+25,000)/2 = 86,650$ лет назад, соответственно. Обе величины явно завышены, если только не принять, что общий предок гаплогруппы O был не тот, от которого произошли остальные неафриканские гаплогруппы. Но предположить, что предок гаплогруппы O был другим, чем всех остальных гаплогрупп – это слишком смелое предположение в настоящей ситуации.

Проверим это маловероятное предположение, сравнив базовые гаплотипы гаплогрупп N и O. Это – братские гаплогруппы по принятому дереву гаплогрупп. Если гаплогруппа O действительно имеет отдаленное от N происхождение, между их базовыми гаплотипами будет более 20 мутаций.

11 12 13 – 11 11 -- 10 – 11 9 15 17 8 7 8 12 11 12 12 7 12 11 11 12 (O)
 11 12 12 – 11 12 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12 (N1b, 1675)
 11 12 14 – 11 12 – 10 – 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 7 12 11 11 12 (N1c1, 2225)

На самом деле базовые гаплотипы двух субкладов N близки к O, отличаясь на 7 и 6 мутаций, то есть на 34,600 и 28,900 лет «латеральной разницы». Если общий предок гаплогруппы O жил 40 тысяч лет назад, а предки указанных субкладов N – 15-20 тысяч лет назад, то эти расстояния в 6-7 мутаций помещают общего предка сводной гаплогруппы NO на 42-47 тысяч лет назад. Это – разумная величина, и в целом согласуется с историей гаплогрупп на Русской равнине, и предположительными временами миграции водой гаплогруппы NOR на восток, к Южной Сибири примерно 45 тысяч лет назад. Таким образом, гаплогруппа O имела ту же линию происхождения от «бета-гаплогруппы», как и остальные неафриканские гаплогруппы.

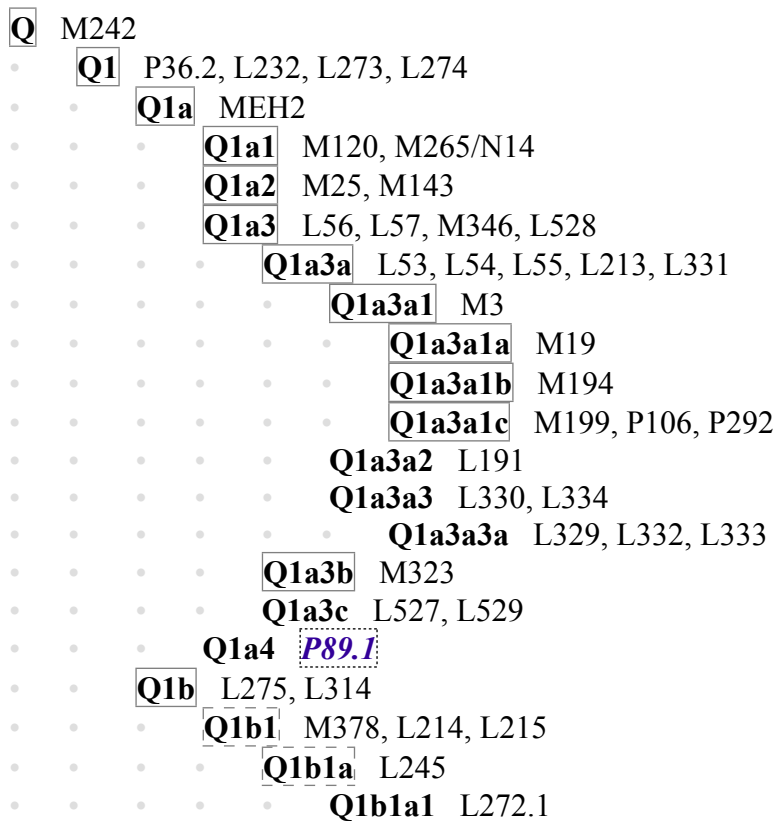
Гаплогруппа Q

Гаплогруппа Q образовалась из сводной гаплогруппы P, а та – из сводной гаплогруппы NOR. Последняя, видимо, образовалась на Русской равнине, поскольку ее компонент P представляет европеоидов в антропологических понятиях, а еще известная европеоидная гаплогруппа – сугубо европейская гаплогруппа I. Из этого вытекает, что эти две гаплогруппы, или их предшественники, тесно контактировали между собой примерно 50-40

тысяч лет назад, и затем в значительной степени разошлись. Трудно представить себе регион их контактов в те времена другой, нежели Русская равнина, возможно, от Кавказа и севернее.

Носители гаплогруппы Р мигрировали на восток до алтайского региона (Центральная Азия), где и образовались гаплогруппы Q и R. Носители гаплогруппы Q мигрировали на север Восточной Азии и далее на американский континент. В настоящее время подавляющее большинство мужчин, коренных жителей Южной Америки, имеют гаплогруппу Q, в основном ее субклад Q1a3a1. Много носителей гаплогруппы Q и в Северной Америке, но в настоящее время она значительно вытеснена европейскими гаплогруппами.

По данным ISOGG-2011, дерево субкладов гаплогруппы Q имеет вид:



На рис. 23 приведено дерево из 205 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы Q с субкладами, построенное по данным «Проекта Q» http://www.familytreedna.com/public/yDNA_Q/default.aspx?section=yresults

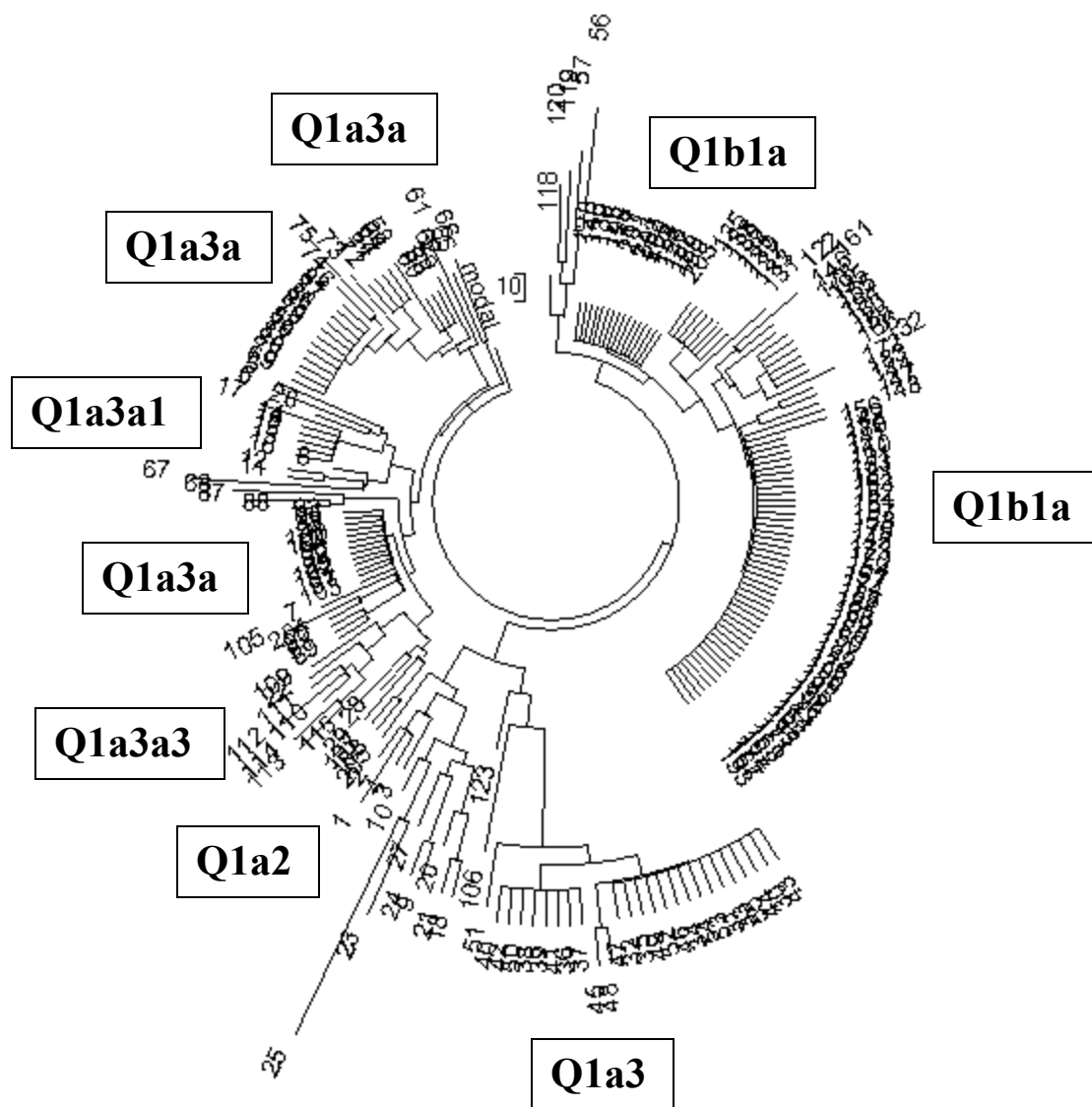


Рис. 23. Дерево из 205 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы Q с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы Q»
http://www.familytreedna.com/public/yDNA_Q/default.aspx?section=yresults.

Как видно, правую часть дерева занимают субклады Q1b, левую – Q1a. Базовые гаплотипы от верхней правой части дерева по часовой стрелке записываются следующим образом:

(1) 12 12 **15** - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 0 11 12 12 8 12 11 **12 13** (Q1b1a)

- (2) 12 12 **15** - 11 11 - 11 - 11 8 15 **18** 8 10 8 0 11 12 12 8 12 11 **12 13** (Q1b1a)
- (3) 12 12 **15** - 11 11 - 11 - 11 8 15 **19** 8 10 8 0 11 12 12 8 **13** 11 **12 13** (Q1b1a)
- (4) 12 12 **15** - 11 11 - 11 - 11 8 15 **19** 8 10 8 0 11 12 12 8 12 11 **12 13** (Q1b1a)
- (5) 12 12 14 - 11 **12** - **12** - 11 8 **17** 17 8 10 8 12 11 12 12 8 **14** 11 11 12 (Q1a3)
- (6) 12 12 14 - 11 **12** - **10** - 11 8 **17** 17 8 10 8 12 11 12 12 8 **14** 11 11 12 (Q1a3)
- (7) 12 12 14 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 11 12 12 8 12 11 11 12 (Q1a3a)
- (8) 12 12 14 - 11 **10** - 11 - 11 8 15 **16** 8 10 8 12 11 12 12 8 12 11 11 12 (Q1a3a1)
- (9) 12 12 **12** - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 11 **13** 12 8 **13** 11 11 12 (Q1a3a)
- (10) 12 12 **13** - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 11 **13** 12 8 **13** 11 11 12 (Q1a3a)
- (11) 12 12 **17** - 11 11 - 11 - 11 8 **16** 17 8 10 8 12 11 12 12 8 12 11 11 12 (Q1a2)
- (12) 12 12 14 - 11 11 - 11 - 11 8 **17** 17 8 10 8 12 11 12 12 8 12 **12 10** 12 (Q1a3a2)
- (13) 12 12 14 - 11 11 - 11 - 11 8 15 **15** 8 10 8 12 11 12 12 8 **13 12** 11 12 (Q1a3a3)

Помимо десяти базовых гаплотипов, которые идут на дереве в повторах, к списку добавлен одиннадцатый, субклада Q1a2, который вычислен по четырем разным гаплотипам субклада, и единичный гаплотип субклада Q1a3a2. В четырех гаплотипах субклада Q1a2 три мутации, что дает $3/4/0.006 = 125$ поколений, то есть примерно 3125 лет до общего предка. Добавлен также вычисленный базовый гаплотип субклада Q1a3a3, девять гаплотипов которого (107-115) содержат 22 мутации, что дает $22/9/0.006 = 407 \rightarrow 436$ поколений, то есть 10,900 лет до общего предка. Единичный гаплотип Q1 в списке, видимо, недотипирован, и всего на одну мутацию отличается от базового гаплотипа Q1a3a.

Видно, что все серия базовых гаплотипов расходится на две части, субклады Q1a и Q1b. Первая серия гаплотипов значительно древнее, как видно из дерева гаплотипов. Это еще более заметно из рассмотрения их 37- и 67-маркерных вариантов (рис. 24 и 25).

Базовые гаплотипы (1)-(4) выше имеют следующий базовый гаплотип (2) субклада Q1b1a

12 12 15 - 11 11 - 11 - 11 8 15 18 8 10 8 0 11 12 12 8 12 11 12 13 (Q1b1a)

с тремя мутациями в четырех гаплотипах, что дает $3/4/0.006 = 125$ поколений, плюс усредненная величина «возраста» базовых гаплотипов, что в итоге дает примерно 4,000 лет до общего предка

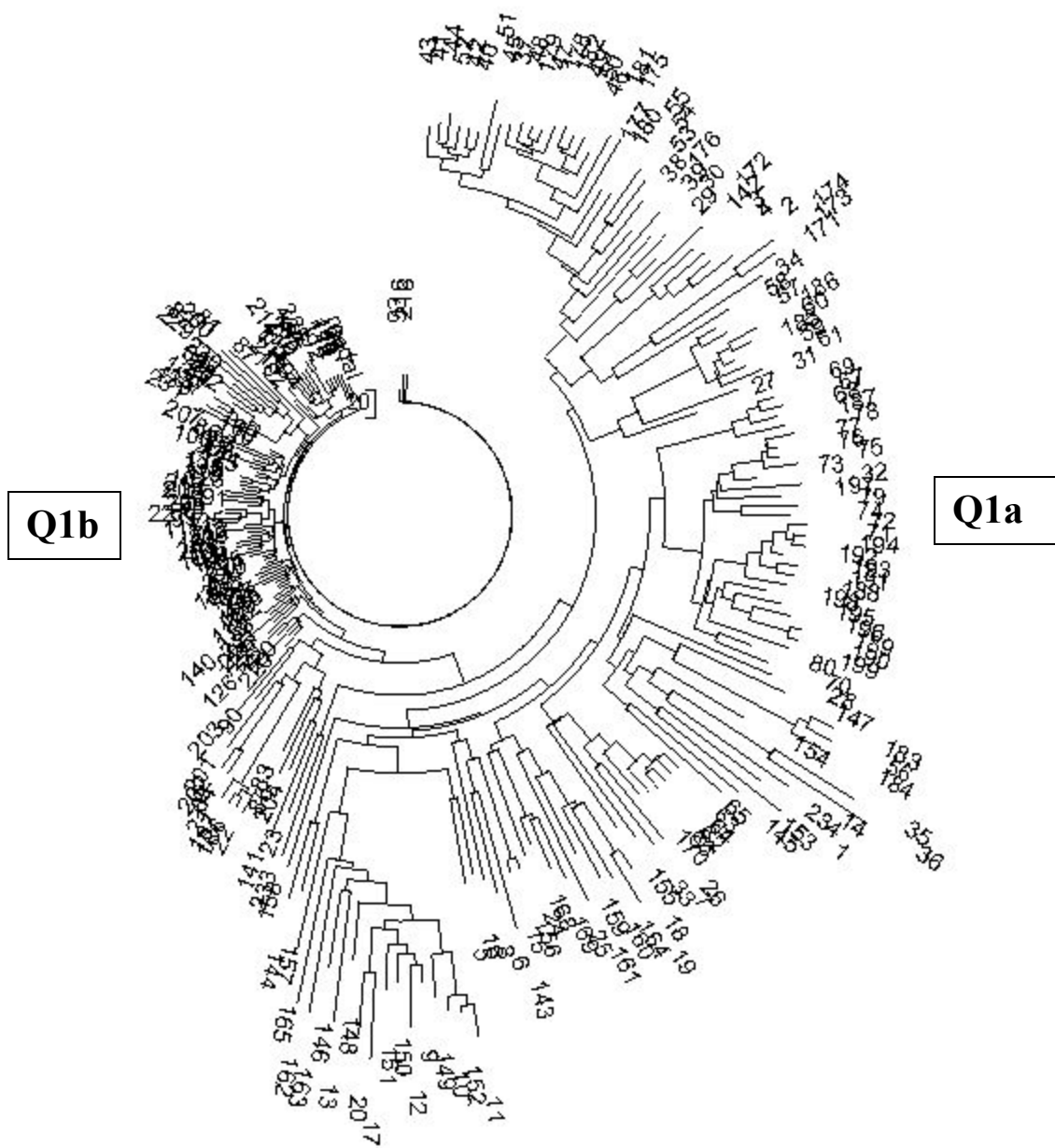


Рис. 24. Дерево из 234 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы Q с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы Q»

http://www.familytreedna.com/public/yDNA_Q/default.aspx?section=yresults

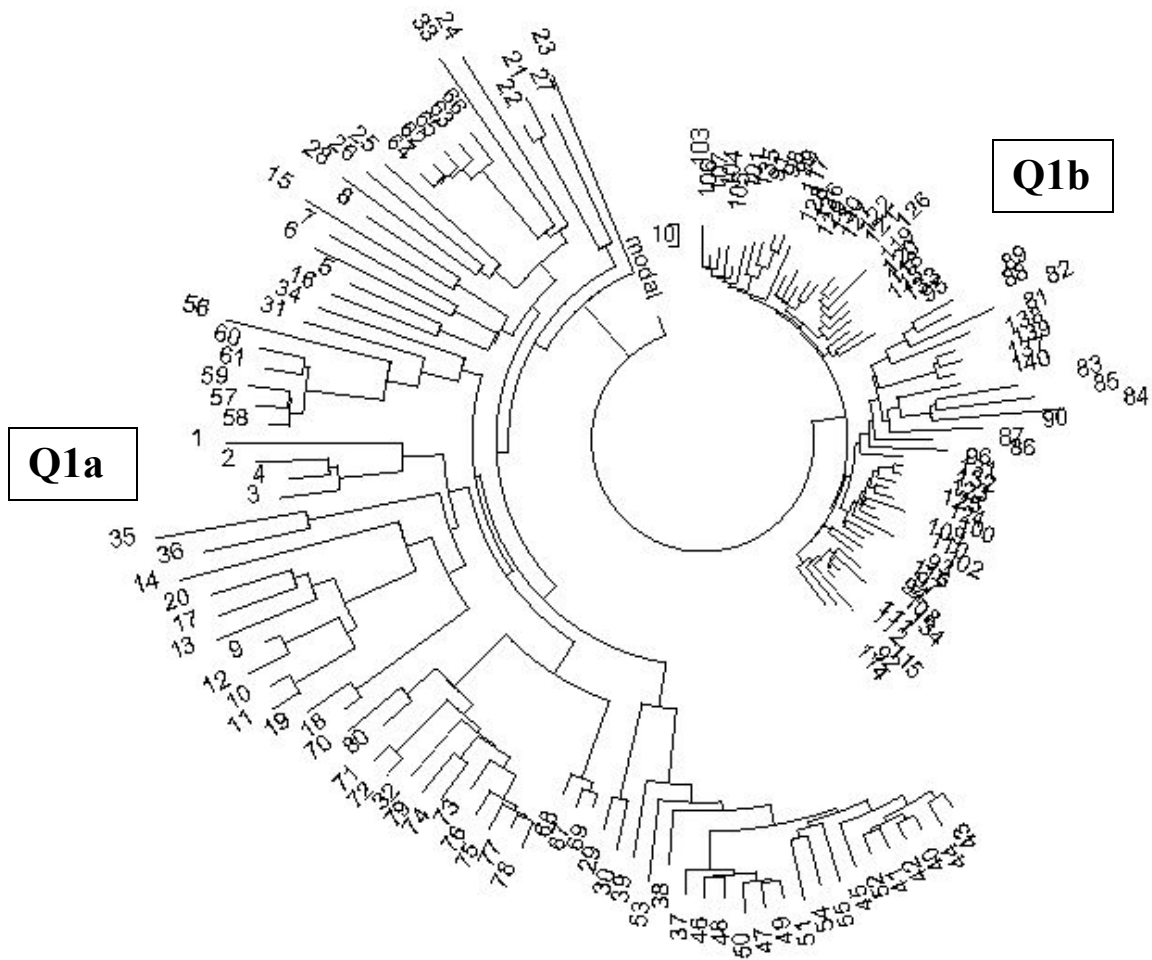


Рис. 25. Дерево из 140 67-маркерных гаплотипов гаплогруппы Q с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы Q» (данные 2010года)

http://www.familytreedna.com/public/yDNA_Q/default.aspx?section=yresults

Базовые гаплотипы (5)-(13) сходятся к базовому гаплотипу субклада (7)

12 12 14 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 11 12 12 8 12 11 11 12 (Q1a3a)

Между ними - 32 мутации, что дает $32/9/0.006 = 593 \rightarrow 652$ поколения, то есть примерно 16,300 лет, плюс усредненный «возраст» базовых гаплотипов, что в итоге дает примерно 18,800 лет до общего предка. Между этими двумя субкладами - пять мутаций, что эквивалентно 23,500 лет между общими предками. В итоге получаем, что общий предок гаплогруппы Q (по

представленным здесь гаплотипам) жил $(23,500+18,800+4,000)/2 = 23,150$ лет назад.

Субклад Q1b1a, как более «молодой», имеет 27 мутаций от своего базового гаплотипа до гаплогруппы А. Субклад Q1a3a имеет 22 мутации (170,500 лет между общими предками). Последняя величина дает $(170,500+85,000+18,000)/2 = 136,750$ лет до общего предка гаплогрупп Q и А. Это – «возраст» альфа-гаплогруппы, всего лишь с 5%-ным отклонением. От базового гаплотипа гаплогруппы В субклад Q1a3a отделяет 14 мутаций, что дает $(84,300 + 46,000 + 18,000)/2 = 74,150$ лет до общего предка этих гаплогрупп. Это – «бета-гаплогруппа» с возрастом $64,000 \pm 6,000$ лет, установленным ранее.

Гаплогруппа R, субклады R1, R1a1, R1b1a2

Субклады R1 и R1a

По данным ISOGG, гаплогруппа R-M207 возникла примерно 27,000 лет назад «в Азии», R1-M173 – 18,500 лет назад («наиболее вероятно в юго-западной Азии»). Датировки «параллельной» гаплогруппы R2 и нижестоящих гаплогрупп R1a и R1b не даются. Этот текст был слово в слово приведен в сводке ISOGG еще в 2009 году, хотя с тех пор в академической литературе появилось немало работ по субкладам гаплогруппы R. Видимо, авторы сводки ISOGG понимают, что либо прогресса в академической литературе по сути не было, либо полученные данные недостоверны. Единственная более-менее общепринятая ISOGG датировка касается уже нижестоящего субклада R1b1a2-M269, возникновение которой относят к 4000-8000 лет назад, в «юго-западной Азии». Где именно в юго-западной Азии – не уточняется. В то же время Юго-Западная Азия по разным классификациям географического районирования – это (а) Аравийский полуостров и Левант (на Ближнем Востоке), или (б) Аравия и Месопотамия, или (в) Малая Азия, Иранское и Армянское нагорья, Левант, Месопотамия и Аравия, или (г) Аравия с прилегающими территориями. Совершенно непонятно, на каком основании зарождение субклада R1b1a2-M269 помещают в те края, тем более с датировкой от 4000 лет назад, когда эта гаплогруппа к тому времени давно была в Европе, 5500 лет назад была в Междуречье (уже потому 4000 лет совершенно безосновательная дата для зарождения R1b1a2), и среди этнических русских она датируется почти 7 тысяч лет назад. (Клёсов, 2009а). Древние предки гаплогруппы R1b1a2 и у башкир. Из Аравии пришли?

Гораздо больше оснований помещать возникновение гаплогруппы R1b в Южную Сибирь, в Алтайско-Синцзяньский регион (Клёсов, 2010с), 16 тысяч лет назад или еще ранее, как показано в настоящем исследовании.

Согласно сводке ISOGG-2011, дерево субкладов гаплогруппы R-R1 (до R1b1a2-M269) выглядит следующим образом (в сокращении):

- R** M207/UTY2, P224, P227, P229, P232, P280, P285, S4, S9, V45
 - **R1** M173, M306, P225, P231, P233, P234, P236, P238, P242, P245, P286, P294
 - • **R1a** L62/M513, L63/M511, L145/M449, L146/M420
 - • • **R1a1** L120/M516, L122/M448, M459, SRY1532.2/SRY10831.2
 - • • **R1b** M343
 - • • • **R1b1** L278, M415, P25
 - • • • • **R1b1a** P297, L320 (бывший V88)
 - • • • • • **R1b1a1** M73, M478
 - • • • • • • **R1b1a2** L265, M269, M520, S3, S10, S13, S17

В проекте «Гаплогруппа R*»

<http://www.familytreedna.com/public/Rasterisk/default.aspx?section=yresults>

приведен всего один гаплотип (из Таджикистана, переведенный здесь в 22-маркерный формат), типированный как R:

11 12 12 - 11 11 - 11 - 11 9 15 15 8 10 8 12 9 12 12 8 12 11 11 13 (R?)

В проекте «гаплогруппа R1*»

<http://www.familytreedna.com/public/R1Asterisk/default.aspx?section=yresults> приведены девять 67-маркерных гаплотипов, типированные как R1, но отнесенные проектом как R1a*-L62 (SRY10831.2 -) которые явно расходятся на две совсем недавние ветви, в одной шесть гаплотипов (все из Англии-Шотландии), в другой три гаплотипа (все из Германии):

12 12 13 - 11 11 - 11 - 11 8 15 16 8 11 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a*, 6 гапл.)

12 12 13 - 11 **12 - 12 - 9** 8 15 16 8 **10** 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a*, 3 гапл.)

Все они имеют DYS392=13, как у древних гаплотипов субклада R1a1 («старая Европейская ветвь»), и как у гаплотипов гаплогруппы R1b. Видимо, это - характеристика вышестоящих субкладов, включая сводную гаплогруппу NOR. На это указывает DYS392=13 в гаплогруппе O, а также DYS392=12 и 14 в гаплогруппе N (см. выше).

В 67-маркерном варианте эти базовые гаплотипы имеют вид:

13 24 14 10 12 12 12 12 12 13 13 29 -- 19 9 9 11 11 24 14 20 30 12 13 15 16 - 11 11 19
22 15 16 18 16 33 39/40 13 11 - 11 8 15 16 8 12 11 8 12 11 12 22 22 15 10 12 12 14 8
14 24 21 13 12 11 12 11 11 12 12

14 23 15 10 12 12 12 12 12 13 13 29 -- 15 9 9 11 12 25 15 20 31 11 12 15 16 - 11 10 19
23 15 16 16 18 36 37 12 12 - 9 8 15 16 8 11 10 8 11 11 12 20 20 16 10 12 12 15 8 12 22
21 13 12 11 13 11 11 12 12

В шести гаплотипах первой ветви 30 мутаций, что дает время до их общего предка $30/6/0.12 = 42 \rightarrow 44$ поколения, или 1100 ± 230 до общего предка. В трех гаплотипах второй ветви всего шесть мутаций, что дает $6/3/0.12 = 17$ поколений, то есть 425 ± 180 лет до общего предка.

Если рассмотреть их 22-маркерные варианты, то между ними 5 мутаций, что дает $5/0.006 = 833 \rightarrow 940$ поколений, то есть 23,500 лет между их общими предками. В таком случае ИХ общий предок жил $(23,500+1100+425)/2 = 12,500$ лет назад (округлено). Это - время жизни европейского общего предка R1a*-L62 (здесь «время жизни», как и ранее в настоящей статье - не продолжительность жизни, а датировка).

Примерно такая же датировка получается при сравнении базового гаплотипа Русской равнины с «возрастом» 4600 лет

12 12 11 - 11 11 - 11 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a, PycP)

и базового гаплотипа «старой Европейской ветви» с возрастом 2600 лет

12 12 **13** -- **10** 11 -- 11 -- 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a1, Old E)

Между ними - три мутации, что разводит их общих предков на 13,400 лет, и помещает ИХ общего предка на $(13,400+4,600+2,600)/2 = 10,300$ лет назад.

Есть еще один вариант проверить полученные результаты - это сравнить показанные выше два гаплотип R1a* с гаплотипом R1a1 Русской равнины:

12 12 **11** - 11 11 - 11 - 11 8 **17 17** 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a, PycP)

12 12 13 - 11 11 - 11 - 11 8 15 16 8 **11** 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a*, 6 гапл.)

12 12 13 - 11 **12 - 12** - **9** 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a*, 3 гапл.)

Между ними соответственно 6 и 9 мутаций, или 28,900 и 47,000 лет, соответственно, а во всей матрице из трех базовых гаплотипов 10 мутаций. Исходя из того, что общий предок гаплотипа R1a1 Русской равнины жил 4600 лет назад, получаем, что общий предок трех указанных базовых гаплотипов жил $10/3/0.006 = 556 \rightarrow 607$ поколений назад, то есть примерно 15,175 лет плюс усредненный возраст всех трех гаплотипов (2040 лет), то есть примерно 17,200 лет назад. В этих расчетах использованы только европейские гаплотипы.

Если же считать попарно (поскольку приведенная выше матрица не является, строго говоря, симметричной), то общий предок базового гаплотипа Русской равнины и первой ветви R1a* жил $(28,900+4,600+1,100)/2 = 17,300$ лет назад, и общий предок со второй ветвью жил $(47,000+4,600+425)/2 = 26,000$ лет назад. Как видно, все эти данные группируются вокруг датировки появления R1a примерно 20 тысяч лет назад, что и было найдено нами ранее (Klyosov, 2009).

Если к приведенным выше трем базовым гаплотипам добавить 22-маркерный гаплотип «старой европейской ветви R1a1», тоже с DYS392=13 (см. выше), то все четыре гаплотипа имеют 14 мутаций от базового гаплотипа

12 12 13 -- 11 11 -- 11 -- 11 8 16 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a)

что дает $14/4/0.006 = 583 \rightarrow 634$ поколения, то есть примерно 15,850 лет плюс 2200 лет (усредненное время до общего предка всех четырех базовых гаплотипов, включая 2600 лет для «старой европейской ветви»), то есть 18,500 лет до общего предка всех приведенных гаплотипов гаплогруппы R1a. Это опять величина, близкая (в пределах 8%) к 20 тыс лет до общего предка гаплогруппы R1a.

В расчетах выше были использованы только современные европейские гаплотипы гаплогруппы R1a. Это, естественно, вовсе не обязательно означает, что общий предок гаплогруппы R1 жил 20 тысяч лет назад непременно в Европе. Это, вполне возможно, потомки носителей R1a, прибывших из Азии в ходе неоднократных миграций за многие тысячелетия. Когда именно гаплотипы гаплогруппы R1a1 появились в Европе – вопрос остается открытым. Известно, что 4600 лет назад они в Европе были (Haak et al, 2008). Тем же временем датируется общий предок гаплогруппы R1a1 на Русской равнине, на «постсоветском пространстве», и среди этнических русских по 12 центральным областям РФ (Клёсов, 2009b; 2011c). В Европе были найдены общие предки гаплотипов R1a с датировками от 7 до 12 тыс лет назад, но поскольку четкие миграционные трассы их пути в Европу пока не выявлены, вопрос о их происхождении

остаётся открытым. Тем не менее, следы древних R1a в Синцяне, Тибете, Индии, Иране, на Ближнем Востоке, и следы древних индоевропейских языков в Анатолии позволяют условно реконструировать этот маршрут и датировать его как минимум 13-10 тысячами лет назад.

Сравним предполагаемый базовый гаплотип гаплогруппы R1a* с базовыми гаплотипами гаплогрупп А и В. Получим 21 мутацию (157,400 лет) и 10 мутаций (53,700 лет) между ними. Это даёт соответственно $(157,400+85,000+20,000)/2 = 131,200$ лет и $(53,700+46,000+20,000)/2 = 59,850$ лет до общего предка гаплогрупп R1a и А, и R1a и В, соответственно. Это «альфа» и «бета» гаплогруппы с хорошей точностью.

12 12 13 -- 11 11 -- 11 -- 11 8 16 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R1a)

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (A)

11 12 11 - 11 11 - 10 - 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (B)

Субклад R1b1

В базах данных удастся найти гаплотипы субклада R1b1-L278 и его нижеследующего субклада R1b1a-L320 (бывшего субклада V88, дерево субкладов см. выше). 41 67-маркерный гаплотип этих двух субкладов (25 и 16 гаплотипов, соответственно) есть в базе данных проекта «R1b1(xP297)». P-297 - это и есть R1b1a-L320.

<http://www.familytreedna.com/public/R1b1Asterisk/default.aspx?section=yresults>

Соответствующее дерево гаплотипов показано на рис. 26.

Базовый гаплотип старшей, левой части дерева, субклада R1b1-L278, имеет следующий базовый гаплотип:

12 13 13 -- 11 11 -- 11 -- 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 11 12 (R1b1)

Он удивительно похож на базовый гаплотип субклада R1a, найденный в предыдущем разделе (мутации показаны):

12 **12** 13 -- 11 11 -- 11 -- 11 8 **16** 16 8 10 8 12 10 12 12 8 **12** 11 11 12 (R1a)

Между ними всего три мутации, что разводит их общих предков на 13,400 лет. Ниже мы покажем, к каким выводам это приводит.



Рис. 26. Дерево из 41 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы R1b1 с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы R1b1»

<http://www.familytreedna.com/public/R1b1Asterisk/default.aspx?section=results>

Показаны субклад R1b1-L278 и R1b1a-L320, бывший V88

16 гаплотипов этого субклада (R1b1-L278) имеют 38 мутаций от показанного базового гаплотипа, что дает $38/16/0.006 = 396 \rightarrow 418$ поколений, то есть $10,450 \pm 2,000$ лет до общего предка.

Базовый гаплотип нисходящей, правой части дерева, субклада R1b1a-L320, имеет следующий базовый гаплотип:

11 12 13 -- 11 **12** -- 11 -- **12** 8 15 16 8 10 8 12 **11** 12 12 8 **12** 11 **12** 12 (R1b1a)

25 гаплотипов этого субклада имеют 52 мутации от показанного выше базового гаплотипа, что дает $52/25/0.006 = 347 \rightarrow 369$ поколений, то есть

9,225±1,600 лет до общего предка. Поскольку на этой ветви три базовых гаплотипа (на вершине дерева), с точно такой же последовательностью, какая показана выше, то имеем $[\ln(25/3)]/0.006 = 353 \rightarrow 375$ поколений, то есть примерно 9,375 лет до общего предка. То, что эти величины (с использованием логарифмического и линейного методов) совпали, свидетельствует о корректности расчетов.

Между этими двумя базовыми гаплотипами (R1b1-L278 и R1b1a-L320) имеется 6.75 мутаций, хотя на вид их там семь. Дело в том, что ряд аллелей являются дробными. Это - DYS426 в R1b1a, в которой 11 мутаций из 25, со средней величиной аллели 11.44 (в гаплотипе показана округленная величина 11), DYS388 в R1b1, со средней величиной аллели 12.75 (показана округленная величина 13), и так далее. Это дает расстояние между общими предками гаплотипов R1b1 и R1b1a $6.75/0.006 = 1125 \rightarrow 1324$ поколения, или 33,100 лет. Таким образом, ИХ общий предок жил $(33,100+10,450+9,375)/2 = 26,500$ лет назад (округлено).

Поскольку общий предок субкладов R1b1 и R1b1a должен быть R1b1, то ясно, что расстояние до общего предка R1b1 $10,450 \pm 2,000$ лет, полученное выше с использованием 16 гаплотипов, является более чем вдвое заниженным. Причина понятна - ограниченность малой выборки гаплотипов.

Как отмечалось выше, между базовыми гаплотипами R1a и R1b1 всего три мутации, что разводит их общих предков на 13,400 лет. Поскольку мы уже знаем, что «возраст» R1a и R1b1 20,000 и 26,500 лет, то ИХ общий предок, предположительно R1, жил $(13,400+20,000+26,500)/2 = 29,950$ лет назад, или округленно 30 тысяч лет назад.

Эта датировка уже хорошо укладывается в хронологию гаплогрупп, поскольку общий предок гаплогруппы R жил предположительно 35 тысяч лет назад, общий предок гаплогруппы P - предположительно 40-45 тысяч лет назад.

Между базовыми гаплотипами субклада R1b1 и A - 23 мутации (184,200 лет), что помещает их общего предка на $(184,200+85,000+10,450)/2 = 139,825$ лет. Это - общий предок «альфа»-гаплогруппы. Между R1b1 и B - 13 мутаций (76,000 лет), что помещает их общего предка на $(76,000+46,000+10,450)/2 = 66,225$ лет. Это - общий предок «бета»-гаплогруппы.

Гаплогруппа R2

Эта гаплогруппа встречается главным образом в Индостане, но также «маркирует» направления древних миграций носителей гаплогрупп R1a и R1b в Европу по «южной дуге» и «северной дуге», соответственно. Из 76 гаплотипов в «Проекте R2» (<http://www.familytreedna.com/public/R2-M124-WTY/default.aspx?vgroup=R2-M124-WTY§ion=yresults>), для которых указано место жизни наиболее отдаленного предка, 23 (30%) относятся к Индии, 13 – к России, Украине и Белоруссии, 8 – к Кувейту, 4 – к Турции, 4 – к Армении, и меньшее количество к Ирану, Йемену, Саудовской Аравии, Сирии, Катару. Одиночные гаплотипы гаплогруппы R2 разбросаны по всей Европе.

По данным ISOGG-2011, дерево субкладов гаплогруппы R2 (с привязкой к гаплогруппе R и параллельно к гаплогруппе R1) показано ниже:

- R** M207/UTY2, P224, P227, P229, P232, P280, P285, S4, S9, V45
 - **R1** M173/P241, M306/S1, P225, P231, P233, P234, P236, P238, P242, P245, P286, P294
 - **R2** M479
 - **R2a** L266, M124, P249, P267
 - **R2a1** L295
 - **R2a1a** L294

По данным ISOGG, гаплогруппа R-M207 возникла примерно 27,000 лет назад «в Азии», R1-M173 – 18,500 лет назад («наиболее вероятно в юго-западной Азии»). Датировки «параллельной» гаплогруппы R2 и нижестоящих гаплогрупп R1a и R1b не даются (см. комментарий выше). Для приблизительной оценки временного соотношения между этими гаплогруппами достаточно взглянуть на базовые 22-маркерные гаплотипы субкладов R, R1, R2, R1a и R1b, и их ветвей

11 12 12 – 11 11 – 11 – 11 9 15 15 8 10 8 12 9 12 12 8 12 11 11 13	(R, single)
12 12 13 – 11 11 – 11 – 11 8 15 16 8 11 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1, ветвь)
12 12 13 – 11 12 – 12 – 9 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1, ветвь)
12 12 10 – 11 11 – 11 – 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 13	(R2)
12 12 11 – 11 11 – 11 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1a, PycP)
12 12 13 – 11 11 – 12 – 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1b1a2, Ев)

Здесь “РусР” означает «Русская равнина», это – базовый гаплотип современных гаплотипов гаплогруппы R1a1 «постсоветского пространства». Это же – базовый гаплотип большинства европейских ветвей гаплогруппы R1a1. “Ев” означает «Европа», это – базовый гаплотип субклада R1b1a2-M269 и его субкладов, выраженных в основном в Европе.

Эти шесть базовых гаплотипов имеют 24 мутации от их базового гаплотипа, видимо, гаплогруппы R

12 12 13 – 11 11 – 11 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12 (R?)

что дает $24/6/0.006 = 667 \rightarrow 18,300$ лет плюс усредненный возраст всех базовых гаплотипов (примерно 4,000 лет) до ИХ общего предка, то есть примерно 22,300 лет.

Этот расчетный базовый гаплотип всего на три мутации отличается от базового гаплотипа гаплогруппы Q, найденного выше:

12 12 **14** – 11 11 – 11 – 11 8 15 **17** 8 10 8 12 **11** 12 12 8 12 11 11 12 (Q)

и, следовательно, они приближаются по структуре к базовому гаплотипу Р, предположительно, следующему:

12 12 **12** – 11 11 – 11 – 11 8 15 **17** 8 10 8 12 **10** 12 12 8 12 11 11 12 (P)

Он на 21 мутацию (157,400 лет) отличается от базового гаплотипа гаплогруппы А, и на 11 мутаций (60,700 лет) – от базового гаплотипа гаплогруппы В. Если принять, что общий предок гаплогруппы Р жил 40 тысяч лет назад, то имеем $(157,400+85,000+40,000)/2 = 141,200$ лет до общего предка гаплогрупп А и Р, и $(60,700+46,000+40,000)/2 = 73,350$ лет до общего предка гаплогрупп В и Р. Это – «альфа» и «бета» гаплогруппы, соответственно.

В этом разделе мы покажем, как был получен базовый гаплотип для гаплогруппы R2 и проведена датировка времени жизни общего предка доступных для анализа гаплотипов.

На рис. 27 и 28 приведены деревья гаплотипов гаплогруппы R2, построенные по данным «Проекта R2», в 49- и 22-маркерных форматах. Базовый гаплотип всего дерева в 49-маркерном формате следующий:

14 23 14 10 12 12 11 14 10 – 18 11 11 27 16 19 32 – 10 11 15 15 17 17 12 11 -- 11 8 8
10 10 8 11 10 14 10 12 12 15 8 12 25 21 12 12 11 14 11 12 13 12

В 22-маркерном формате базовый гаплотип всего дерева следующий:

12 12 10 - 11 11 - 11 - 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 13 (R2)

Это, естественно, те же аллели, которые показаны выше в 49-маркерном базовом гаплотипе. Общее число мутаций по всему дереву равно 112, что дает $112/57/0.006 = 327 \rightarrow 342$, то есть 8550 ± 1200 лет до общего предка. Это в принципе не противоречит оценке возраста гаплогруппы R2, проведенной «поперек всего дерева» по коротким 9-маркерным гаплотипам, и оказавшейся примерно 7300 лет (Клёсов, 2009с).

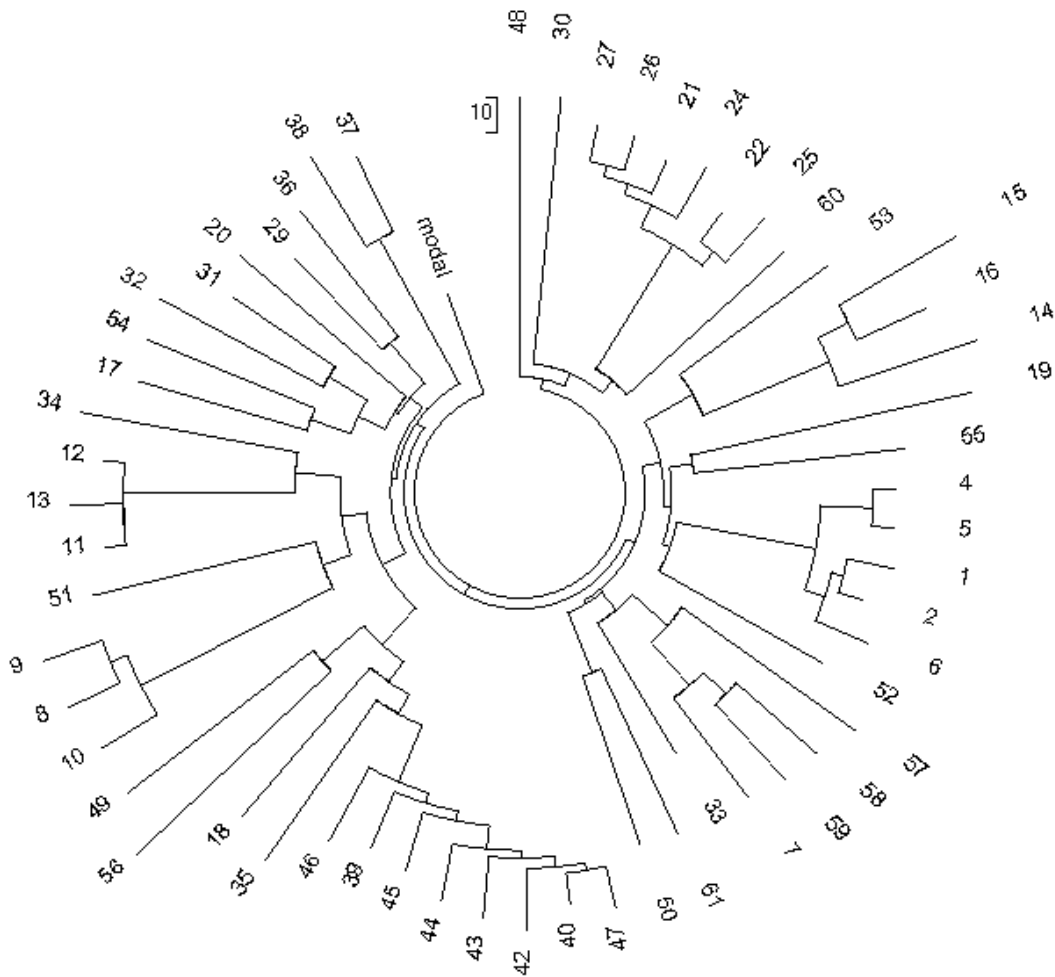


Рис. 27. Дерево из 57 49-маркерных гаплотипов гаплогруппы R2 с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы R2» <http://www.familytreedna.com/public/R2-M124-WTY/default.aspx?vgroup=R2-M124-WTY§ion=yresults>

Как видно, 22-маркерное дерево значительно упрощено по сравнению с 49-маркерным. В нем – шесть основных базовых гаплотипов, образующих свои ветви. Перечислим их.

(1) 12 12 10 – 11 11 – 11 – 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 13 (R2)

Это – базовый гаплотип всего дерева, соответствующий 12 базовым гаплотипам на вершине дерева. Такой же базовый гаплотип был получен выше при минимизации мутаций по всему дереву.

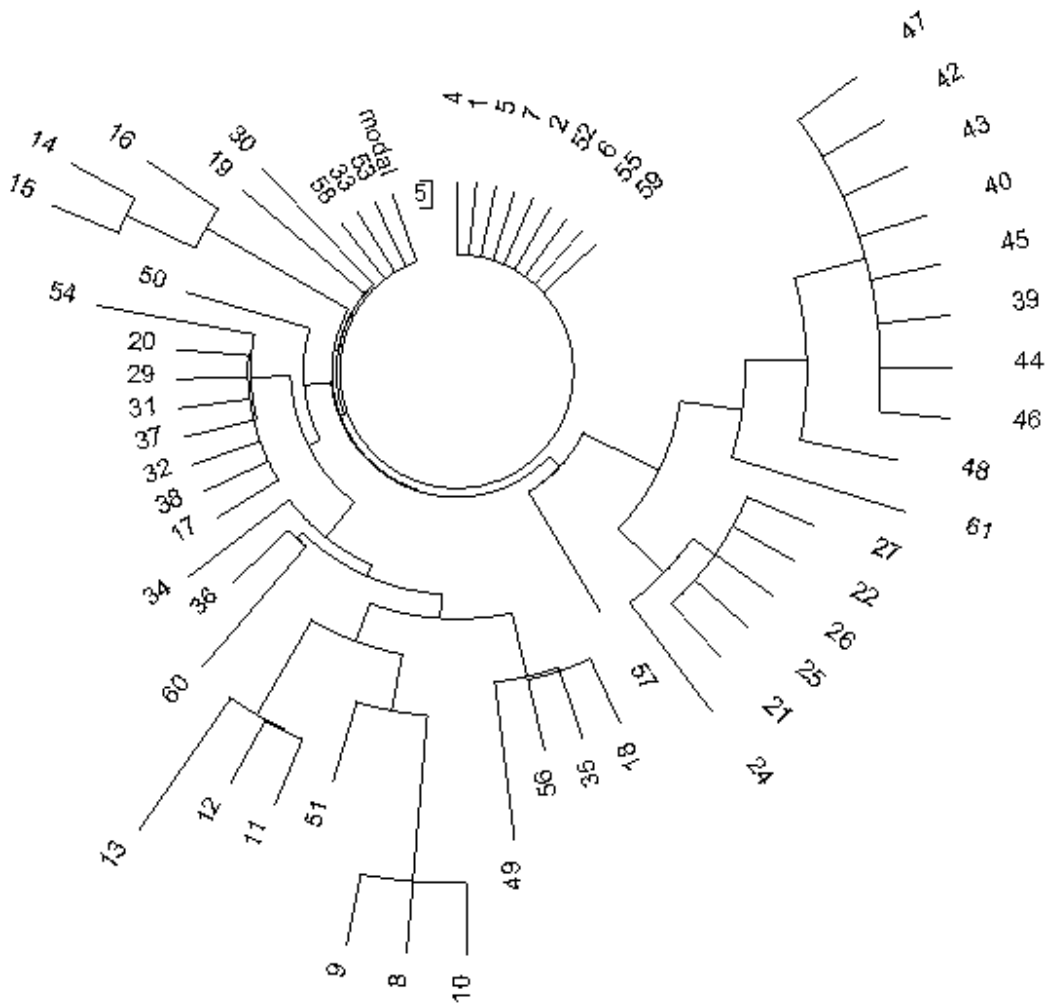


Рис. 28. Дерево из 57 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы R2 с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных «проекта гаплогруппы R2» <http://www.familytreedna.com/public/R2-M124-WTY/default.aspx?vgroup=R2-M124-WTY§ion=yresults>

В следующей (по часовой стрелке) ветви на 22-маркерном дереве – два базовых гаплотипа:

- (2) 12 12 10 – 11 11 – 11 – 11 8 **17** 17 8 10 8 12 **9** 12 12 8 12 11 **11** 13
- (3) 12 12 10 – 11 11 – 11 – 11 8 **16** 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 13

В следующей широкой ветви еще три базовых гаплотипа:

- (4) 12 12 10 – 11 11 – 11 – 11 8 15 17 8 10 8 12 **9** 12 12 8 12 11 **11** 13
- (5) 12 **13** 10 – 11 11 – 11 – 11 8 15 17 8 **11** 8 12 **11** 12 12 8 12 11 **11** **14**
- (6) 12 **13** 10 – 11 11 – 11 – 11 8 15 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 13

Во всех шести гаплотипах 13 мутаций от базового, что дает $13/6/0.006 = 361 \rightarrow 383$ поколения, то есть примерно 9,575 лет, плюс усредненный «возраст» всех шести базовых гаплотипов, примерно равный 1400 лет, что помещает общего предка примерно на 11 тысяч лет назад.

Как видно, определение «возраста» общего предка «поперек ветвей» дало в данном случае значительное занижение, 8550 ± 1200 лет до общего предка по сравнению с более корректной величиной 11 тысяч лет.

Сопоставление с базовыми гаплотипами гаплогрупп А и В дает для гаплогруппы R2 23 мутаций (184,200 лет) и 11 мутаций (60,700 лет) , соответственно. Это помещает общих предков гаплогрупп А и R2 на $(184,300+85,000+ 11,000)/2 = 140,150$ лет и $(60,700+46,000+11,000)/2 = 58,850$ лет, соответственно. Это – «альфа» и «бета» гаплогруппы.

Гаплогруппа Т

Эта гаплогруппа – одна из наименее изученных. Она была сначала названа гаплогруппой K2, затем переименована (в 2008 году), и в 2011 году помещена под сводную гаплогруппу LT на дерево гаплогрупп (см. ниже). Дата образования гаплогруппы Т в сводке ISOGG отсутствует. Указано, что гаплогруппа Т найдена в небольших количествах по всей Европе, и местами на Ближнем Востоке, и в северной и западной Африке.

Позиция гаплогруппы Т на дереве остается неустойчивой. В классификации ISOGG за 2009 год она находилось в самом конце дерева (показана только нижняя часть дерева гаплогрупп, в сокращенном виде)

- **NOP** rs2033003
- • **NO** M214, P188, P192, P193, P194, P195
- • • **N** M231
- • • **O** M175, P186, P191, P196
- • **P** 92R7, M45, M74/N12, P27.1/P207, P69, P226, P228, P230, P235, P237
- • • **Q** M242
- • • **R** M207, M306/S1, P224, P227, P229, P232, P280, P285, S4, S8, S9
- **S** M230, P202, P204
- **T** M70, M184/USP9Y+3178, M193, M272

Само дерево гаплогруппы Т в 2009 году было весьма бедным:

- **T** M70, M184/USP9Y+3178, M193, M272
- • **T1** **M320**
- • **T2** P77
- • **T3** L131

В 2010 году произошли изменения, но гаплогруппа Т оставалась в конце дерева:

- **MNOPS** M526
- • **M** P256
- • • **NO** M214, P188, P192, P193, P194, P195
- • • • **N** M231
- • • • **O** M175, P186, P191, P196
- • **P** 92R7, M45, M74/N12, P27.1/P207, P69, P226, P228, P230, P235, P237
- • • **Q** M242
- • • **R** M207, M306/S1, P224, P227, P229, P232, P280, P285, S4, S8, S9,
- • **S** M230, P202, P204
- **T** M70, M184/USP9Y+3178, M193, M272

Дерево гаплогруппы Т в 2010 году несколько дополнилось:

- **T** L206, M70, M184/USP9Y+3178, M193, M272
- • **T1** **M320**
- • **T2** L162
- • • **T2a** L208
- • • • **T2a1** P77
- • **T3** L131

В 2011 году гаплогруппу Т перенесли ближе к началу дерева:

- **K** M9, P128, P131, P132
 - **LT** L298/P326
 - **L** M11, M20, M22, M61, M185
 - **T** L206, M184/USP9Y+3178, M193, M272, Page129
 - **K(xLT)** M526 (formerly MNOPS)
 - **M** P256, Page93
 - **NO** M214, P188, P192, P193, P194, P195
 - **N** M231, Page56
 - **O** M175, P186, P191, P196
 - **P** 92R7, L138, L268, M45, M74/N12, P27.1/P207, P69, P226, P228
 - **Q** M242
 - **R** M207, P224, P227, P229, P232, P280, P285, S4, S9, V45
 - **S** M230, P202, P204

Дерево Т1 опять перетасовали, и переименовали субклады (см. ниже). Исчезли субклады Т2 и Т3, их переименовали как Т1а1 и Т1b, Т2а1 стало Т1а1b, и так далее. Но главное для целей настоящего исследования – что гаплогруппу Т перенесли значительно ближе к началу дерева. Мы к этому вернемся позже.

Дерево субкладов гаплогруппы Т в сводке ISOGG за 2011 год показано следующим образом (с некоторыми сокращениями дублирующих снипов):

- **T** L206, M184//USP9Y+3178, M193, M272, Page129
 - **T1** M70, Page78
 - **T1a** L162, L299
 - **T1a1** L208
 - **T1a1a** M320
 - **T1a1b** P77
 - **T1a1c** P330
 - **T1a1d** P321
 - **T1a1d1** P317
 - **T1b** L131
 - **T1b1** P322, P328
 - **T1b1a** P327

В списке гаплотипов проекта FTDNA (<http://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-K2/default.aspx?section=yresults>) подавляющее число гаплотипов показаны как принадлежащие субкладу Т1, но это определенно не так, как показано

ниже в данном исследовании. Просто многие из этих гаплотипов оказались «недотипированы», то есть нисходящие снипы или не определяли, или не знали, как их определять.

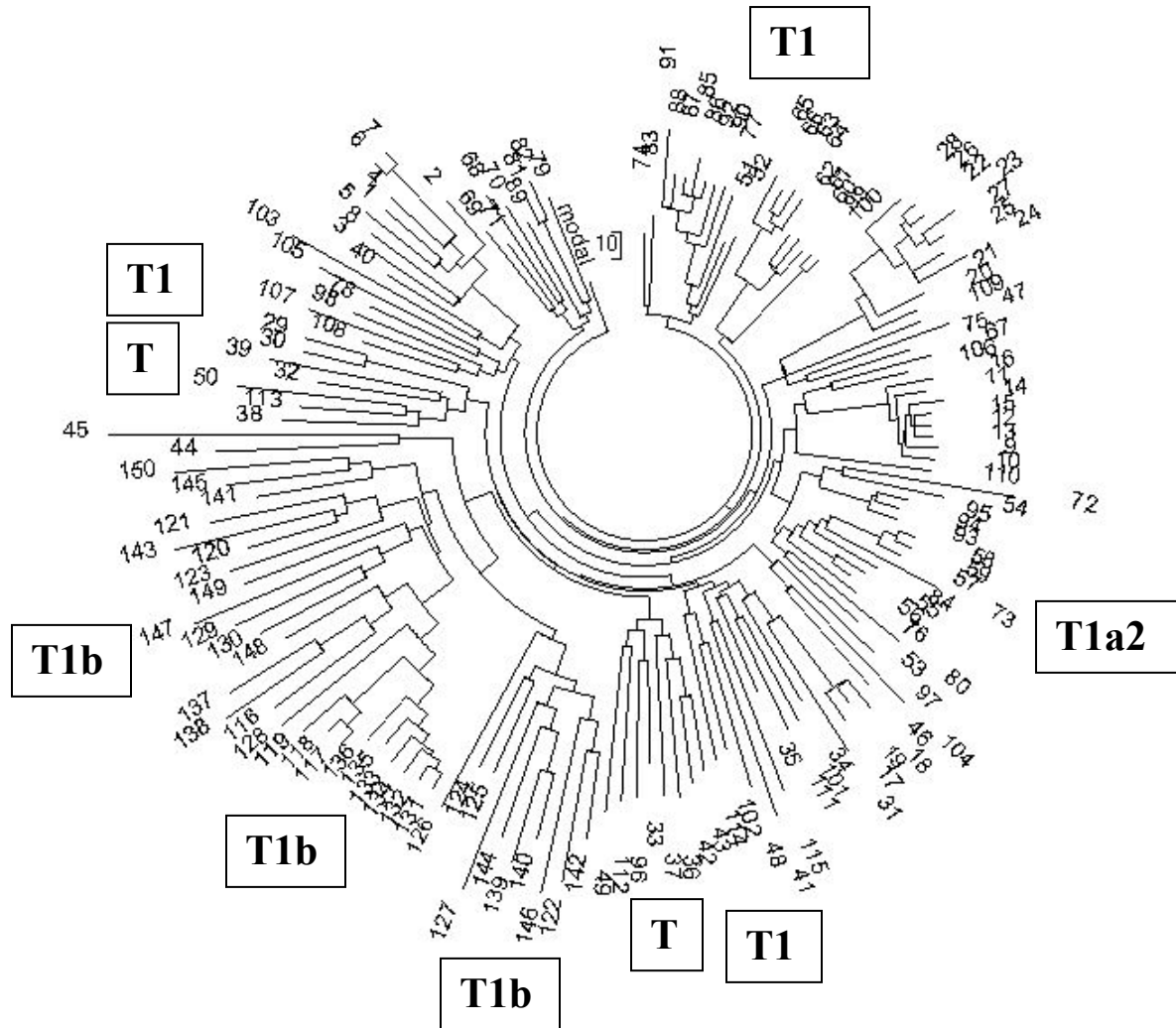


Рис. 29. Дерево из 150 49-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных (<http://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-K2/default.aspx?section=yresults>). Отмечены субклады гаплогруппы. Гаплотипы 51-56, 59, 63 и 68 отмечены в базе данных как Т1а2; 116, 119, 121, 122, 124-130, 135, и 139 как Т1b; 141 как Т1b1; 32 и 36 как Т. Остальные – как Т1.

Для описания гаплотипов гаплогруппы Т нами здесь опять использована, помимо 22-маркерной, и 49-маркерная панель, в которой «сцепленные»

локусы, склонные к палиндромным мутациям, отсутствуют. Эта 49-маркерная панель описана в работе (Klyosov, 2011), соответствующая константа скорости мутации равна 0.0080 мутаций на гаплотип на условное поколение (25 лет).

Видно, что деревья на рис. 29 и 30 не являются «симметричными», и ветви происходят от разных предков. Поэтому обработка числа мутаций по всему дереву, без разделения на ветви, приведет лишь к «фантомному» «общему предку». Можно только гадать, в какой степени полученная таким образом величина TSCA (time span to a common ancestor) будет близка или далека от действительного времени жизни общего предка дерева, и мы к этому вопросу еще вернемся. Но ошибка в 20-40% здесь вполне ожидаема. Впрочем, иногда и такая ошибка не помеха для оценки временного расстояния до общего предка популяции. Взглянем, к чему это приведет.

Для 49-маркерных гаплотипов «суммарный» базовый гаплотип следующий:

13 23 14 10 11 12 11 14 13 – 17 11 13 26 14 19 34 – 10 10 15 14 16 17 11 9 -- 11 8 8 11
10 8 12 9 17 10 12 12 15 8 11 23 19 15 11 12 13 10 11 12 11

Во всех 150 гаплотипах имеется 2617 мутаций от данного базового гаплотипа, что дает $2617/150/0.08 = 218 \rightarrow 278$ поколений, то есть 6950 ± 710 лет до общего предка. Мы понимаем, что эта величина скорее всего занижена, но уже ясно, что общий возраст гаплогруппы T по данной выборке не очень велик.

Чтобы убедиться в том, что эта величина «фантомная», и если так, то в какой степени, сделаем проверку по логарифмическому критерию. Он заключается в том, что для любой серии маркеров из выборки должно выполняться соотношение $n/N = \ln(N/m)$, где n – число мутаций в серии маркеров, N – число гаплотипов в серии, m – число немутированных гаплотипов в серии. Например, для первых девяти маркеров в серии (это соответствует 12-маркерной панели, поскольку из нее в 49-маркерных гаплотипах изъяты DYD385a,b и DYS389-2) число мутаций в 150 гаплотипах равно 380, а число немутированных гаплотипов равно 20. Получаем $380/150 = 2.533$, и $\ln(150/20) = 2.015$. «Нестыковка» между линейным и логарифмическим методами составляет 26%.

Это означает, что общий предок в данной серии из 150 гаплотипов не один, и время 6950 ± 710 лет до него – всего лишь грубое приближение.

Взглянем на 22-маркерные гаплотипы.

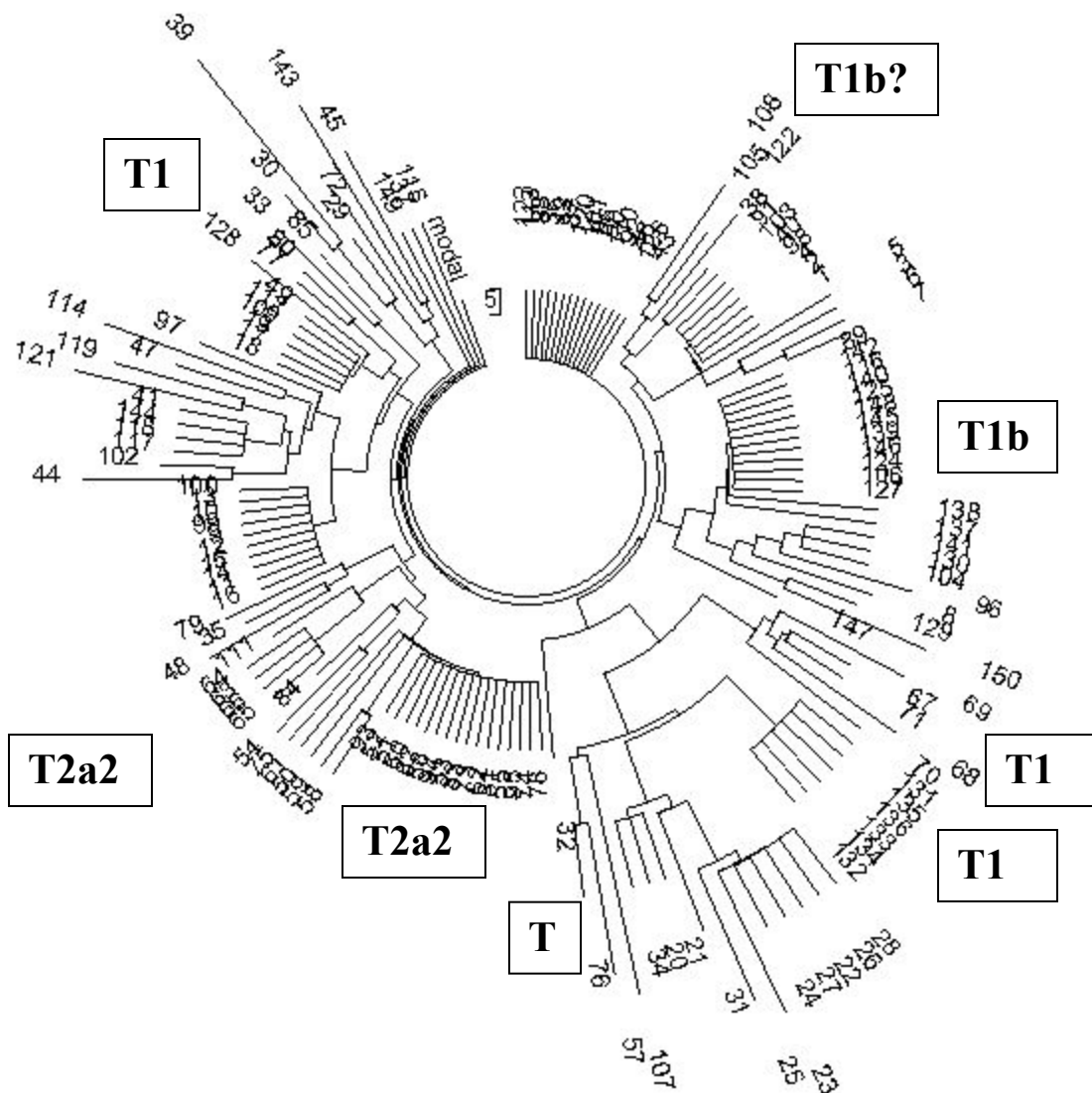


Рис. 30. Дерево из 150 22-маркерных гаплотипов гаплогруппы Т с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных (<http://www.familytreedna.com/public/Y-Haplogroup-K2/default.aspx?section=yresults>). Отмечены субклады гаплогруппы. Гаплотипы 51-56, 59, 63 и 68 отмечены в базе данных как T1a2; 116, 119, 121, 122, 124-130, 135 и 139 как T1b; 141 как T1b1; 32 и 36 как T (последний находится среди базовых гаплотипов на вершине дерева). Остальные – как T1.

Ветви в 22-маркерном дереве более четко выражены, чем в 49-маркерном дереве, хотя здесь наиболее четко выделяется только одна ветвь, справа

внизу. Ясно, что в списке из 150 гаплотипов многие гаплотипы «недотипированы». Почти все они (125 гаплотипов из 150) обозначены как принадлежащие гаплогруппе T1, хотя из дерева очевидно, что многие из них относятся к ветвям T1b, T1a2, и, видимо, к другим субкладам.

Опять, «поперек» всего дерева, без разделения на ветви, суммарный базовый гаплотип всех 150 22-маркерных гаплотипов выглядит следующим образом:

11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

Все 150 гаплотипы имеют по отношению к данному базовому гаплотипу 270 мутаций, что дает $270/150/0.006 = 300 \rightarrow 315$ поколений, то есть 7875 ± 920 лет до общего предка. Технически, это равно в пределах погрешности времени 6950 ± 710 лет для 49-маркерных гаплотипов, что указывает на относительную приемлемость расчетов. Проверим по логарифмическому методу. На первых шести маркерах в 150 22-маркерных гаплотипах (что соответствует первым 37 маркерам для 67-маркерных гаплотипов) имеется 90 мутаций, и из 150 гаплотипов 86 остаются немутированными на этих шести маркерах. Это дает $90/150 = 0.600$ и $\ln(150/86) = 0.556$, то есть разница только 8%. На всех 22 маркерах 150 гаплотипов имеют 270 мутаций и 15 немутированных, что дает $270/150 = 1.8$ и $\ln(150/15) = 2.3$. Это дает 300 и 383 поколений, или 7875 ± 290 и $10,125 \pm 2,800$ лет, соответственно. Технически, это находится в пределах погрешности расчетов, вызванных малым количеством (пятнадцать) базовых гаплотипов дерева. Так что в первом приближении можно считать, что у всего показанного здесь дерева гаплогруппы T1 был один общий предок, который жил примерно 10 тысяч лет назад, плюс-минус 2-3 тысячи лет.

Рассмотрение гаплотипов гаплогруппы T по ветвям

Дерево 22-маркерных гаплотипов на рис. 30 показывает, что в нем имеется не менее 12 базовых гаплотипов ветвей и субкладов, часть которых являются вторичными, подчиненными ветвями, входящими в предположительный субклад. Эти базовые гаплотипы следующие (указаны те, в которые входят не менее трех одинаковых гаплотипов в 22-маркерном формате; напомним, что всего одна мутация в них разводит общих предков двух базовых гаплотипов в среднем на 4250 лет [Клёсов, 2011a]), по часовой стрелке на рис 30 сверху:

(1) 11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

На дереве имеется 15 таких базовых гаплотипов (предположительно гаплогруппы T1), и общий предок дерева, имеющий указанный гаплотип, жил примерно 10 тысяч лет назад (см. выше). Один из двух гаплотип на дереве, типированных как T (номер 36 на дереве) имеет вид

11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

то есть точно такой же, как базовый гаплотип всего дерева. Он может быть мутирован, но при столь «медленной» панели гаплотипов не мог уйти далеко по мутациям. Другой гаплотип (номер 32) типированный как T, имеет вид

11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 **7** 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

Он отличается от номера 36 только на одну мутацию (отмечено).

Переходим к следующей ветви.

(2) 11 12 **14** - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

Это – базовый гаплотип одной подветви ветви предположительно субклада T1b (см. рис. 30). Их шесть на дереве гаплотипов, и этот базовый гаплотип отличается всего на одну мутацию (отмечено) от базового гаплотипа предположительно субклада T1 (см. выше). Это – всего 4250 лет разницы между общими предками двух указанных субкладов. Всего в ветви 15 гаплотипов, которые расходятся на три отдельные ветви – базовую (шесть гаплотипов), выше ее на дереве на рис. 30 из пяти гаплотипов (которая в свою очередь состоит из двух миниветвей в два и три гаплотипа), и ниже ее из четырех гаплотипов. Если считать без разделения на ветви, что определенно занизит «возраст» общего предка, то во всех 15 гаплотипах имеются 22 мутации от базового гаплотипа. Это даст $22/15/0.006 = 244 \rightarrow 251$ поколений, или 6275 ± 1500 лет до общего предка. Если же считать более корректно, по мини-ветвям, с учетом мутационных расстояний между ними, то получится, что обе подветви (выше и ниже серии базовых гаплотипов на рис. 30) появились 3325 лет назад, и их базовые гаплотипы отстоят на две мутации (8700 лет) между ними, что дает $(8700+3325+3325)/2 = 7675$ лет до общего предка. Это – одна половина двойной ветви субклада T1b на дереве на рис. 30 (правая сторона дерева гаплотипов).

(3) 11 12 13 - 11 **12** - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

Номер (3) – базовый гаплотип второй подветви ветви субклада T1b, ниже по часовой стрелке (см. рис. 30). Этот базовый гаплотип отличается опять всего на одну мутацию (отмечено) от базового гаплотипа предположительно

субклада T1 (см. выше). Всего в ветви 22 гаплотипа, которые расходятся на две основные ветви – базовую (12 гаплотипов) и примыкающие к ним два гаплотипа (137 и 138), и ниже ее подветвь из восьми, три из которых одинаковые (отмечено отличие от первой подветви T1b):

11 12 **14** – 11 12 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

Расчеты показали, что 12 базовых гаплотипов представляют молодую подветвь с «возрастом» всего примерно в 600 лет, и она является дочерней от следующей за ней подветвью, в которой на восемь гаплотипов приходится 9 мутаций, что дает $9/8/0.006 = 188 \rightarrow 196$ поколений, то есть примерно 4900 лет до общего предка. Поскольку между этими двумя подветвями только одна мутация (4250 лет между их общими предками), то ИХ общий предок жил $(4250+600+4900)/2 = 4875$ лет назад. Это и есть возраст нижней подветви субклада T1b (округленно, 4900 лет).

Теперь мы можем определить возраст общего предка для всех гаплотипов субклада T1b по доступной выборке. Мы имеем два базовых гаплотипа (двух основных подветвей субклада)

11 12 14 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

11 12 14 – 11 **12** – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

с возрастом примерно 7675 лет и 4875 лет, и одной мутацией между ними (4250 лет). Получаем, что ИХ общий предок жил $(4250+7675+4875)/2 = 8400$ лет назад.

Пока все складывается непротиворечиво: общий предок субклада T1 жил примерно 10 тысяч лет назад, и его нижеследующего субклада T1b – 8400 лет назад. Их вероятные базовые гаплотипы

11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 (T1)

11 12 **14** – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 (T1b)

и ИХ общий предок жил примерно $(10,000+8,400+4250)/2 = 11,300$ лет назад (округленно). Поскольку погрешность в последней величине не меньше 2 тысяч лет, то, действительно, субклад T1 и есть предок субклада T1b. Цель этого простого расчета и была показать, что полученные датировки не противоречат друг другу.

Следующая подветвь из пяти гаплотипов отдельно стоящая, и ее два базовых гаплотипа

4) 11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 **18 9** 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

имеют две мутации от базового гаплотипа T1 и три мутации от T1b.

Это, скорее всего, отдельный субклад гаплогруппы T. Все пять гаплотипов имеют всего три мутации от своего базового, что помещает их общего предка на $3/5/0.006 = 100$ поколений, то есть 2500 лет назад. Поскольку их отделяет две мутации от T1, это дает $(8700+10000+2500)/2 = 10600$ лет до ИХ общего предка. Это – сам субклад T1, а неидентифицированная ветвь может относиться к субкладу T1a (см. выше дерево субкладов гаплогруппы T).

Следующая ветвь (на 5 часов на рис. 30) из 20 гаплотипов содержит три базовых гаплотипа (сверху вниз по часовой стрелке):

- 5) 11 12 13 – 11 **12** – 9 – 11 8 **16** 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12
- 6) 11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 **16** 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 **11** 11 **9**
- 7) 11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 **16** 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 **11** 11 12

Весьма вероятно, что это отдельный субклад, не идентифицированный при типировании гаплотипов. Как видно, у его базовых гаплотипов есть характерны признаки (выделены выше), и сами базовые гаплотипы отстоят от 2 до 5 мутаций от T1, и на 4-7 мутаций от предполагаемого субклада T1a. Напомним, что пять мутаций между базовыми гаплотипами – это 23,500 лет между их общими предками, а семь мутаций – 34,600 лет. То есть мы сейчас выходим на значительно более древних общих предков.

Дистанция в две мутации между шестью базовыми гаплотипами (5) и базовым гаплотипом T1 помещает ИХ общего предка на $(8700+10000)/2 = 9400$ лет назад (округлено). Дистанция в 4 мутации между шестью базовыми гаплотипами (5) и базовым гаплотипом предположительно T1a помещает ИХ общего предка на $(18300+2500)/2 = 10400$ лет назад (округлено). Похоже, что этот базовый гаплотип (5) может быть просто относительно недавней ветвью субклада T1, или другим субкладом того же возраста, что и T1.

Базовый гаплотип (6) в составе подветви из восьми гаплотипов (пять из которых являются базовыми) приводит к 10 мутациям, что дает $10/8/0.06 = 208 \rightarrow 215$ поколений, то есть 5375 ± 1800 лет до общего предка. Но пять мутаций от T1 дает $(23,500+5,375+10,000)/2 = 19,400$ лет до ИХ общего предка. Аналогично, семь мутаций от (предполагаемого) базового гаплотипа T1a дают $(34,600+5,375+2,500)/2 = 21,200$ лет до ИХ общего предка. Это – одна и та же величина в пределах погрешности расчетов. Возможно, это и есть общий предок гаплогруппы T.

Следующая ветвь на дереве на рис. 30 – на 7-8 часов – субклада T1a2. Сначала идет серия из 16 базовых гаплотипов

8) 11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 **11** 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

всего на одну мутацию отличающихся от базового гаплотипа T1, в составе ветви из 23 гаплотипов, состоящей из двух разных по величине ветвей. Ветвь, в которую входят все базовые гаплотипы, содержит 6 мутаций, что дает $6/20/0.006 = 50$ поколений, то есть 1250 лет от общего предка ветви.

Соседние три гаплотипа имеют базовый гаплотип

11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 12 8 **12** 10 12 12 **6/8** 11 12 11 **13**

(отмечены три мутации [13,400 лет] от соседней ветви, см. выше) с семью мутациями от него. Это дает $7/3/0.006 = 389 \rightarrow 411$ поколений, то есть $10,275 \pm 4,000$ лет до общего предка. Их общий предок с соседней ветвью T1a2 жил $(13,400 + 10,275 + 1,250)/2 = 12,500$ (округленно) лет назад. Этот базовый гаплотип пока не пронумерован (он получил порядковый номер 13 в конце раздела), поскольку на дереве он в явном виде не присутствует. Это – расчетный базовый гаплотип.

Далее в том же субкладе T1a2 идут четыре базовых гаплотипа

9) 11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 **11** 8 12 10 12 12 8 11 12 **12** 12

отличающихся на две мутации от базового гаплотипа T1 (отмечено выше), и всего лишь на одну мутацию (отмечено ниже) от предыдущих 16 базовых гаплотипов T1a2 (8)

(8) 11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 11 8 12 10 12 12 8 11 12 **11** 12 (T1a2)

С ними в ветви находится еще один гаплотип (номер 111 на рис. 30) всего с одной мутацией, что дает для ветви из пяти гаплотипов $1/5/0.006 = 33$ поколения, то есть 825 ± 825 лет до общего предка. Наконец, в замыкающей подветви из трех гаплотипов субклада T1a2 (35, 48 и 79) на все три приходится 2 мутации, что дает 111 поколений, то есть 2775 ± 1980 лет до общего предка.

Поскольку у двух последних подветвей погрешность определения очень велика (100% и округленно 70%, соответственно), проверим расчеты с использованием 49-маркерных гаплотипов. Пять гаплотипов (63-66 и 111) первой подветви имеют 24 мутации от их базового гаплотипа, что дает $24/5/0.08 = 60 \rightarrow 64$ поколения, то есть 1600 ± 360 лет до общего предка. Это

намного точнее, чем 825 ± 825 лет, но величина та же в пределах погрешности. Последние три гаплотипа в 49-маркерном формате (35, 48 и 79) имеют 23 мутации от базового гаплотипа, что дает $23/3/0.08 = 96 \rightarrow 107$ поколений, то есть 2675 ± 620 лет до общего предка. Разницы практически никакой с величиной, определенной по 22-маркерным гаплотипам (2775 ± 1980 лет), только в последнем случае намного больше погрешность определения.

Это все дочерние ветви от общего предка субклада T1a2, который жил примерно 12,500 лет назад, и имел базовый гаплотип

11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 **12** 8 12 10 12 12 8 11 12 11 **13** (T1a2)

Продолжим рассмотрение ветвей, продвигаясь далее по часовой стрелке вдоль дерева на рис. 30. В состав следующей довольно большой и составной ветви слева на дереве входят три серии базовых гаплотипов, из 10, 4 и 6 базовых гаплотипов:

- 10) 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 **13** 11 12
- 11) 11 12 13 - 11 **12** - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 **11** 11 12
- 12) 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 **11** 11 12

По мутациям видно, что все они - производные базового гаплотипа субклада T1, отошедшие от него на одну-две неупорядоченных мутации:

11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 (T1)

Первая серия (номер 10 выше) из десяти базовых гаплотипов (9-16, 99, 100) образует отдельную подветвь, она очень «молодая», поскольку не содержит мутированных гаплотипов. В формате 22-маркерных гаплотипов ее возраст - меньше 4250 лет, поскольку 4250 лет есть временная дистанция, соответствующая одной мутации. Действительно, в 49-маркерном формате там всего 45 мутаций на десять гаплотипов, то есть на 490 маркеров, что дает $45/10/0.08 = 56 \rightarrow 60$ поколений, то есть 1500 ± 270 лет до общего предка.

Вторая серия (11) в составе четырех базовых гаплотипов входит в состав ветви из 11 гаплотипов, которая имеет суммарно 16 мутаций. Это дает $16/11/0.006 = 242 \rightarrow 249$ поколений, то есть 6225 ± 1700 лет до общего предка. Поскольку ее базовый гаплотип отличается на три мутации (13,400 лет) от предыдущих, с которыми все 21 гаплотип образуют отдельную подветвь, то общий предок этой двойной подветви жил $(13,400 + 1500 + 6225)/2 = 10,600$ лет назад. Если мы не будем учитывать возраст как 1500 лет подветви из 10 базовых гаплотипов (в 22-маркерном формате), рассчитанный из 49-маркерных гаплотипов, и технически будем считать его нулю (поскольку в

22-маркерном формате мутаций в них нет), то получим $(13,400+0+6225)/2 = 9,800$ лет назад, что почти то же самое в контексте настоящего исследования. Округленно, общий предок этой подветви жил 10 тысяч лет назад.

Третья серия (12) в составе шести базовых гаплотипов входит в состав ветви из 11 гаплотипов, которая имеет суммарно всего 6 мутаций. Это дает $6/11/0.006 = 91$ поколение, то есть 2275 ± 960 лет до общего предка. Поскольку ее базовый гаплотип отличается на две мутации (8700 лет) от предыдущей двойной ветви (с возрастом 10 тысяч лет назад), то общий предок всех трех подветвей жил $(8,700+10,000+2,275)/2 = 10,500$ (округленно) лет назад. То есть мы опять приходим к тому же общему предку, по видимому, субклада T1. Видимо, его прямые потомки входят в самую последнюю подветвь этой большой составной ветви. В ней нет базовых гаплотипов по причине ее древности. В ней – шесть гаплотипов, содержащих 16 мутаций от вычисленного базового гаплотипа

11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12

Это и есть базовый гаплотип T1. Общий предок жил $16/6/0.06 = 444 \rightarrow 473$ поколения, то есть $11,825 \pm 3,200$ лет назад.

Итак, нами по базовым гаплотипам и по отрывочным и неполным данным по отнесению некоторых гаплотипов к определенным субкладам в проекте FTDNA, выявлено и датировано (по имеющимся в распоряжении данным) четыре субклада:

11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12	(T1)
11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 12 8 12 10 12 12 8 11 12 11 13	(T1a2)
11 12 13 – 11 13 – 9 – 11 8 16 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 9	(?)
11 12 14 – 11 13 – 9 – 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12	(T1b)

с соответствующими «возрастами» 11,825, 12,500, 10,000 и 8,400 лет (погрешности приведены выше). Все четыре базовых гаплотипа имеют 9 мутаций от предполагаемого предкового гаплотипа (который в данном случае совпадает с T1, оставшимся немутированным), что соответствует $9/4/0.006 = 375 \rightarrow 397$ поколений, то есть 9,925 лет вглубь от усредненного «возраста» всех четырех базовых гаплотипов (10,700 лет). Сумма этих величин составляет 20,600 лет назад (округленно). Эта величина уже появлялась при расчетах выше, как 19,400 лет и 21,200 лет назад, что одно и то же в пределах погрешности расчетов (средняя величина всех трех равна $20,400 \pm 900$ лет). Видимо, 20 тысяч лет и есть возраст общего предка гаплогруппы T по имеющимся в нашем распоряжении гаплотипам.

Можно рассмотреть еще один метод расчета, приняв все 13 базовых гаплотипов за основу:

- | | | |
|-----|--|--------|
| 1) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 | (T1) |
| 2) | 11 12 14 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 | (T1b) |
| 3) | 11 12 13 - 11 12 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 | |
| 4) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 18 9 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 | |
| 5) | 11 12 13 - 11 12 - 9 - 11 8 16 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 | |
| 6) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 16 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 11 9 | (?) |
| 7) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 16 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 11 12 | |
| 8) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 11 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12 | |
| 9) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 11 8 12 10 12 12 8 11 12 12 12 | |
| 10) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 13 11 12 | |
| 11) | 11 12 13 - 11 12 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 11 12 | |
| 12) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 11 11 12 | |
| 13) | 11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 12 8 12 10 12 12 8 11 12 11 13 | (T1a2) |

Интересно, что предковым гаплотипом для всех 13 базовых гаплотипов является T1, верхняя строка. Все остальные гаплотипы мутировали от него. Либо он на самом деле и является основным гаплотипом гаплогруппы T, и должен именоваться T, но филогенетики напутали с классификацией, либо истинный гаплотип T не дожил до нашего времени. Но последний вариант не проходит по меньшей мере по двум причинам. Во-первых, если он не дожил, то остальные базовые все равно должны сходиться к нему. Например, гаплотип «альфа»-гаплогруппы не дожил, но именно к нему сходятся базовые гаплотипы дерева гаплогрупп (Клёсов, 2011a). Во-вторых, среди 150 гаплотипов в списке гаплогруппы T есть два, типированных как гаплогруппа T (номера 32 и 36 на рис. 29 и 30), и один из них совпадает с базовым гаплотипом (1) субклада T1 и находится среди базовых гаплотипов T1 на вершине дерева на рис. 30. Второй отличается только на одну мутацию. Аналогично, в базе данных YSearch имеется несколько 67- и 37-маркерных гаплотипов, обозначенных как типированных T, и гаплотип 2GVKW (Мексика) полностью совпадает в 22-маркерном формате с базовым гаплотипом T1 (верхняя строка выше) [отмечен как возможный еврей из Испании], равно как и два 37-маркерных гаплотипа (7GGGF и YRZC6) полностью совпали в первых шести маркерах 22-маркерного гаплотипа (это всё, что позволяют 37-маркерные гаплотипы) с тем же базовым гаплотипом T1.

Возвращаясь к 13 базовым гаплотипам выше, все они имеют 22 мутации от базового (гаплогруппы T1), что дает $22/13/0.006 = 282 \rightarrow 296$ поколений, то есть 7400 лет вглубь от усредненного «возраста» всех 13 базовых гаплотипов. Эта величина фактически представляет возраст всего дерева гаплотипов, и была рассчитана выше как 6950 ± 710 для 49-маркерных гаплотипов, 7875 ± 920

и 10,125 лет для 22-маркерных гаплотипов (линейный и логарифмический метод), причем было отмечено, что эти величины несколько занижены из-за некоторой несимметричности дерева, и принята величина примерно 10 тысяч лет (или несколько выше). Сумма этих величин составляет примерно 17,400 лет или несколько выше. Это близко к величине возраста гаплогруппы Т 20,400±900 лет, рассчитанной выше.

Итак, мы пришли к выводу, что базовый гаплотип гаплогруппы Т1 (по современной классификации) является предковым по отношению к выборке из 150 гаплотипов гаплогруппы Т, и возраст этого базового гаплотипа примерно 10 тысяч лет. Однако базовые гаплотипы дерева сходятся к тому, что общий предок гаплогруппы Т жил примерно 20 тысяч лет назад, и он имел тот же 22-маркерный базовый гаплотип, что и субклад Т1 по современной классификации.

Расположение гаплогруппы Т на дереве гаплогрупп

Как отмечалось в начале данного раздела, позиция гаплогруппы Т на дереве гаплогрупп ISOGG остается неустойчивой. В классификации ISOGG за 2009 год оно находилось в самом конце дерева (см. диаграмму выше) показана только нижняя часть дерева гаплогрупп). В 2010 году произошли изменения, но гаплогруппа Т оставалась в конце дерева (см. диаграмму выше). В 2011 году гаплогруппу Т перенесли ближе к началу дерева (см. диаграмму выше). Дерево Т1 опять перетасовали, и переименовали субклады. Исчезли субклады Т2 и Т3, их переименовали как Т1a1 и Т1b, Т2a1 стало Т1a1b, и так далее. Но главное для целей настоящего исследования – что гаплогруппу Т перенесли значительно ближе к началу дерева.

Проверим, согласуется ли это с базовыми гаплотипами.

Основным критерием расстояния гаплогруппы от основания дерева гаплогрупп является число мутаций их базовых гаплотипов от базовых гаплотипов в нижней части дерева гаплогрупп. Так, для базовых гаплотипов в 22-маркерном формате, гаплогруппы В, С, F, F3 и I2 каждая отстоит от гаплогруппы А на 18 мутаций. Гаплогруппы Е и D2a отстоят от А на 17 мутаций каждая. Гаплогруппы G, H, J, N, R отстоят от гаплогруппы А уже на 22-24 мутации, гаплогруппы О и Q – на 26-27 мутаций, гаплогруппа Т – на 27-30 мутаций. Это отражает дистанцию от гаплогруппы А как самих гаплогрупп, так и их субкладов, в том числе и относительно недавних, но тенденция очевидна.

Подавляющее большинство субкладов гаплогруппы Т отстоят от гаплогруппы А на 27-30 мутаций (!), в том числе субклады Т1 (29 мутаций), Т1b (30 мутаций), как и другие десять базовых гаплотипов ветвей гаплогруппы Т. Это никак не согласуется с относительно близким расстоянием на лестнице гаплогрупп, куда передвинули специалисты ISOGG гаплогруппу Т в 2011 году (см. выше). В то же время эта столь рекордная дистанция гаплогруппы Т от гаплогруппы А полностью согласуется с происхождением их обеих от «альфа»-гаплогруппы, которая возникла примерно 130 тысяч лет назад (Клёсов, 2011а), и в настоящей работе уточнена как $136,000 \pm 9,000$ лет. Проверим это.

27-30 мутаций между двумя 22-маркерными базовыми гаплотипами соответствует $27/0.006 = 4500 \rightarrow 6400$ поколений, то есть 160,000 лет между общими предками, и $30/0.006 = 5000 \rightarrow 7444$ поколений, то есть 186,000 лет между общими предками. Примем этот диапазон. Поскольку общий предок гаплогруппы А жил 85,000 лет назад, гаплогруппы Т1 (от базового гаплотипа которого велся счет) – примерно 10 тысяч лет назад, то общий предок обеих гаплогрупп жил между $(160,000 + 85,000 + 10,000)/2 = 128$ тысяч лет назад, и $(186,000 + 85,000 + 10,000)/2 = 140$ тысяч лет назад. Если за время начала гаплогруппы Т мы примем 20 тысяч лет назад, то соответствующий диапазон сместится всего немного, и станет 133-150 тысяч лет назад. Это и есть время жизни общего предка «альфа»-гаплогруппы, видимо, «хромосомного Адама».

Обратимся к базовому гаплотипу гаплогруппы В. Поскольку он образован значительно ближе к нашему времени (46,000 лет назад), чем гаплогруппа А (85,000 лет назад), но является потомком «бета»-гаплогруппы (64 тыс лет назад), базовые гаплотипы гаплогрупп отстоят от базового гаплотипа гаплогруппы В на меньшую дистанцию, чем от гаплогруппы А. Примеры – гаплогруппы С и G – на 8 мутаций, Е и J1 – на 9 мутаций, F3, I2, N1b, R1a* – на 10 мутаций, H1, J2, P, R2 – на 11-12 мутаций, L, N1c1, O, Q, R1b1, R1b1a2, T – на 13-16 мутаций.

Подавляющее большинство субкладов гаплогруппы Т отстоят от гаплогруппы В на 13-16 мутаций, в том числе субклады Т1 (15 мутаций), Т1b (16 мутаций), и другие десять базовых гаплотипов ветвей гаплогруппы Т. Это опять не согласуется с относительно близким расстоянием гаплогруппы Т на лестнице гаплогрупп к основанию дерева гаплогрупп. В то же время эта столь большая дистанция гаплогруппы Т от гаплогруппы В полностью согласуется с происхождением их обеих от «бета»-гаплогруппы, которая возникла $64,000 \pm 6,000$ лет назад (Клёсов, 2011а). Проверим это.

13-16 мутаций между двумя 22-маркерными базовыми гаплотипами соответствует 76,000-102,000 лет между общими предками. Примем этот

диапазон. Поскольку общий предок гаплогруппы В жил 46,000 лет назад, гаплогруппы Т1 (от базового гаплотипа которого велся счет) – примерно 10 тысяч лет назад, то общий предок обеих гаплогрупп жил между $(76,000+46,000+10,000)/2 = 66$ тысяч лет назад, и $(102,000+46,000+10,000)/2 = 79$ тысяч лет назад. Это и есть время жизни общего предка «бета»-гаплогруппы в пределах погрешности расчетов.

Сопоставим базовые гаплотипы гаплогруппы Т с самыми молодыми гаплогруппами на дереве – R1a1 и R1b1a2 на Русской равнине и в Европе, соответственно:

12 12 11 - 11 11 - 11 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1a, РусР)
12 12 13 - 11 11 - 12 - 11 9 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 11 12	(R1b1a2, Ев)
11 12 13 - 11 13 - 9 - 11 8 17 17 8 10 8 12 10 12 12 8 11 12 11 12	(Т1)

Сходство базового гаплотипа субклада Т1 (и других субкладов гаплогруппы Т1) с R1a1 и R1b1a2 сразу становится очевидным, особенно в последней панели базовых гаплотипов, и особенно гаплогрупп R1a1 и Т1 (различающиеся аллели выделены).

Гаплогруппу Т и R1a1 разделяет по их базовым гаплотипам всего 9 мутаций. Это – минимальное расстояние по всему дереву гаплогрупп. Дистанция Т и гаплогруппы R1b1a2 по базовым гаплотипам – 11 мутаций. Таким образом, место гаплогруппы Т - в верхней части дерева гаплогрупп.

9 мутаций с гаплогруппой R1a1 – это 47000 лет между их общими предками. В таком случае общий предок гаплогрупп Т и R1a1 жил примерно $(47000+5000+10000)/2 = 31,000$ лет назад. Это – примерное время гаплогруппы R, но такая картина не согласуется с современными представлениями о филогенетике гаплогрупп R и Т. Но и филогенетика не согласуется с видом базовых гаплотипов гаплогрупп. Ясно, что специалистам ее нужно внимательно рассмотреть, и, возможно, внести коррективы. Гаплогруппа Т определенно не вписывается в существующее дерево гаплогрупп после серии передвижек 2009-2011 гг.

В заключение отметим, что усреднение всех 21 расчетных данных времен до общих предков «альфа» и «бета» гаплогрупп, полученные при сопоставлении расстояний между всеми базовыми гаплотипами гаплогрупп всего дерева гаплотипов и базовыми гаплотипами гаплогрупп А и В дали следующие величины:

Общий предок «альфа»-гаплогруппы жил $136,000 \pm 9,000$ лет назад,
 Общий предок «бета»-гаплогруппы жил $64,000 \pm 6,000$ лет назад.

Обе гаплогруппы, по-видимому, не африканского происхождения, и гаплотипы, которые сходились бы к ним напрямую, пока не выявлены. От «альфа»-гаплогруппы отошли гаплогруппы А и В, они мигрировали в Африку соответственно 85 и 46 тысяч лет назад. От «альфа»-гаплогруппы произошла «бета»-гаплогруппа, которая прошла бутылочное горлышко популяции 64,000±6,000 лет назад. Возможно, это было результатом катастрофического извержения вулкана Тоба 72 тысячи лет назад. От выживших представителей бета-гаплогруппы произошло современное население Земли, кроме африканского населения.

Литература

- Клёсов, А.А. (2009а) О неправомерном отнесении сибирских гаплотипов R1a1 к представителям курганной археологической культуры. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, № 5, 871-878.
- Клёсов, А.А. (2009b) Гаплотипы восточных славян: девять племен? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, № 2, 232-251.
- Клёсов, А.А. (2009с) Расчет времени жизни общих предков гаплогруппы R2 в Индии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 2, № 5, 891-895.
- Клёсов, А.А. (2010а) Какая гаплогруппа была у Авраама – J1 или J2? Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 2, 168-186.
- Клёсов, А.А. (2010b) Гаплогруппа О и ее субклады в Азии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 12, 2070-2083.
- Клёсов, А.А. (2010с) Гаплогруппа R1b1 и ее субклады в Азии. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 3, № 10, 1676-1695.
- Клёсов, А.А. (2011а) ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 1). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 5, 988-1014.
- Клёсов, А.А. (2011b) Расчеты численных значений констант скоростей мутаций самых медленных 22 маркеров 67-маркерной панели. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 5, 968-987.

Клёсов, А.А. (2011с) Биологическая химия как основа ДНК-генеалогии и зарождение молекулярной истории. Биохимия, 76, № 5, 636-653.

Лутак, С.В. и Клёсов, А.А. (2009) Гаплогруппа E1b1b1a (M78) – современные потомки древних египтян. Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), т. 2, №4, 252-348.

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

Klyosov, A.A. (2011) Haplotypes of R1b1a2-P312 and related subclades: origin and “ages” of most recent common ancestors. Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, v.4, No. 6, 1127-1195.

Архаичная (архантропная в терминах антропологии) линия гаплогруппы А

А.А. Клёсов и И. Л. Рожанский

В предыдущей статье данного выпуска (Клёсов, 2011a) и в недавней статье (Клёсов, 2011b) были идентифицированы базовые гаплотипы субкладов A1a и A3b гаплогруппы А, которые вместе с одиночным гаплотипом (N14468 на рис. 1 ниже), типированным в базе данных как «гаплогруппа А», в 22-маркерном формате имеют вид:

12 10 11 - 7 13 - 8 - 10 8 15 17 6 10 9 12 13 11 16 8 13 11 11 12 (A1a)

12 **11** 11 - **9 11 - 10 - 10 9 12 12 7** 10 **8 0** 13 11 16 **10 14 9** 11 **11** (A3b)

12 13 10 - 10 11 - 10 - 11 8 15 15 8 9 8 0 10 9 14 8 12 8 11 12 (A)

Здесь не случайно приведено выражение «по имеющимся в наличии гаплотипам», потому что по мере появления новых и новых гаплотипов данные будут уточняться, а по мере уточнения и ревизоваться. Это – нормальный путь развития науки. То же и в антропологии, упомянутой в названии этой статьи – по мере появления новых находок картина уточняется и ревизуется.

Одиночный гаплотип, указанный как «А», может относиться к любому субкладу гаплогруппы А, то есть быть «недотипированным». Это – обычное дело при тестировании гаплотипов, когда часто определяется, или даже только предсказывается основная гаплогруппа. Все имеющиеся в наличии гаплотипы гаплогруппы А расходятся по трем ветвям, очень отличающихся друг от друга по мутациям. Например, первые два базовых гаплотипа выше (субклады A1a и A3b) расходятся на 25 мутаций, причем большая часть – на крайне медленной, последней панели, причем и там – местами на несколько (до пяти) мутаций в одном маркере. Более детальные расчеты по всем гаплотипам определили, что общий предок гаплогруппы А жил 85 тыс лет назад. Точнее, это не общий предок гаплогруппы А, а общий предок по имеющимся в наличии гаплотипам гаплогруппы А, хотя это не меняет последующих рассмотрений и расчетов в цитированной работе. Анализ последующих субкладов и их базовых гаплотипов показал, что неафриканские гаплотипы не сводятся к гаплогруппе А, а их корни уходят

к неидентифицированной до последнего времени «бета»-гаплогруппе давностью 64,000±6,000 лет, которая в свою очередь образовалась от «альфа»-гаплогруппы давностью 136,000±9,000 лет, от которой и отошла независимо гаплогруппа А, которая сейчас проявляется в Африке с общим предком 85,000 лет назад.

Все это, повторяем, картина «на сегодняшний день». Общий предок выявленных и рассмотренных (имеющихся в наличии, как правило, в проектах FTDNA) гаплотипов жил 136,000±9,000 лет назад, общий предок двух субкладов (африканской) гаплогруппы А жил 85 тысяч лет назад, общий предок (африканской) гаплогруппы В жил 46,000 лет назад, Все неафриканские гаплогруппы и африканская гаплогруппа В произошли от «бета»-гаплогруппы 64,000±6,000 лет назад, и африканские гаплогруппы А и В эволюционировали независимо от неафриканских гаплогрупп. Когда на самом деле образовались гаплогруппа А – мы не знаем, потому что многие ее ветви (возможно, самые древние в том числе) определенно прошли бутылочные горлышки популяции и их потомков нет среди нас, поэтому гаплотипы недоступны. Только ископаемые гаплотипы-гаплогруппы смогут внести больше ясности в этот вопрос.

Более детальные поиски по базам данных, в том числе и среди гаплотипов других форматов позволили найти еще три гаплотипа гаплогруппы А, которые явно не вписываются в три приведенных выше 22-маркерных группы. Это – два гаплотипа в 43-маркерном формате базы данных SMGF

(1) 13 19 16 10 15 17 **13 11** 12 13 **12 30** – 16 8 9 **10 11** 24 12 21 32.2 13 15 15 18 --
12 9 16 18 15 12 **16** 12 19 12 13 12 15 10 13 12 31 20

(2) 13 20 14 11 15 18 **12 12** 13 13 **14 29** – 17 9 9 **11 12** 21 16 19 32 14 14 14 14 --
10 10 19 20 15 10 **14** 11 15 11 11 9 17 10 15 11 28 26

принадлежащие жителям западного Камеруна, и один из проекта FTDNA (гаплотип N64496), но в неполном, 37-маркерном формате

(3) 13 19 16 10 16 17 **13 11** 12 13 **12 30** – 16 8 9 **10 11** 24 12 21 32 12 15 15 18 --
11 9 16 18 15 15 14 18 36 36 12 **16**

Здесь выделены аллели 22-маркерной «медленной» панели. Видно, что гаплотипы (1) и (3) почти идентичны, и в первых 25 маркерах различаются всего на две мутации, что соответствует приблизительно 550 годам до общего предка. Эти – типичный случай для африканских гаплотипов, которые образуют разбросанные серии недавних популяций, прошедших бутылочное горлышко, а скорее вывезенных рабами в 16-17 вв из Африки. В таких случаях абсолютный «возраст» этих ветвей неинформативен для

описания африканских популяций, но сопоставление их базовых гаплотипов уже информативно, особенно сопоставление особенно медленно мутирующих маркеров (в частности, 22-маркерной панели).

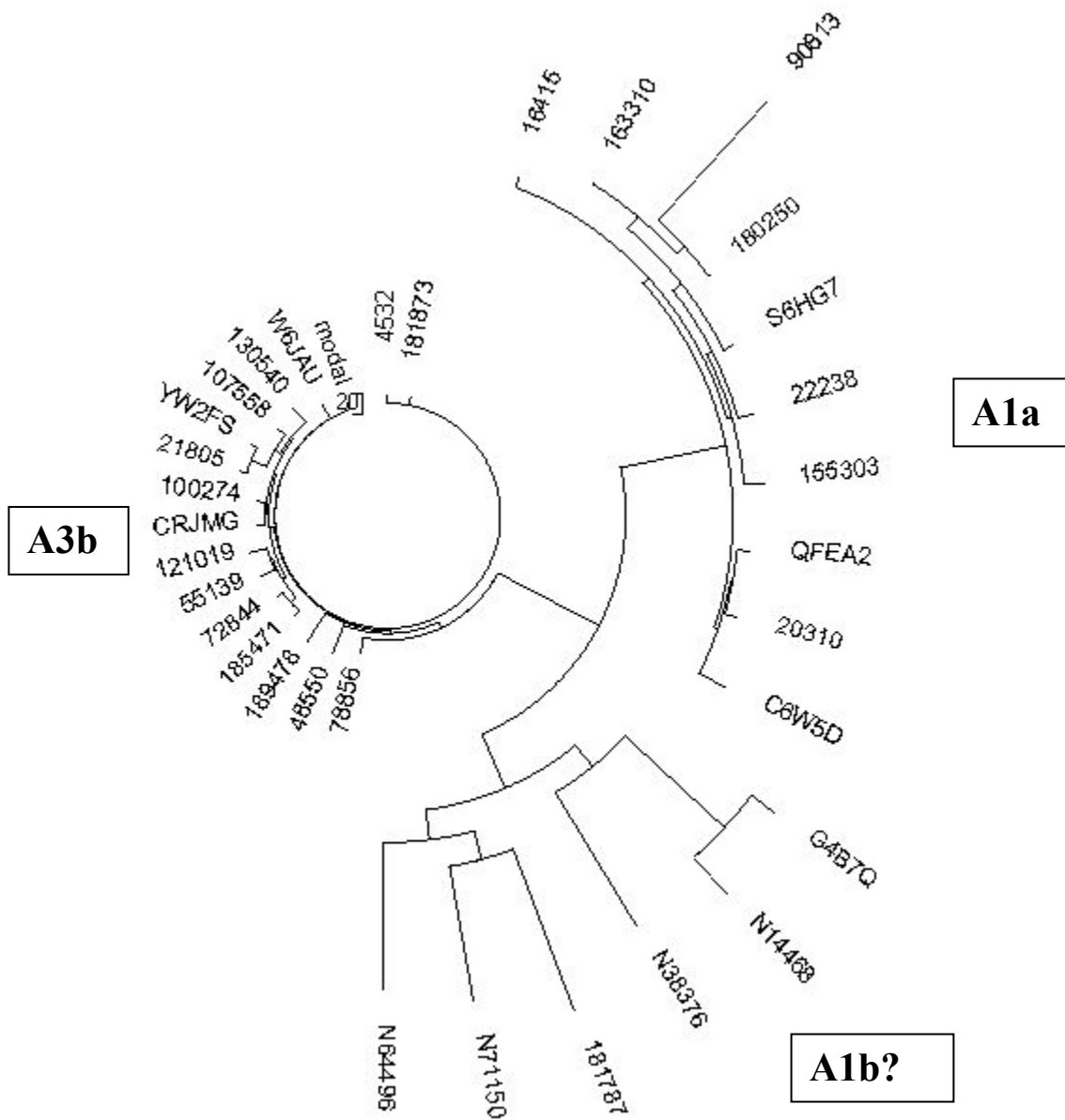


Рис. 1. Дерево из 32 37-маркерных гаплотипов гаплогруппы А с субкладами. Гаплотипы взяты из базы данных YSearch и «африканского проекта» FTDNA (<http://www.familytreedna.com/publicwebsite.aspx?vgroup=African.DNAProject§ion=yresults>). Отмечены предположительные субклады гаплогруппы.

И вот здесь, при этом сопоставлении, обращает на себя внимание огромное расхождение в некоторых аллелях гаплотипов в левой нижней части дерева на рис. 1, условно обозначенной как субклад А, или, возможно, А1b. Вот как выглядят их первые шесть аллелей 22-маркерной панели гаплотипов (только в одном случае все 22 аллели были определены):

12 13 10 - 10 11 - 10 - 11 8 15 15 8 9 8 0 10 9 14 8 12 8 11 12	(N14468)
12 13 10 - 10 11 - 10	(G4B7Q)
12 12 11 - 10 11 - 11	(N38376)
11 11 12 - 10 12 - 10	(181787)
12 12 14 - 11 12 - 14	(N71150)
13 11 12 - 10 11 - 16	(N64496)
13 11 12 - 10 11 - 16	(SMGF-1)
12 12 14 - 11 12 - 14	(SMGF-2)

К указанным шестеркам аллелей добавлены еще две из базы данных SMGF). Видно, что здесь две подгруппы гаплотипов – в одной значения DYS438 равны 10-11, в другой – 14-16. Довольно систематически отличаются и значения DYS392 – в первой подгруппе они 10-12, во второй – 12-14.

В первой подгруппе «базовый» гаплотип следующий:

11.75 12.25 10.75 - 10 11.25 - 10.25

10.5 мутаций во всех четырех гаплотипах при средней скорости мутаций 0.00167 мутаций на 6-маркерный гаплотип на поколение (25 лет) [скорости мутации всех шести составляющих маркеров определены в работе (Клёсов, 2011b)] дают $10.5/4/0.00167 = 1572 \rightarrow 2004$ поколения, или $50,100 \pm 16,000$ лет до общего предка этой подгруппы гаплотипов.

Базовый гаплотип второй подгруппы:

12.5 11.5 13 - 10.5 11.5 - 15

В подгруппе - 16 мутаций во всех четырех гаплотипах, что дает $16/4/0.00167 = 2395 \rightarrow 3529$ поколений, или $88,200 \pm 24,000$ лет до общего предка этой подгруппы гаплотипов.

В принципе, обе эти подгруппы (или субклады) гаплогруппы А попадают в определенный ранее «возраст» общего предка гаплогруппы А как 85 тысяч лет. Однако попадают по отдельности, но сами расходятся на очень

большое расстояние. Хотя маркер DYS438 и самый «быстрый» в панели 22-маркерных гаплотипов, но разница в его аллелях в 4.75 мутаций между двумя подгруппами гаплотипов (см. выше) уже указывает на то, что общий предок этих подгрупп жил ранее обычно принимаемого в науке понятия «современный человек». На этом понятии мы остановимся позже, а пока отметим, что разница между двумя базовыми 6-маркерными (усеченными 22-маркерными гаплотипами) составляет 9.25 мутаций, что транслируется в $9.25/0.00167 = 5,539 \rightarrow 15,720$ поколений, или почти 400 тысяч лет между общими предками этих подгрупп. Это дает возраст ИХ общего предка $(393,000+50,100+88,200)/2 = 266,000$ лет.

Округленный базовый гаплотип первой подгруппы гаплогруппы А выше

12 12 11 - 10 11 - 10 (A1b?)

С возрастом примерно 50 тысяч лет до общего предка в целом не входит в противоречие с базовыми гаплотипами субкладов A1a и A3b, особенно учитывая, что между ними несколько десятков тысячелетий эволюционного развития их Y-хромосом.

12 10 11 - 7 13 - 8 - 10 8 15 17 6 10 9 12 13 11 16 8 13 11 11 12 (A1a)

12 11 11 - 9 11 - 10 - 10 9 12 12 7 10 8 0 13 11 16 10 14 9 11 11 (A3b)

Во всех указанных трех гаплотипах 9 мутаций, что помещает их общего предка на $1,796 \rightarrow 2,380$ поколений, то есть на 59,500 лет назад. Это – вполне разумная величина для трех ветвей (субкладов) общего предка, который в целом жил 85 тысяч лет назад и принадлежал гаплогруппе А. А вот базовый гаплотип второй подгруппы

12.5 11.5 13 - 10.5 11.5 - 15

ломают современные представления о возрасте общего предка африканских гаплотипов. Более того это не aberrация какого-то одного гаплотипа, а достаточно воспроизводимая серия из нескольких гаплотипов разных баз данных. 400 тысяч лет разницы в базовых гаплотипах и более 250 лет до общего предка, пусть эта датировка совершенно ориентировочная, позволяет взглянуть на Y-хромосомную историю происхождения человека под другим углом. Какой бы ни была расчетная датировка, она не сможет изменить принципиальный вывод, что мы получили ДНК-сигнал от человека древнее, чем «анатомически современные люди».

Практически одновременно с результатами анализа филогении гаплогруппы А по аллелям гаплотипов ее субкладов (Клёсов, 2011а), то есть

по данным STR (short tandem repeats), появилась публикация, в которой провели анализ филогении по снипам (по данным SNP, single nucleotide polymorphism) для более 2000 гаплотипов из 73-х этнических групп Африки (Cruciani *et al.*, 2011). Топология полученного дерева африканских гаплотипов качественно совпала с тем, что было получено выше, причем самые далеко отстоящие гаплотипы субкладов A1b были найдены там же, где и гаплотипы с DYS438=14-16 из базы данных SMGF – на юго-западе Камеруна (Рис. 2). Расчет, основанный на скорости мутаций снипов, дал время жизни общего предка субклада A1b и всех остальных людей 141 ± 16 тыс. лет назад, что в пределах погрешности совпадает с временем расхождения «альфа» гаплогруппы (136 ± 9 тыс. лет назад).

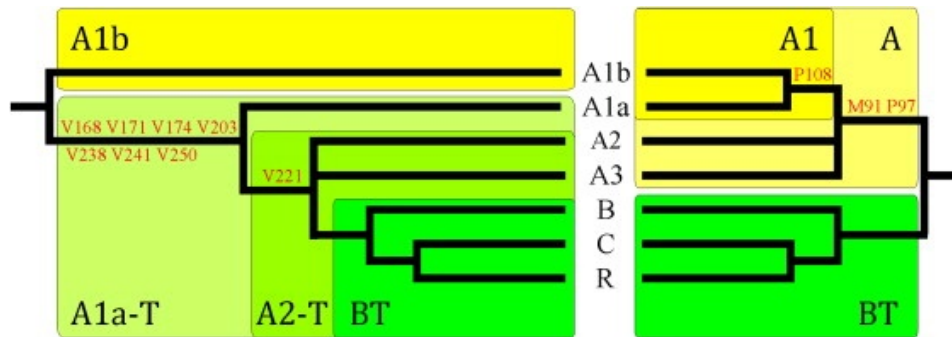


Рис. 2. Топология дерева Y-хромосомных гаплогрупп согласно ISOGG-2011 (правая часть) и по уточненным данным Cruciani *et al.* (левая часть). Воспроизведено с Figure 2 (Cruciani *et al.*, 2011).

Если сопоставить данные, полученные и проанализированные независимыми методами, то они подтверждают факт наличия гаплотипов, принципиально отличных от гаплотипов других людей Земли. В свою очередь, это ломает устоявшееся предположение, что все люди Земли сходятся своими гаплотипами к «хромосомному Адаму», и предка древнее него ни у кого на планете нет. Выходит, наряду с «Адамом» были и жили «параллельные» потомки более древних предков, что ломает саму концепцию «хромосомного Адама» как единственного предка ныне живущих на Земле людей. Наконец, в какой-то мере зашаталась концепция «монорегиональности», потому что мы не знаем, насколько глубоко уходят ДНК-корни гаплогруппы А с таким древним предком, но уже знаем, что неафриканцы происходят от других общих предков, намного более поздних, по данным работы (Клёсов, 2011b) возрастом $64,000 \pm 6,000$ лет. Наконец, зависло в неопределенности понятие «современный человек» в рамках ДНК-генеалогии, которое (понятие) негласно считалось как описывающее людей, происходящих по мужской линии от «хромосомного Адама».

Остановимся на этом несколько более подробнее. У антропологов понятие «современный человек», или «человек современного вида» (где «вид» не есть биологическое понятие) обычно относится к последним 50 тысячам лет. Это – человек (неоантроп) верхнепалеолитических культур, и далее культур мезолита, неолита, бронзы и так далее, до настоящего времени. До этого времени все люди обычно рассматриваются антропологами как архантропы и палеоантропы. По представлениям многих антропологов, из культур палеоантропов не может произойти неоантроп, то есть человек современного типа. В этом аспекте ДНК-генеалогия входила в терминологическое противоречие с антропологией, поскольку в понятиях ДНК-генеалогии эволюционная непрерывность Y-хромосомальной ДНК и ее гаплотипов-гаплогрупп от «хромосомного Адама» до настоящего времени, включая гаплогруппу А и все последующие гаплогруппы (если считать, как принималось до последнего времени и зафиксировано в сводке ISOGG-2011, что все гаплогруппы произошли от гаплогруппы А) уже означает, что все 130 тысяч лет (или со времен 100-200 тысяч лет, как часто уклончиво пишется) имело место непрерывное развитие людей, от архантропов через палеоантропов до неоантропов, то есть до современного человека, для всех рас без исключения. То есть все люди были как бы современные, независимо от антропологических понятий и культур.

Судя по результатам настоящей работы, которые будут, конечно, уточняться и дополняться, непрерывное развитие было, и иначе и быть не могло – оно идет от самых первых гоминидов и ранее, но идет разными «рукавами». Есть одна африканская линия, которая начинается со времен сотни тысяч лет назад, и, конечно, не может в те времена представлять «современного человека» по любой классификации. Ее характерный признак – совершенно отличные величины DYS438, равные 14-16, в то время как у остальных людей планеты, неафриканцев, там величины обычно (или исключительно) 8-11. По другим гаплогруппам величины аллелей DYS438 в настоящее время равны:

В	10
С	10
D	10, 11
E	8, 10, 11
F	10
G	9, 10, 11
H	9
I	10
J1	9, 10, 11
J2	9, 10
L	10
N	10

O	10, 11, 13 (последняя - в гаплогруппе O2b)
Q	10, 11, 12
R	11, 12
T	9

Итак, гаплогруппа А в одной из своих ветвей (если типирование этой ветви с DYS438=14-16 на гаплогруппу А, то есть на снипы M91, P97 проведено правильно, а не «на глаз», как это часто бывает) возрастом как минимум 250 тысяч лет продолжает жить своими потомками в Африке. Где она образовалась и откуда пришла в Африку, или там и была в те времена, неизвестно. Но она уходит далеко в сторону от остальных гаплотипов и гаплогрупп, включая и африканскую же гаплогруппу В. Это – прямые потомки архантропов. Имеют ли носители этой ветви характерные антропологические признаки – неизвестно. К линии, ведущей свое начало от «альфа»-гаплогруппы, она прямого отношения не имеет.

Далее, сама «альфа»-гаплогруппа, ДНК-корни которой уходят в 136,000±9,000 лет назад, тоже не могла представлять «современных людей» в понятиях антропологии. Тем не менее, от нее произошли известные субклады гаплогруппы А, и «бета»-гаплогруппа 64,000±8,000 лет назад. Это уже на границе понятия «современный человек» и в антропологическом смысле. Современные популяции Земли ведут свое прямое происхождение от общих предков, которые жили, как правило, не ранее верхнепалеолитических 50 тысяч лет назад. Регион зарождения «бета»-гаплогруппы, представляющей неафриканское население (исключение – гаплогруппа В, ушедшая в Африку, и имеющая общего предка 46 тысяч лет назад), остается неизвестным. Это – предмет последующих исследований.

Литература

Cruciani, F., Trombetta, B., Massaia, A., Destro-Bisol, G., Sellitto, D., Scozzari, R. (2011) A revised root for the human Y chromosomal phylogenetic tree: the origin of patrilineal diversity in Africa. *Amer. J. Human Genetics*, v. 88, 814-818.

Клёсов, А.А. (2011a) ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 2). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 7, 1367- 1495.

Клёсов, А.А. (2011b) ДНК-генеалогия основных гаплогрупп мужской половины человечества (Часть 1). Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии (ISSN 1942-7484), 4, № 5, 988-1014.

Происхождение евреев в контексте ДНК-генеалогии, и не только её

Комментарий к статье В. Покоста
«Происхождение еврейского народа»

А.А. Клёсов

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

Введение

Ниже – развернутый комментарий к статье Владислава Покоста
«Происхождение еврейского народа»,

<http://www.berkovich-zametki.com/2011/Zametki/Nomer6/Pokost1.php>

опубликованной на сетевом портале «Заметки по еврейской истории»
(<http://berkovich-zametki.com>, редактор Е. Беркович).

Этот комментарий был написан по просьбе редактора Портала, и опубликован в тот же выпуск «Заметок», что и сама статья. В настоящем Вестнике материал несколько дополнен в соответствии с появившимися новыми данными.

Статья добротная, проведено добросовестное исследование, материал собран обширный и полезный. Нет никакого смысла пытаться подлавливать автора на том, что никому и так неизвестно, а автор пишет так, как будто известно. Во всяком случае известно ему, автору. На самом деле это обычный прием в гуманитарных науках, или работах подобного профиля.

Дело просто в личности авторов, которые описывают редкие лакуны информации, между которыми пропасть (пока) неизвестного. Одни авторы постоянно (и честно) приговаривают, что это всё "по их мнению", что на самом деле это неизвестно, и это просто предположения, что это реконструкция, у которой есть много вариантов и альтернатив. А другие рубят, как будто нет других вариантов и интерпретаций. Но для

популярного изложения, наверное, это подходящий вариант. Не все же имеют смелость писать так, как Корнелий Тацит в 98 году н.э., когда он описывал то, в чем сомневался – *«Я не собираюсь ни подкреплять доказательствами это суждение, ни утверждать обратное. Пусть каждый в меру своего разумения примет его на веру или отвергнет»*.

Потому в науках исторических уже обычно никому, кроме узких специалистов, и не разобраться, где островки фактов (да и то обычно не фактов, а интерпретаций, базирующихся на отдельных наблюдениях), а где связующая ткань фантазий и домыслов, призванных явить миру якобы связную картину фактического исторического материала. В итоге где ни ткнуть, там белые нитки той самой «связующей ткани». Потому и раздолье творцам «альтернативной истории», «новой хронологии», и подобным, которые с удовольствием «тычут» в слабые места, и где (порой верно) угадывают, а где (что значительно чаще) еще больше запутывают.

В этом отношении автору, Владиславу Покосту, надо отдать должное. Он привлек разноплановый научный материал – антропологию, археологию, лингвистику, исторические документы, дерматоглифику, генетику, ДНК-генеалогию, и попытался создать сбалансированный взгляд на происхождение евреев.

Попытка, на мой взгляд, была успешной. Под «успешной» я ни в коем случае не понимаю, что «ему удалось найти истину». «Истины» как таковой в таких вопросах нет и быть не может. Но создана многоплановая картина, в которой каждый для себя может найти новые сведения, факты, представления. И это уже очень хорошо.

Я не буду делать замечания по принципиальной, главной части, потому что не хочу ломать представленную картину исторических событий, приведших, по мнению автора, к происхождению еврейского народа. Не буду делать просто потому, что это ни к чему. Картина представлена, она имеет полное право на существование, она интересна и полезна для людей, интересующихся этим вопросом. Я полностью согласен с главным выводом автора, и сам об этом много писал, что корни современных евреев – на Ближнем Востоке. Что все те рассказы, что евреи якобы выродились, что никакого отношения к Ближнему Востоку и к Израилю они не имеют – это либо злонамеренные (в буквальном смысле) политически ангажированные заявления, либо просто безграмотные письмена, основанные на неких совершенно условных допущениях.

Так что я с главными выводами автора в их качественной форме согласен. К сожалению, автора тянет в количественные «параметры» там, где они не слишком уместны. Например, писать, что *«время образования евреев - 1813 год*

до н.э." - это, конечно, комично. Как и проценты и даты, показанные до 4-го знака после запятой. Это опять, видимо, удел гуманитариев с их святой верой в ее величество точную цифру. Любой человек с научно-техническим образованием знает, что для того, чтобы написать, что «доля евреев в гаплогруппе J 39,3333%» - надо протестировать как минимум миллион евреев. Вот если среди миллиона протестированных евреев именно 393333 окажутся обладатели гаплогруппы J, то так написать технически можно, да и то с натяжкой. Поскольку на самом деле там будет $39,3333 \pm 0,1254$ % с 95%-ной надежностью, то есть правильнее $39,3 \pm 0,1$ %.

Иначе говоря, чтобы написать 39,3333%, с точностью до 4-го знака после запятой, надо протестировать примерно миллиард евреев, что технически сложно. Да и концептуально тоже.

Читая статью, надо понимать, что там на самом деле доля евреев в гаплогруппе J 39%, да и то с погрешностью никак не меньше ± 5 %.

Я так много места уделил этому казалось бы техническому вопросу, чтобы показать, что точные цифры в таких неточных данных вводят в заблуждение, и так, как неточные и приблизительные, их и надо воспринимать. И так про все «процентные» показатели в статье. Их там немало.

Что же касается «года возникновения евреев» как 1813-й год до н.э., то здесь за «год возникновения» принята дата «перехода евреев через Евфрат». Наверное, в такой ситуации надо дать определение того, кто же такие евреи. Если их определить как популяцию, перешедшую Евфрат в 1813-м, то так оно и есть, просто по определению. То есть как только перешли на другой берег реки, то оно и произошло. Возникли. Но если евреи – это более глубокое понятие (как мне представляется), то перехода через реку маловато будет.

Теперь о некоторых сопутствующих вопросах в статье, потому что они создают некую канву к изложению главного вопроса, о происхождении евреев.

В разделе лингвистики автор много говорит о древнем «едином языке, называемым евразийским», который существовал примерно 20-16 тысяч лет назад, и потом, «в начале XII тысячелетия до н.э.», из него образовался ностратический язык, параллельно с афразийским. Опять, автор описывает это как данность, хотя концепция «древнего единого языка» - чудовищное упрощение. Это – мягко говоря. Вообще представить себе, что по всей Евразии, даже не говоря о том, чтобы сюда и Африку подключать, чтобы на всей этой огромной территории, разделяемой тысячами километров и тысячами лет между контактами людей на этой территории, чтобы там был

«единый язык» - сие просто невозможно. Потому концепция ностратического языка, как и «единого евразийского языка», далеко не всеми лингвистами поддерживается. А те, кто поддерживает, прекрасно понимают, что дело вовсе не в «едином» языке. Просто те древние языки связаны обрывочными нитями и лингвистическими лохмотьями, что показывает, что те люди контактировали друг с другом так или иначе, в какие-то обрывочные и разрозненные времена, разделенными и столетиями, и тысячелетиями. Ни о каком языковом «единстве» это не говорит и говорить не может. То, что в русском языке и в иврите есть сходные слова и со сходным смыслом вовсе не говорит о том, что был некий «единый» язык, типа «руврит» или «иврус». Это просто показывает, что были и есть языковые контакты, причем в разные времена.

Поэтому смысл «ностратического языка» вовсе не в том, что он был «единый», и что он «распался» (из «единого») 13 или 15 тысяч лет назад, как утверждают некоторые лингвисты. А в том, что вылавливаются некие, наиболее устойчивые грамматические морфемы, местоимения, аффиксы спряжения, словообразовательные аффиксы, общие для некоторых, разных языков, и пока удается «прокопать» в этом отношении до 13-15 тысяч лет назад. Вот откуда и датировка «ностратического языка». А глубже «прокопать» не удастся, методология беспомощна. Вот и постановили - считать, что «единый язык» распался в те времена, куда удастся достать.

Это типа постановить, что все колодцы (или шахты) в регионе имеют глубину в пять метров, потому что измерительная веревка - всего пять метров длины. А там и 20-метровые, и 50-метровые, и километровые. Поэтому все эти «в начале XII тысячелетия до н.э» - обратите внимание на точность датировки! - для образования «ностратического языка» при совершенно упрощенно-гипотетической трактовке этого языка просто несерьезно.

Это я пишу для тех, кто хочет понять, насколько наука порой упрощенно, если не сказать искаженно, трактует зыбкие, условные понятия, придавая им статус якобы твердо установленных. А там опять - ткнуть, и белые нитки. Хотя те, кто этим занимается, утверждают, что прекрасно понимают все условности и зыбкости, просто это для них и так само собой разумеется. А другие просто переписывают, видимо, не очень понимая, что вырывают из парадигмы языкознания.

А те, кто этого не знают, могут ломать голову, как это - в статье В. Покоста написано, что «*в начале XIII тысячелетия до н.э.*», то есть «в начале» (!) 15-ти тысяч лет назад от «единого евразийского праязыка» отделились языки, которые «в последующие тысячелетия» образовали сино-кавказские языки, и в то же время в этой же статье написано, что к сино-кавказским языкам

относятся «языки индейцев севера Северной Америки». А предки тех индейцев прибыли в Америку вряд ли позднее 12-20 тысяч лет назад. А им еще на дорогу – по некоторым оценкам – понадобилось не менее 15-20-25 тысяч лет. Короче, вышли они из Сибири в направлении Америки (хотя вряд ли этот переход планировали) примерно 30-40 тысяч лет назад. Так когда же «ностратическое единство» распалось? Когда сино-кавказские языки «образовались»? Уж во всяком случае не «в начале XIII тысячелетия до н.э.».

Вообще получаемые ныне (с помощью ДНК-генеалогии) датировки древних миграций человека заставляют пересмотреть многие подобные «ностратические» и «евразийские» теории «единых языков» и понять степень их упрощения и принятых условностей.

Автор в ряде мест статьи пишет о неких «племенах, пришедших с востока», которые принесли в Северную Африку скотоводство (археологические данные), о том, что скотоводство и земледелие появилось в Передней Азии 12-11 тысяч лет назад (археологические данные), о контактах афразийских языков «со многими языками Азии и Европы» (лингвистические данные). О том, что шумеры прибыли «во второй половине IV тысячелетия до н.э.» (то есть примерно 5500-5200 лет назад) «с востока, с Иранских гор». Кто были эти племена? И далее, что появление в Месопотамии шумеров датируется (по пиктографическим табличкам) «серединой IV тысячелетия до н.э.», то есть примерно 5500 лет назад, и что шумеры «принадлежат, видимо, более ранней, исчезнувшей цивилизации».

Все правильно. Это и есть то, что знает современная наука. А именно, что примерно 5500 лет назад, что шумеры, что «более ранней цивилизации», что, видимо, с востока, хотя данных на этот счет у современной науки нет. «С востока» - просто потому, что не с запада же. С запада просто неоткуда. А что «с Иранских гор» - это уже фантазии. Нет таких данных у современной науки. Это из категории «для красного словца».

И вот теперь посмотрим, что на этот счет говорит ДНК-генеалогия. Здесь данные тоже порой обрывочны, тоже факты соединены тканью предположений и интерпретаций, но так развивается наука. Появляются новые данные, ткань обрастает фактами, и трактовка либо усиливается, либо под давлением фактов и более обоснованных интерпретаций ревизуется, но уже на более прочной основе.

Автор пишет – «Гаплогруппа R1a1 возникла 8000 – 13000 лет до н.э. в степной зоне между Днепром и рекой Урал». Это не так. Это – старая басня, придуманная «отцами» популяционной генетики человека в начале 2000-х годов, к которой (басне) вообще не было НИКАКИХ данных. Сначала придумали и написали, что R1a1 появилась на Украине (другая версия – в

степях России-Украины) 15 тысяч лет назад, не приводя никаких данных. Просто так. Вот как о R1a1 написал один из главных творцов басен того времени, Спенсер Уэллс (2001, Proc. Natl. Acad. Sci. US 98,10244-10249): «... с предположительным возрастом примерно 15 тыс лет назад». Никаких данных к этому в статье не было, и почему «предположительным» - не пояснено. Просто так.

Через пять лет, в своей книге Deep Ancestry (2006), Спенсер Уэллс пишет: «Примерно между 10 и 15 тысяч лет назад, мужчина европейского происхождения родился на территории современной Украины или Южной России». Никаких данных тоже показано не было, Почему Украина - тоже не пояснено. Просто так. Дата, правда, несколько сместилась, к 10 тыс лет назад. Почему - не пояснено. Просто так.

Как видим, эта же дата и несколько расширенное место - «8000 - 13000 лет до н.э. в степной зоне между Днепром и рекой Урал» фигурирует и у В. Покоста. Винить его в этом нельзя - просто взял то, о чем писала «академическая наука». Правда, почему-то уже расширено до реки Урал. Откуда это? Данных-то опять нет.

А что есть?

А то, что гаплогруппа R1a появилась вовсе не в Украине и не в южных степях России. Туда ее носители пришли только около 5 тысяч лет назад, если точнее - датировки по гаплотипам Y-хромосомы ДНК указывают примерно на 4850 лет назад. Появилась она примерно 21 тысяч лет назад на Алтае или сопряженных территориях (Синцзянь-Уйгурская территория, что, впрочем, и есть Южный Алтай), или, более обобщенно, в Центральной Азии. Там же примерно 16 тысяч лет назад появилась гаплогруппа R1b. Родитель той и другой гаплогруппы - гаплогруппа R1. Это - европеоидная популяция, как ее стали называть уже намного позже после миграции обеих гаплогрупп в Европу. Обе гаплогруппы присутствуют у евреев, но пришли к ним совершенно разными путями. Как пришли совершенно разными путями и в Европу.

Гаплогруппа R1a1 пришла в Европу, видимо, сначала на Балканы, вскоре после схода ледников, примерно 10-9 тысяч лет назад. Путь ее пролегал по «южной дуге» - через Тибет, Гималаи, Индостан, Пакистан, Иранское плато, Анатолию и далее на запад по Малой Азии, и на Балканы. В Индостане и Пакистане зафиксированы гаплотипы с датировкой общего предков современных популяций R1a1 между 12 и 7 тысяч лет назад. Видимо, это гаплогруппа R1a1 прошла Анатолию примерно 11-9 тысяч лет назад, это ее «артифакты» (наряду, возможно, с «артифактами» других гаплогрупп, например, J2, G), и тогда же там зафиксированы корни пра-

индоевропейских языков, определенно гаплогруппы R1a1. В работах Гамкрелидзе и Иванова это ошибочно названо «прародиной» индоевропейских языков. На самом деле это был проходной, промежуточный маршрут. Просто восточнее опять не «прокопали».

В Европе носители гаплогруппы R1a1 жили своей древней жизнью несколько тысяч лет, от 10-9 тысяч лет назад до начала их «великого переселения» 6-5 тысяч лет назад, который привел к расхождению праиндоевропейского языка на ветви. К этому, древнему периоду относится укрепление протоиндоевропейских языков в Малой Азии (протоиндоевропейский язык хиттитов – 8700 лет назад), в Европе, в Греции (протоиндоевропейские греческая и армянская ветви – 7300 лет назад), и примерно 4800 лет назад «протоиндоевропейцы», они же будущие арии, перешли на Восточно-Европейскую равнину, и далее разошлись – одна миграционная волна в сторону Кавказа, и далее Анатолии и Митанни («митаннийские арии»), другая – в Среднюю Азию, Бактрию, иранское плато – как «индоиранцы», третья – на южный Урал, и далее на юг, в Индию, как «индоарии». Еще одна волна пошла в восточное Зауралье, к северному Китаю, на Алтай, к местам Афанасьевской археологической культуры

Намного позже, примерно 1100 лет назад, гаплогруппа R1a1 попадет к евреям-ашкинази, но особенно интересно то, что отчетливо и легко распознаваемые еврейские гаплотипы R1a1 древние, древнее, чем у русских и вообще чем у подавляющего большинства европейцев. Предок ашкиназийских гаплотипов R1a1 жил между 5 и 6 тысяч лет назад. Это – не славянские гаплотипы. Но к евреям они попали, повторяю, 1100 лет назад. Поэтому у евреев эти гаплотипы «недавние», потому очень похожи друг на друга и легко распознаваемы.

Гаплогруппа R1b, точнее, ее носители «эрбины», прошли через всю Евразию из Центральной Азии по «северной дуге» – по северному Казахстану, южному Уралу, до Средней Волги, далее на юг через Кавказ (не позже 6000 лет назад), в Анатолию (6000 лет назад) и на Ближний Восток (Ливан и параллельно Междуречье, 5500 лет назад). Ассирийцы, в значительной степени потомки шумеров, имеют у себя самую большую долю гаплогруппы R1b по сравнению с другими гаплогруппами. Носители гаплогруппы R1b прибыли в Междуречье примерно 5500 лет назад, это совпадает с датировкой появления там шумеров. Евреи, носители гаплогруппы R1b, имеют общего предка, который жил 5500 лет назад. Это, скорее всего, и был один из шумеров. В отличие от них, европейские носители гаплогруппы R1b имеют общего предка не древнее 4800 лет назад, и то он реконструируется из разных ДНК-линий с датировками 3900-4100 лет назад.

Так что с хорошей вероятностью евреи гаплогруппы R1b – это потомки древних шумеров. Как правильно пишет В. Покост – гаплотипы евреев, носителей гаплогруппы R1b, значительно отличаются от европейских гаплотипов той же гаплогруппы. Это наблюдение и соответствующее обоснование опубликовано еще в 2008 году (Клёсов, Заметки по еврейской истории, Апрель 2008; Klyosov, Proceedings of the DNA Genealogy, June 2008). В те времена носители R1b еще не говорили на (прото)индоевропейских языках. Это был, видимо, вариант того, что сейчас называют сино-кавказскими языками, агглютинативный язык, каким был и язык древних шумеров. Этот же язык носители R1b, эрбины, принесли в Европу по Северной Африке до Атлантики, и через Гибралтар на Пиренеи 4800 лет назад, и далее, как культура колоколовидных кубков, прошли на север и расселились по Европейскому континенту между 4400 и 3200 лет назад. Пиренейские баски и сейчас продолжают говорить на том древнем языке, естественно, за пять тысяч лет преобразованном в своей динамике почти до неузнаваемости. Тем не менее, лингвисты видят «перекличку» баскского языка с некоторыми кавказскими языками и с шумерским языком. Все это – агглютинативные языки, в отличие от индоевропейских, флективных.

В. Покост упоминает о гипотезе возможного происхождения евреев от шумеров, цитируя статью М. Зильбермана из альманаха «Еврейская старина» (2005) и аргументах против нее – то, что имена евреев того времени (?) и их племен (?) были аморейскими, что евреи до 3300 лет назад были скотоводами, а шумеры – оседлыми земледельцами, и что у евреев была племенная организация, а у шумеров – нет. Эти аргументы показывают уровень доводов, которые опять не могут быть рассмотрены как факты, а представляют скорее вялую интерпретацию некоей дошедшей до нас информации, причем информации довольно условной, которой «академической наукой» уже придается некий абсолютно-обобщающий характер.

В. Покост сообщает, что *«генеалогические линии всех современных мужчин приводят к одному мужчине, жившему примерно 80 тысяч лет назад. Его условно назвали (хромосомным – АК) Адамом»*. Каюсь, к распространению этой информации и я руку приложил, в своих популярных рассказах. На самом деле таких данных нет, никто не рассчитывал. Это – одна из ранних басен популяционной генетики, которую я просто переписал, как переписывали то же самое десятки, а то и сотни других людей. В общем-то ничего плохого нет, раз никто не знает, а есть догадка-басня, то лучше она, чем ничего. Просто специалисты, повторяя это число в 80 тысяч лет, или любое другое в интервале между 40 и 200 тысяч лет, прекрасно понимают, что цены этой

датировке нет никакой, это просто условная величина, некий символ, заменяющий знание.

Но теперь датировка появилась, и я ей сейчас поделюсь (Клёсов, Вестник ДНК-генеалогии, май 2011).

Если из всех маркеров Y-хромосомной ДНК (а их десятки, и даже уже больше ста) выбрать самые устойчивые к мутированию, то есть наиболее стабильные, в которых одна мутация проскакивает раз в несколько десятков тысяч лет, то таких набирается 22 маркера. Именно с этими «супермедленными» скоростями мутаций можно заглянуть на многие десятки тысяч лет, и более сотни тысяч лет вглубь. Вот как это делается.

Две самых древних гаплогруппы человечества – это гаплогруппы А и В. Обе считаются африканскими. Действительно, их носители либо сейчас живут в Африке, либо потомки выходцев из черной Африки. Для многих гаплотипы уже известны, и не составляет большого труда извлечь из современных баз данных показатели по тем самым «супермедленным» маркерам. Как обычно, эти гаплотипы у наших современников образуют нечто вроде раскидистого куста, который сходится в точку у своего основания. Это – гаплотип общего предка всего куста. Куст – это потомки, разошедшиеся от своего патриарха-основателя. Как по кругам на воде можно вычислить исходную «точку», куда упал камень, так и по «расходящимся кругам» гаплотипов можно вычислить исходную «точку», предка, от которого «пошли круги» потомков.

У гаплогруппы А такой предковый гаплотип в «супермедленном» 22-маркерном формате оказался следующим:

12 11 11 9 11 10 10 8 14 15 7 10 8 12 13 11 16 8 13 9 11 12 (А)

А у гаплогруппы В – таким

11 12 11 11 11 10 11 8 16 16 8 10 8 12 10 11 15 8 12 11 12 11 (В)

По таким же 22-маркерным гаплотипам было рассчитано, что общий предок гаплогруппы А жил 85 тысяч лет назад, а гаплогруппы В – 46 тысяч лет назад. То есть если гаплогруппа В произошла от гаплогруппы А, то между этими предковыми гаплотипами – 39 тысяч лет. Правильно?

Не тут-то было.

Между этими двумя предковыми гаплотипами – 18 мутаций. Посчитайте сами. За 39 тысяч лет образовались бы только 7 мутаций.

Такое количество мутаций – 18 – между двумя «супермедленными» 22-маркерными гаплотипами могло пройти только за 122500 лет. Все расчеты и обоснования даны в недавней работе (Клёсов, Вестник, май 2011). Это – суммарная временная протяженность от общего предка обеих гаплогрупп (А и В) до самих предковых гаплотипов А и В. По приведенным здесь данным получается, что общий предок гаплогрупп А и В жил 136 тысяч лет назад. Иначе говоря, гаплогруппа В не происходит от гаплогруппы А. Они обе – дочерние (точнее, сыновние), и идут от того самого «хромосомного Адама». Который жил – по полученным данным – 136 тысяч лет назад.

Палеоантропологические данные в современной науке дают большой «зазор» для появления Homo sapiens, «человека разумного» - между 200 и 100 тысяч лет назад. Более того, специалисты никак не договорятся, кого же считать хомо сапиенсом, по каким морфологическим признакам, и чему эти признаки должны удовлетворять. Так что 136 тысяч лет – датировка вполне приемлемая. Более того, получена отработанным и калиброванным методом ДНК-генеалогии.

Продолжая тот же подход, получим, что 22-маркерные предковые гаплотипы евреев гаплогрупп J1 и J2 следующие:

11 15 11 – 11 11 – 10 – 11 8 15 16 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12 (J1)
 11 15 11 – 11 11 – 9 – 11 7 15 15 8 10 8 12 10 12 12 8 12 11 12 12 (J2)

Между базовыми гаплотипами гаплогрупп J1 и J2 – всего три мутации (отмечены), что разводит общих предков этих гаплогрупп на 13,400 лет, и помещает их общего предка – гаплогруппу J на $(13400+16000+15000)/2 = 22,200$ лет назад (расчетная таблица дана в статье [Клёсов, Вестник, май 2011]). Это, например, будет иметь место, если общий предок евреев в гаплогруппе J1 жил 16 тысяч лет назад, в гаплогруппе J2 – 15 тысяч лет назад, а в их «родительской» гаплогруппе J – 22,200 лет назад. Тогда между общими предками евреев в гаплогруппах J1 и J2 будут те самые 13,400 лет. Именно эти датировка в 16 тысяч лет для J1 дана в статье (Klyosov, Proceedings of DNA Genealogy, June 2008), а для предков евреев в гаплогруппе J2 была дана 6 тысяч лет назад, но новые данные уточняют эту датировку. Понятно, что в те времена евреев как таковых не было, речь идет о предках соответствующих гаплогрупп.

А вот от предкового гаплотипа гаплогруппы А они обе, J1 и J2, отходят на 23 и 24 мутации, соответственно. Расчеты показывают, что общий предок евреев в обеих гаплогруппах и африканской гаплогруппы А опять уходит к «хромосомному Адаму».

Еще на одном вопросе хотелось бы остановиться. В. Покоств немало внимания в своей статье про происхождение евреев уделил следующему, цитирую:

Компьютерное моделирование показало, что связь между гаплогруппой с одной стороны и генотипом (совокупностью генов организма) и фенотипом (совокупностью свойств и признаков организма) с другой стороны, очень незначительна и после 15 поколений исчезает полностью. Народ, при образовании которого в него вошли разные гаплогруппы, уже через 15 – 20 поколений становится генетически однородным.

Это – из статьи С. Каржавина (Вестник ДНК-генеалогии, 2009). Так действительно раньше думали, еще пару лет назад, и на компьютере моделировали, все правильно. Но жизнь, как известно, вносит свои коррективы. Моделируя на компьютере, не подумали, что женятся и выходят замуж не абы как, не статистически-неупорядоченно, за кого попало, а в основном «на своих». Евреи на еврейках, монголы на монголках, славяне на славянках, и так далее. Есть, конечно, исключения, но они находятся на хвостах кривых распределения. Не они определяют понятие «народ». Так что никакой «генетической однородности» на самом деле нет ни через 15-20 поколений, ни через сто, ни через тысячу поколений. Никогда. И если будет, то ОЧЕНЬ нескоро.

И увидели это воочию, когда стали составлять геномные карты по странам и этническим группам. А именно, когда расклассифицировали «вечные» мутации, или снипы, в геномах, то есть те мутации, которые не меняются за все время человечества, набрали их несколько сотен тысяч, и посмотрели, как эти мутации перемешаны по планете. Оказалось – вовсе не перемешаны. Какое там 15-20 поколений!

Оказалась, что планета совершенно «пятнистая» в отношении этносов, их геномов. Если эти снипы раскрасить компьютерной графикой, то эта пятнистость совершенно очевидна. Евреи, кстати, выделяются среди других своим цветом, характерным для Ближнего Востока, и этот цвет проявляется и в Италии, и в Сиэттле, и в Нью-Йорке, и везде, откуда предки современных евреев вышли – Иран, Йемен, Месопотамия. Об этом я подробно рассказывал в альманахе «Еврейская старина» в апреле-июне 2010, в статье «Анализ генома популяций евреев и сопоставление с выводами ДНК-генеалогии».

Так что нет «генетически однородного народа» (по С. Каржавину, и многим другим специалистам компьютерного моделирования), и в мире не наблюдается, кроме совсем уж экзотических и изолированные случаи.

Можно было бы, конечно, продолжать корректировку текста – и по существенно заниженной дате образования гаплогруппы I – там не «20 тысяч лет до н.э. на Балканском полуострове», а не менее 40-45 тысяч лет назад, и более вероятно – на Восточно-Европейской равнине, откуда носители этой гаплогруппы и мигрировали в Европу, и по другой существенно заниженной дате образования гаплогруппы Q – там не «15-20 тысяч лет до н.э.», поскольку в таком случае она не могла бы быть «распространена в Америке», с «частотой у индейцев Америки 95%», поскольку индейцы оказались в Америке либо уже в то же время, либо еще раньше, а им еще дойти нужно было (см. выше). Гаплогруппе Q никак не менее 35-40 тысяч лет.

Можно было бы комментировать по поводу записей типа «14747±1842 г. до н.э.» (в данном случае – о времени появления гаплогруппы J1 у евреев). Если точность определения плюс-минус почти две тысячи лет (и в этом можно сильно усомниться, что такие размытые датировки показаны с почти фантастической точностью ±12%), то какой смысл давать эту точность до одного года (!). Почему бы не написать «примерно 15 тысяч лет до н.э.», или хотя бы «15±2 тысяч лет до н.э.»? Непонятно, зачем было нужно давать (умеренно) громоздкие математические формулы поправок на возвратные мутации и определения погрешностей, которые по тексту вовсе не нужны, тем более в популярной статье.

Но идеала не бывает. Тем более что все эти вставки в статью к основной теме статьи отношения практически не имеют. Автор местами просто «тянет всё до кучи». А сама статья в отношении именно к происхождению еврейского народа, повторяю, хорошая и полезная. Принципиальные выводы вполне разумны. Правда, раз уж в названии присутствуют слова «еврейского народа», то было бы неплохо дать по возможности непротиворечивое определение этого непростого понятия. Но это, видимо, вопросы дальнейших исследований автора. Искренне желаю ему удачи.

ПОЛЕМИКА

Российская Академия ДНК генеалогии и ее Вестник

А.А. Клёсов

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

Я в некоторой степени признателен некоему Жаксылаку Сабитову, специалисту - по его словам - по истории Золотой Орды, который решился выступить с критической статьей в адрес Вестника. Это дает мне возможность обрисовать круг вопросов, обсуждаемых в Вестнике, и рассказать о современном состоянии науки ДНК генеалогии и ее принципиальном отличии от «популяционной генетики», к которой по непониманию г-н Сабитов относит ДНК-генеалогию. Забавно, что о статье Сабитова я узнал на Форуме-сайте «Климат, лед, вода, ландшафты» (http://ice.tsu.ru/index.php?option=com_content&view=category&layout=blog&id=23&Itemid=90), то есть довольно косвенным путем. Иначе говоря, г-н Сабитов предпочел не вступать в прямую дискуссию, ни разу не упомянул мою фамилию как создателя и редактора Вестника, и вообще пошел по известному пути «общей критики», избегая конкретных примеров.

«Критика» г-на Сабитова многословна, неконкретна, изобилует отвлечениями, общими пассажами. Если напрямую, без экивоков, это характерный пример того, что в английском языке называется bullshit. В мягком переводе – болтовня, пустословие. Примеры этого я дам ниже.

Но, повторяю, это дает мне возможность рассказать о ДНК-генеалогии, ее основном журнале-издании под названием «Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии», его стиле, задачах, сути, а также и о самой Академии – зачем она была создана, и как она работает. А также – зачем эти Академии нужны, и какие «вакуумы» они заполняют в современной науке. И еще – как это воспринимают люди типа г-на Сабитова, которые меряют жизнь на свой аршин, и без стеснения считают, что этот аршин является универсальным измерителем всего и вся. Эти люди и понятия не имеют,

что они маргинальны, что не они задают тон в науке, что они со своим «мнением» сидят где-то на обочине.

Но, как известно, порой и терпентин на что-нибудь полезен. Вот и в данном случае «критика» сыграла позитивную роль хотя бы в том, что появилась эта статья.

Итак, для начала о ДНК-генеалогии. Люди непонимающие путают ее с «популяционной генетикой». Это - принципиально неверно.

Популяционная генетика и ДНК-генеалогия

Популяционная генетика обычно занимается сравнительным анализом популяций путем изучения частот аллелей и их изменения под влиянием эволюционных процессов, объясняя таким образом адаптацию и специализацию в популяциях, и в итоге формулируя закономерности и законы перехода от набора генотипов к серии фенотипов в популяции.

Если не всем понятно, то можно сказать, что, например, популяционная генетика изучает распределение наследственных болезней в популяциях. Типичный пример – многие наследственные болезни выражены больше у евреев, чем у других популяций. Специалисты в популяционной генетике пытаются понять, и в ряде случаев весьма успешно, почему, например, эти болезни у евреев часты, а у башкир, например, редки. Почему лактозная нетолерантность, то есть аллергия к молоку, растет в целом с севера на юг. Почему серповидноклеточная анемия больше распространена в Африке, чем в других районах мира. Какие генетические особенности за это ответственны, какие варианты генов эти патологии вызывают, какие мутации происходят в генах (как правило, в генах), какие варианты белков при этом синтезируются в организме, как это влияет на распространение болезни наследственным путем. Это есть поиски закономерностей и законов перехода от набора генотипов к сериям фенотипов в популяциях.

В последнее время популяционная генетика занялась и негенными участками в разных хромосомах. Работами генетиков вообще и популяционных генетиков в частности было выявлено, что в Y хромосоме человека есть мутации – как мобильные, которые меняются в одной наследственной линии раз в сотни лет, так и стабильные, практически необратимые, которые раз возникнув, больше не меняются практически за всю историю человечества. Поскольку у каждого человеческого рода есть прародитель, первопредок, то его мутации передаются всем членам рода по наследству. Таких основных родов в настоящее время на Земле насчитывают 20, и называют по буквам латинского алфавита, от А до Т. Это и есть гаплогруппы. Человек может физически покинуть свой род, но

мутации рода в его Y хромосоме остаются навсегда и передаются всем потомкам до единого. Иначе говоря, популяционные генетики получили исключительно ценный инструмент для своей науки: можно выбирать для исследования популяцию – русских, украинцев, литовцев, евреев, армян, дагестанцев, казахов, якутов, чукчей, и кого угодно, и смотреть, из каких родов, или гаплогрупп, эта популяция состоит. Например, якуты в подавляющем большинстве состоят из рода N1c, как и финны (до 77% гаплогруппы N1c). Отсюда становится понятно, что якуты и финны связаны древними миграциями, и оказываются родственниками. Сейчас популяционные генетики в значительной степени переключились на изучение «гаплогруппного состава» этнических групп, наций, народностей. Это всё, как правило, относится к настоящему времени. То есть кто В НАСТОЯЩЕЕ ВРЕМЯ башкиры, в отношении состава их гаплогрупп? Кто – этнические русские? Ответ – в европейской части России этнические русские на 48% гаплогруппы R1a1, на 21% гаплогруппы I1 и I2 (суммарно), на 14% гаплогруппы N1c. С некоторой натяжкой, вводя лингвистические понятия, гаплогруппа N1c – это финно-угорский род. Или уральский. Или алтайский. Это все фактически одно и то же, поскольку относится к разным временным периодам.

Это всё – популяционная генетика. С одной стороны, описание состава современных популяций, с другой – изучение генетических особенностей этих популяций, связи генотипа и фенотипа популяций, где фенотип – это совокупность внутренних и внешних признаков организма. Попросту говоря, как именно наши гены определяют, как мы выглядим, и как мы функционируем там, где мы живем. Это и есть популяционная генетика.

ДНК-генеалогия – совершенно другая область науки. То, что слова «гаплотипы, гаплогруппы» – те же, что в ходу и в популяционной генетике, не должны вводить в заблуждение. Так, давление в колесе автомобиля определяют те же молекулы – азот, кислород, углекислый газ – что в ходу и в химических науках, но есть принципиальная разница между автомобилестроением и эксплуатационными характеристиками автомобиля, с одной стороны, и химическими науками, с другой. Введите транспортника в химическую лабораторию, и он окажется совершенно беспомощным. Введите популяционную генетику в ДНК-генеалогия, и он окажется настолько же беспомощным.

ДНК-генеалогия – это по сути наука историческая, создаваемая на базе математического аппарата химической и биологической кинетики, и секвенирования (то есть определения последовательности нуклеотидов) ДНК. В ней ярко и количественно выражена временная компонента. Иными словами, ДНК-генеалогия – это продукт слияния определения последовательностей определенных фрагментов ДНК (гаплотипов) и

методов химической кинетики, количественно анализирующих динамику изменения этих последовательностей в популяциях. Генетики так таковой в ДНК-генеалогии нет, она рассматривает только негенные области ДНК.

Фактически, динамика изменения мутаций в гаплотипах аналогична динамике в системах параллельных и последовательных химических или биологических реакций, причем реакций обратимых (потому что мутации в ДНК от предкового гаплотипа могут происходить «в обе стороны»). Это образует довольно сложную систему, особенно в интервалах времен в тысячи и десятки тысяч лет. Для их анализа и нужны подходы химической кинетики, применения которых не требуется в популяционной генетике. Эти подходы включают логарифмические зависимости убывания исходных, предковых гаплотипов во времени (происходящие по экспоненциальному закону в каждой ветви), накопление мутаций в гаплотипах, учет возвратных мутаций, которые накапливаются во времени, учет симметрии мутаций (увеличения или уменьшения числа аллелей), и так далее. Популяционные генетики этим методологическим аппаратом не владеют.

Поэтому одно дело изучать состав популяций в настоящее время (хорошее и нужное дело), с одной стороны, и изучать историю этих популяций и составляющих их родов, с другой стороны – это требует совершенно разных методологий и специальностей, профессий. Статьи популяционных генетиков и ДНК-генеалогов выглядят совершенно по-разному, рассмотрение материала происходит по-разному, выводы статей имеют разный вид и разное содержание. Это – разные науки.

Поэтому когда «критик» г-н Сабитов пишет – *«цель данной публикации - показать читателям, интересующимся популяционной генетикой, четкую разницу между двумя изданиями: Вестником РА ДНК-генеалогии и Russian Journal of Genetic Genealogy»*, то совершенно четкая разница есть, но не та, которую ищет г-н Сабитов. Первое издание – ДНК-генеалогия, второе – популяционная генетика. Он и пишет – *«интересующихся популяционной генетикой»*. Сам г-н Сабитов ДНК-генеалогии никогда не понимал и не понимает, и все статьи его были не о ДНК-генеалогии. Да и нельзя требовать от него понимать, профессия у него не та. В свое время Вестник опубликовал статью Ж. Сабитова «В поисках Чингиз-хана» (т. 2, № 4, апрель 2009), к которой я написал предисловие и провел в нем ДНК-генеалогические расчеты. В самой статье Сабитова никакой ДНК-генеалогии не было. Поэтому то, что сейчас пишет г-н Сабитов, как *«в Вестнике большинство «рецензий» не носят критического характера и имеют целью морально поддержать новых авторов»*, не имеют никакого отношения к делу. Хотя первое – в целом неверно, второе в целом верно. Критических рецензий в Вестнике на статьи «популяционных генетиков» много, а то, что Вестник на

самом деле поддерживает новых авторов, мы еще поговорим ниже. В свое время Вестник поддержал и Ж. Сабитова, автора из бывшей союзной республики, поместив его статью, не имеющую прямого отношения к ДНК-генеалогии, именно потому, чтобы поддержать.

Итак, с направлением новой науки ДНК-генеалогии мы разобрались. То, что она не имеет прямого отношения к популяционной генетике, разобрались тоже. Перейдем к Академии ДНК-генеалогии.

Российская Академия ДНК-генеалогии

Признаться, странно слышать и читать в сети негативные выкрики (другого слова и не подобрать) в отношении академий, которые в последние пару десятилетий, после распада СССР, создаются во множестве в разных направлениях науки и техники. Кому это мешает?

Академия – это сообщество людей, объединенных общими интересами и публикующих свои труды. Опять, кому это мешает? Откуда эта ненависть к подобным сообществам? Государственных привилегий эти сообщества не имеют, собираются обсуждать свои вопросы, как правило, на своих сетевых форумах, порой и лично, физически, коллективом. В чем проблема-то? На Западе это давно принятая форма объединения сообществ. Например, то, что в СССР называлось обществом «Знание», в США называется Нью-Йоркской Академией наук. Там – десятки тысяч членов. Выходят десятки книг. Опять, кому это мешает? Откуда эта ненависть и желчь, в том числе и у г-на Сабитова, откуда «критика» Российской Академии ДНК-генеалогии?

Поясню, как и зачем создавалась Российская Академия ДНК-генеалогии. Для начала позволю себе процитировать фрагмент из своего очерка-рассуждения о том, на чем порой основаны научные концепции в гуманитарных «академических» науках (см. стр. 1496-1497 в настоящем выпуске Вестника).

Дело просто в личности авторов, которые описывают редкие лакуны информации, между которыми пропасть (пока) неизвестного. Одни авторы постоянно (и честно) приговаривают, что это всё "по их мнению", что на самом деле это неизвестно, и это просто предположения, что это реконструкция, у которой есть много вариантов и альтернатив. А другие рубят, как будто нет других вариантов и интерпретаций. Не все же имеют смелость писать так, как Корнелий Тацит в 98 году н.э., когда он описывал то, в чем сомневался – *«Я не собираюсь ни подкреплять доказательствами это суждение, ни утверждать обратное. Пусть каждый в меру своего разумения примет его на веру или отвергнет»*.

Потому в науках исторических уже обычно никому, кроме узких специалистов, и не разобраться, где островки фактов (да и то обычно не фактов, а интерпретаций, базирующихся на отдельных наблюдениях), а где связующая ткань фантазий и домыслов, призванных явить миру якобы связную картину фактического исторического материала. В итоге где ни ткнуть, там белые нитки той самой «связующей ткани».

Иллюстраций того, что написано выше, можно давать бесконечное количество. Много ломается копий по вопросу о достоверности так называемой «Велесовой книги» (об этом еще ниже). Но что толку, когда и «официально» признанные достоверные летописи (оригиналов которых тоже, как правило, нет, но на это никто внимания уже не обращает, поскольку «официально признанны») настолько перекореживаются в интерпретациях «официальной», «академической» исторической науки, что уже превращаются в недостоверность. Толку-то критиковать «недостоверность» одних источников, и плодить недостоверность других.

Приведу всего один пример по всем известному тексту. Стараниями «академических» историков повсеместно известно, что древние славяне были настолько бестолковы, настолько не могли навести у себя порядок, что пригласили хозяев со стороны, то ли немцев, то ли шведов. И это историческое событие празднуется (!) и в современной России. Введен особый праздничный день. Во всех соответствующих учебниках приведен следующий текст, переложенный из «Повести Временных лет» (Лаврентьевской летописи) академиком Д.С. Лихачевым: «Земля наша велика и обильна, а порядка в ней нет».

На самом деле текст гласит: «Земля наша велика и обильна, а *наряда* в ней нет». Те, кто служил в армии и ходил в наряд, хорошо знают, что это такое. Тест можно было вполне перевести как «Земля наша велика и обильна, а воинского гарнизона в ней нет». Нет наёмников. Надо найти. В Европе это было обычным делом, но это никогда не считалось указанием, что жители были бестолковые, что у них не было порядка.

Чтобы не уподобляться академическим источникам, приведем варианты этого короткого фрагмента из разных летописей, собранные К. Пензевым:

- «земля наша велика и обильна, а наряда у насъ нету (Синодальный список Новгородской Первой летописи)

- «Земля наша велика и обилна, а наряда в ней нетъ» (Лаврентьевская летопись)
- «Земля наша велика и обилна, а наряда въ ней нетъ (Ипатьевская летопись)
- «Вся земля наша добра есть и велика и изобилна всемъ, а нарядника в ней ньсть» (Типографская летопись)
- «Земля наша добра и велика есть, изьобилна всем, а нарядника в неи нет» (Никифоровская летопись)
- «Вся земля наша добра есть и велика и изобильна всем, а рядника в ней нет» (Пискаревский летописец)
- «Земля наша добра и велика есть, изобилна всимъ, а нарядника в неи нетъ» (Супрасльская летопись)

Как видно, перевод слов «наряд» и «нарядник» в то, что у славян нет порядка, принципиально меняет смысл сказанного. Можно, конечно, начинать жонглировать словами, и по цепочке слов «доказать» что угодно, в том числе и то, что славяне всегда были глупые, бестолковые, отсталые и примитивные, но для того, чтобы это жонглирование вскрыть, и существуют независимые, свободные Академии и прочие научные ассоциации, организации, содружества.

Именно по этой причине была создана Российская Академия ДНК-генеалогии. А конкретная причина была. Дело в том, что та самая популяционная генетика, о которой речь шла выше, вышла за пределы своей компетенции, точнее, компетенции ведущих авторов этой дисциплины, и принялась вычислять хронологические показатели популяций на основе мутаций в Y хромосомах представителей этих популяций. При этом поггенетики, которые начали этим заниматься, имели крайне слабое представление о существовании четких правил подобных расчетов. Эти правила давно выработаны наукой под названием «кинетика химических реакций», или «химическая кинетика». Мутации в Y-хромосомах представляют множество последовательно-параллельных реакций, причем реакций обратимых. Каждая их них характеризуется своей константой скорости реакции, которые можно складывать или вычитать по определенным правилам. Эта совокупность реакций (мутаций) может подразделяться на группы так, что в каждой группе есть строгое соответствие между накоплением мутаций в гаплотипах (то есть определенных фрагментах хромосомы) и исчезновением самих исходных гаплотипов. А если на группы не подразделять, то такого соответствия не будет. Будет каша из гаплотипов.

Это можно упрощенно показать на примере кусочка радиоактивного материала. Распад материала сопровождается как потоком радиации, которую можно количественно измерять, так и уменьшением веса этого

материала. Между этими двумя процессами есть строгое количественное соответствие, которое описывается константой скорости радиоактивного превращения. Если материал «чистый», то есть изотоп один, то константа скорости описывает процесс кинетики первого порядка. Это – логарифмическая зависимость. Она же – экспоненциальная, если уравнения записать по-другому, хотя суть останется той же.

А вот если смешать разные радиоактивные изотопы, разные кусочки разных радиоактивных материалов, то процесса с кинетикой первого порядка уже не будет. Будет сложная зависимость, суперпозиция разных процессов, уравнений, констант скоростей. Специалист в области химической кинетики знает, как такие сложные процессы анализировать, а популяционист, конечно, не знает. У него другое образование. Он знает многое другое, но не то, как проводить расчеты сложных процессов накопления мутаций в гаплотипах.

Поэтому популяционист, не имея этого понятия, продолжает считать «на пальцах», принимая «по умолчанию» сложный процесс за простой, и получая некую эффективную хронологию, не имеющую никакого отношения к реальности. При этом вводятся некие «скорости мутации» (на самом деле не скорости, а константы скоростей, но популяционисты обычно не знают и этого), которые считают нечто фантомное. На основании этого делаются выводы исторического характера, порой весьма забавные. И все это публикуется в академических научных журналах. То, что там с этими безумными расчетами нагромождено за последние десять лет, просто не укладывается в голову. Примерно семь лет назад в этих академических журналах фактически узаконен «метод расчета», который завышает временные показатели хронологии популяций в диапазоне 200-400%. А на сколько именно – неизвестно, поскольку зависит от многих факторов, которые авторами не учитываются и не контролируются. Эта безумная, повторяю, «скорость мутации» получила название «популяционная», в отличие от другой, «генеалогической», которая популяционистами тоже фактически не определена, и правил, когда применять «популяционную» скорость, а когда «генеалогическую», тоже не существует. Да и существовать не может, потому что порочны и та, и другая, в том отношении, что только специальный анализ может показать, какую константу скорости мутации следует применять. А она не «популяционная» и не «генеалогическая». Она задается самой системой гаплотипов, их, гаплотипов, строением, видом «дерева гаплотипов», видом их ветвей (то есть совокупностью наследственных линий) и так далее.

Вот для того, чтобы пересмотреть ту свалку, которую создали в литературе «популяционные генетики», ввести четкие правила расчетов мутаций в гаплотипах, и создать новые, более корректные интерпретации

получающихся результатов – для того и было создано новое направление, получившее название ДНК-генеалогия. Время создания – 2007-2008 гг. Группа энтузиастов создала Российскую Академию ДНК-генеалогии – неформальное объединение, с дискуссионным Форумом на базе сайта www.rodstvo.ru и со своим печатным изданием под названием Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии. Издание выходит в Канаде, в бумажном и сетевом вариантах. Сетевой, электронный вариант доступен бесплатно для любого желающего.

Вестник Российской Академии ДНК-генеалогии

К настоящему времени, с июня 2008 по июль 2011 года, вышло 32 выпуска журнала, более 6 тысяч страниц, содержащих более 300 статей, плюс около сотни ответов на письма читателей с разбором их персональных ситуаций в ДНК-генеалогии. Многие статьи представляют собой детальные рассмотрения работ, свежее опубликованных в «академических» журналах, пересчетами данных, опубликованных в «академических статьях», выдвигания альтернативных гипотез, критический анализ статей в Википедии, содержащих откровенно искаженные данные, или концепции, отставшие от времени.

Вопреки ложным утверждениям «критика» Сабитова, Академия не оперирует термином «академик ДНК-генеалогии», или «академик» вообще. В русском языке термин «академик» имеет свое место, и относится (или относился) только к Императорской Академии наук, Академии наук СССР и Российской Академии наук. В англоязычной литературе термина «академик» в данном смысле вообще нет. «Академик» там – это любой университетский ученый, а «академия» – система университетского преподавания и научных исследований. Член академии наук там или Member, или Fellow, второе, как правило, более почетно. На мой личный взгляд, употребление в русском языке термина «академик» в приложении к членам сообществ, помимо РАН, отражает дурной вкус произносящего. Поэтому этот термин не имеет хождения в Академии ДНК-генеалогии. Естественно, люди вольны употреблять любые термины, но из Вестника я как редактор этот термин убираю, особенно в применении к конкретным людям. За примерами далеко ходить не надо – на стр. 1096 в майском номере Вестника автор статьи употребил этот термин в обороте «в работе были использованы работы академиков Академии ДНК-генеалогии А. Клёсова и И. Рожанского», который мной как редактором был исправлен на «... использованы работы членов Академии...». Так что и здесь «критик» Ж. Сабитов опять соврамши, утверждая, что в Академии принят термин «академик».

Теперь об отборе материалов для выпусков Вестника. Естественно, в первую очередь отбираются статьи, содержащие материалы по ДНК-генеалогии, расчеты картин мутаций по гаплотипам, анализ констант скоростей мутаций маркеров и гаплотипов, исторические интерпретации, основанные на ДНК-генеалогическом анализе. Далее, принимаются статьи по сопряженным дисциплинам, в тех случаях, когда они содержат материалы, которые могут помочь в подобных интерпретациях, а именно, по лингвистике, истории, археологии, антропологии, климатологии. Особое внимание проявляется к статьям, подаваемым из бывших союзных республик, даже когда они «не дотягивают» до высокого научного уровня, или не совсем относятся к ДНК-генеалогии. В таких случаях к таким статьям часто дается предисловие или послесловие редактора, в котором показывается эта связь, и подчеркивается важность материала в контексте вопросов ДНК-генеалогии. Это, на взгляд редактора, важно для развития науки по данной тематике в бывших союзных республиках, а ныне – молодых странах, в которых происходит только становление ряда научных направлений. Таких авторов надо морально поддерживать. Именно по этой причине в свое время (Вестник, т. 2, № 4, 2009) появилась статья Ж. Сабитова, которая не вытягивала на должный уровень, но казахского автора надо было поддержать. Поэтому я дал предисловие, насыщенное ДНК-генеалогией и расчетами, и провел расчеты и дал ДНК-генеалогический материал, опять же с расчетами, для последней части статьи Ж. Сабитова. Автор, правда, это даже не отметил, но мне это и не было нужно. Главное – поддержал провинциального автора, уже хорошо.

Это же было и с недавней работой автора из Кзыл-Орды под названием «Предки Чингиз-хана Кият-Борджигины как возможные носители гаплогруппы R1a1» (Вестник № 5, май 2011). Строго говоря, ничего нового в статье не было, не было и ДНК-генеалогии. Была фраза «с учетом всех перечисленных фактов (о предках Чингиз-хана – АК) автор считает, что гаплогруппой кият-борджигинов являлась гаплогруппа R1a1, которая случайным образом оказалась среди монгол». Перед этим было подробно процитировано «Сокровенное сказание монголов», тоже широко известное в литературе. Но автора, повторяю, надо было поддержать. Поэтому к статье в четыре страницы было дано послесловие редактора в три с половиной страницы, которое начиналось так:

«Интересующихся вопросом о возможной принадлежности Чингиз-хана к европеоидной расе можно отослать к глубокому исследованию Константина Пензева «Демугин Хингей. Легенда о белом царе». Оно издано в составе книги «За Китайской стеной» в изд-ве «Алгоритм», М., 2007. Глава «Раса и этнос», открывающая книгу, начинается с эпиграфа – *«Можно считать доказанным существование в былые времена в Центральной и*

Северной Азии расы с зелеными глазами и рыжими волосами. Но что же случилось с ней?» (П. Топинар)

В этой книге К. Пензев описывает историю написания Рашид-ад-Дином (с авторским коллективом) исторического труда по истории Дома Чингизидов по заказу Газан-хана; труд был написан в течение 10 лет, с 1300 по 1310/11 г.г. И в настоящее время исторический труд «Джами' ат-таварих» не имеет аналогов и является наиболее полным произведением по могольской истории, как пишет К. Пензев (кстати, в слове «могольской» опечатки нет). Рашид-ад-дин лично свидетельствует, что еще в 1310 году большинство Чингизидов были светловолосыми и синеглазыми людьми. Это же пишет Л.Н. Гумилев в книге «Поиски вымышленного царства»...

И далее в послесловии даются гаплотипы и некоторые расчеты. Кто был автор статьи, который представился как Абдыхалык Тарихи, я не проверял. Как не проверял в свое время, кто был автор по имени Жаксылык Сабитов, настоящее это имя или псевдоним. Поэтому мне забавно, что «критик» Ж. Сабитов посвятил этому абсолютно незначающему вопросу 266 слов, или 1791 знаков, начав со слов *«Для начала стоит познакомить читателей с личностью Абдыхалыка Тарихи»*. Да кого это в данном контексте интересует, как и личность Жаксылыка Сабитова? Я только могу предположить, что Ж. Сабитова «душит жаба», что его кумир Чингиз-хан вполне мог оказаться носителем гаплогруппы R1a1, иметь славянских предков, и быть вовсе не степняком, как об этом фактически и повествует «Сокровенное сказание монголов», несмотря на то, что сам Сабитов, судя по его комментариям, имеет гаплогруппу R1a1. «Критик» радостно объявляет, что «статья, сданная в Вестник, является фольк-историческим бредом», и намекает, что написана им самим (*«а точнее мной или нами»*). Возможно, меня это тоже не интересует. Это скорее показывает паранойю «критика» Сабитова и его зашкальное, идиосинкратическое внимание к Вестнику. Но дело, повторяю, в том, что гипотеза о том, что Чингиз-хан был европеоидом и по облику, и по образу жизни, отнюдь не нова, и имеет давние исторические корни. Прочитав кое-что, имеющее отношение к данному вопросу, из своего Послесловия к обсуждаемой статье:

К. Пензев в своей книге уделяет много внимания тому, что род Чингиз-хана не были степняками, и «Сокровенное сказание» их в степняки отнюдь не определяет. Вот как описывает, например, этот источник занятие Темучжина в детстве – а именно рыбную ловлю: *«Наживляя негодную рыбешку, стали удить. Притравляя игольные крючья-удочки стали выуживать ленков и хайрюзов. Сплетая сети-невода, стали вылавливать рыбку-плотвичку. В знак сыновней почтительности стали и сами кормить свою мать»*. Неплохое занятие для степняков, не так ли? А другие *«занимались кто рыбной ловлей в*

реке Килхо, кто ловлей соболей или звериной охотой». В степи, как известно, соболей, как и других куньих, не бывает. Еще про Есугай-Баатура, отца Чингиз-хана – «В ту пору, охотясь однажды по реке Онону за птицей...». Интересно, встречал ли кто степняков, которые едят птицу, в частности, утку... Да и сам Чингиз-хан родился, согласно «Сокровенному сказанию», в урочище Делиун-балдах, на Ононе. Урочище, как известно, к степи отношения не имеет. Скорее к лесу.

Я не буду пересказывать исследование К. Пензева, там много интересного, но суть в том, что никакой степи в описании детства и юношества Чингиз-хана не просматривается. Постоянные упоминания охоты в лесу, бегство от врагов тоже в лес, сосед-кузнец «с раздувальным мехом за плечами». Можно подумать, что кузнецы кочуют по степи.

Короче, слишком много данных, что Чингиз-хан и затем чингизиды вряд ли имели гаплогруппу С, которую второпях приписала им академическая литература по популяционной генетике. R1a или R1b – не знаю, но это более вероятно, чем «монголоидные» гаплогруппы.

Занятно, что Ж. Сабитов этих положений в своей «критике» и не касается. Он их молча проглотил. Вот потому я и написал выше, что его критика есть болтовня, пустословие. Bullshit. Ничего предметного она не затрагивает. Сабитов восторженно излагает, что автор подал статью под псевдонимом. Да, большое дело. Далее, еще 535 слов (3790 знаков) «критик» посвятил разным «моделям» взаимодействия авторов и журналов, упирая на некую «казахстанскую модель», представляющую некий «вид бизнеса», и дальше переезжает на некие ВАКовские журналы, которые якобы «делают деньги» на публикациях. Опять болтовня и пустословие. При чем здесь Вестник, который никаких денег за публикации не берет, и журнал его бесплатно «скачивается» с сайта издательства, и с личного сайта редактора Вестника по адресу <http://aklyosov.home.comcast.net> Или это очередная «провокация» «критика» Ж. Сабитова, которыми он так гордится? В его «рецензии» - сплошные передергивания, подтасовки, и та самая болтовня, пустословие. Причем здесь «Число рецензий, написанных Люсьеном Февром достигает четырехзначной цифры! У Марка Блока рецензий меньше – всего несколько сотен». К чему это? «Критик» Сабитов постоянно напоминает пустого позера, который, как павлин, крутится на сцене, полагая, что «делает красиво». Очередные 301 слова потрачены на описание некой «дилеммы узника» и на цитирование книги «Эволюция кооперации» Роберта Аксельрода, который эту дилемму расширил, и прочее. Очередное «па» на сцене нарцисса Сабитова, как это ни смешно звучит.

Доходит до абсурда. «Критик» Сабитов пишет: *«стоит заметить, что многие авторы Russian Journal of Genetic Genealogy не считают зазорным ссылаться на редактора Вестника, в то время как со стороны Вестника этого нет в силу того, что для них не очень важна научная составляющая статьи... То есть... публикации других журналов просто игнорируют».*

Это как написать, что журнал «Красная поппгенетика» цитирует журнал Nature, а вот тот, журнал Nature, бессовестно не цитирует «Красную поппгенетику». Для Nature, понимаете ли, «не очень важна научная составляющая статьи». Они просто игнорируют публикации других журналов, какой кошмар.

И не приходит в голову «критику» Сабитову, что Вестник не цитирует RJGG просто потому, что статьи там неинтересные, неважные, и ДНК-генеалогии там просто нет. Есть та же поппгенетика, которой Вестник просто не интересуется. Пару раз прошли в Вестнике рецензии на статьи в RJGG, на статьи совершенно примитивные («Показательные замечания по показательной же статье 'Y- гаплогруппы носителей арийского языка' А.Алиева и А. Смирнова», Вестник, 2010, апрель; «Несколько комментариев к статье А. Штрунова 'Происхождение гаплогруппы I1-M253 в Восточное Европе», Вестник, 2010, июнь), а потом надоело. Что ни статья там, то недоразумение. То очередной поппгенетик статью написал, в которой рассчитывает время появления негритянской гаплогруппы в России, и рассчитывает опять неправильно. То опять некто Алиев рассуждает о том, кто были арии, выставляя очередную версию раскритикованной статьи. В текущем, 2011 году, в RJGG вообще вышли всего две статьи, одна того же Алиева, другая – Тартаковского про его предков из Житомира в середине 19-го века, с четырьмя гаплотипами и полным отсутствием ДНК-генеалогии. Это что, насмешка над читателями?

Что этот журнал цитировать, когда там нечего цитировать? Уж не статью ли Алиева, который в который раз ищет предков ариев в Индии, упорно обходя очевидное, что потомки ариев в Индии имеют такие же гаплотипы, что и современные этнические русские гаплогруппы R1a1. Вот прямая иллюстрация, чего там искать... Это – мой 67-маркерный гаплотип

13 24 16 11 11 15 12 12 10 13 11 30 – 16 9 10 11 11 24 14 20 34 15 15 16 16 – 11 11 19
23 15 16 17 21 36 41 12 11 – 11 9 17 17 8 11 10 8 10 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 15 23
21 12 13 11 13 11 11 12 13

а это - три типичных 67-маркерных гаплотипа индийцев-«индоевропейцев», потомков ариев, совершенно неупорядоченно взятых с индийского сайта FTDNA. Мутационные различия между ними выделены:

13 24 **17 10** 11 14 12 12 10 13 11 **32** – 16 9 10 11 11 24 14 20 **31** 12 15 15 16 – 11 **10** 19
23 **16 16 17 20 33 34** 13 11 – 11 8 17 17 8 11 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 14 23
21 13 13 11 13 11 11 12 **13**

13 24 16 11 11 14 12 12 10 13 11 **31** -- 16 9 10 11 11 24 14 20 **33** 12 15 15 16 – **10** 12 19
23 15 17 18 **18 35 41 15** 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 15 10 12 12 13 8 **13** 23
21 **12 12** 11 13 **10** 11 12 12

13 **23** 16 11 **12 15** 12 12 10 13 11 **30** – – 9 10 11 11 24 14 20 **30** 12 **16 16** 16 – 11 12 19
23 15 16 18 **21 35 39 12** 11 – 11 8 17 17 8 12 10 8 11 10 12 22 22 **16** 10 12 12 13 8 14 **24**
22 13 13 11 13 11 11 12 12

Степень сходства между гаплотипами видна сразу. Заметим, что число мутаций между индийскими гаплотипами попарно равно 27-30, и между славянским (по определению) моим гаплотипом и каждым из индийских – тоже попарно – мутационная разница равна 25-30. Иначе говоря, мой гаплотип ближе к индийцам, чем они сами между собой. На самом деле это различие в пределах погрешности, и различия практически равны друг другу.

Для примера - типичный базовый западноевропейский гаплотип (гаплогруппы R1b), который (и его производные) имеют примерно 60% западно- и центрально-европейцев, и до 90% жителей Британских островов, имеет вид

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

Число мутаций между ним и индийскими гаплотипами (и гаплотипами этнических русских) приближается к 50-ти, что не удивительно – их предков разделяют не менее тридцати тысяч лет. В Индии и Иране гаплотипов гаплогруппы R1b очень мало, почти нет. Среди ариев 3500 лет назад предков современных западноевропейцев, похоже, не было. Стоит отметить, что в высших индийских кастах в настоящее время до 72% носителей гаплогруппы R1a1, то есть потомков праславянских предков гаплогруппы R1a1. В то же время среди протестированных 367 браминов ни у одного не оказалось гаплогруппы R1b. Общий предок современных этнических русских гаплогруппы R1a1 жил около пяти тысяч лет назад, индийских «индоевропейских» гаплотипов гаплогруппы R1a1 – примерно четыре тысячи лет назад (Клёсов, *Биохимия*, т. 76, № 5, стр. 636-653, 2011).

Так что искать предков ариев уже ни к чему, найдены. Это те же предки, что и у половины современных этнических русских. Все это изучено, и

опубликовано в Вестнике по меньшей мере в двух десятках статей. Все возможные гаплогруппы давно проверены, и показано, что арии – именно гаплогруппы R1a1. Гаплогруппы большинства славян. Но это очень не нравится издателям и авторам RJGG, ну очень не нравится. Не нравится ни Сабитову, ни Алиеву, никому из них. Ни одну из этих двух десятков статей про гаплогруппу R1a1 у ариев Алиев и не цитирует. Зачем ему? У него же другая. И это, как ни странно, ставится во главу угла. И то, что у Чингизхана тоже, вполне возможно, гаплогруппа R1a1, приводит Сабитовых-Алиевых в состояние неистовства. Как же, славянам такую честь оказывать.

Еще к вопросу о болтовне «критика» Ж. Сабитова. В своих обличениях он переходит на тематику цитирования, утверждая, что RJGG цитируется (или должен цитироваться, по мнению «критика») лучше, чем Вестник. Я бы вообще не затрагивал вопросы цитируемости для столь новых изданий и по столь новой научной дисциплине, как ДНК-генеалогия. Но раз вопрос затронут, придется пристыдить «критика» Сабитова в очередной раз. Открываем известный сетевой индекс цитируемости QuadSearch, находим мою фамилию. Должен сказать, что этот индекс отражает в основном цитируемость в зарубежной литературе, в первую очередь в англоязычной. Из ссылок в русскоязычных изданиях туда попадает немного. Но что есть, то есть. Так вот, на мои работы там на конец мая 1051 ссылка. Из них на работы по ДНК-генеалогии 41 ссылка. Из них на статьи в Вестнике – 28 ссылок. Ну, г-н «критик», сколько ссылок в научных изданиях, отраженных в QuadSearch, на статьи в RJGG?

Вот потому и болтовня и пустословие «критика». Главное – пшикнуть, а содержания нет.

Возвращаемся к принципу отбора статей в Вестник. Один, как уже описано – статьи непосредственно по ДНК-генеалогии. Второй – поддержать молодых авторов, особенно с периферии, особенно «нацкадров», пользуясь устаревшим термином, пусть с жертвой качества, поправляемым предисловием или послесловием. В некоторых случаях подаваемая статья настолько неверна в основных (и прочих) положениях, что является полезной «для воспитания молодежи» при ее детальном разборе, с демонстрацией, как не надо делать, и как надо. Таких было несколько статей, которые приходилось давать в разбивку комментариями. Обычно я согласую с авторами такой вариант. Отказов пока не было.

Наконец, есть еще один вид статей, публикуемых в Вестнике. Обычно они идут под рубрикой «Неортодоксальные концепции», но не всегда. Я процитирую фрагмент предисловия к первой статье в такой рубрике, опустив фамилию автора, поскольку дело не в фамилии, а в концепции редактора:

Помещаемой ниже статьей мы открываем новую рубрику – «Неортодоксальные концепции». Это – те, в отношении которых рука не поднимается редактировать. Редактирование – это ведь обычно приглаживание материала под каноны и стандарты, и не только к формату, принятому в издании, но и к образу мышления, если угодно, к принятым нормам научного знания, к парадигме данной области науки.

Но есть исследователи, которые не вписываются в эти каноны и рамки. К ним относится ... (автор). У него – оригинальное, своеобразное мышление. Своими выводами он порой эпатаживает читателя, начиная с редактора. К счастью, у нас издание более толерантное, чем обычные академические издания. И причина проста – если гипотеза и ее обоснование окажутся ошибочными – ничего страшного, ошибочных гипотез и неверных обоснований полно и в академических изданиях. Ее тогда просто скоро забудут, или опровергнут и забудут, и дело с концом. Но если она подтвердится, хотя бы частично, наука от этого только выиграет. Выиграет наука и от того, что люди, читая, будут ДУМАТЬ, желая или подтвердить или опровергнуть – в зависимости от того, какое у кого «устройство мозга».

Предлагаемая статья не вписывается в обычную парадигму наших представлений об истории человечества. Но кто мы такие, чтобы считать, что наши представления во всем верные? Что мы знаем о том, что происходило более 25 тысяч лет назад? С одной стороны, «мы» знаем, что монументальные сооружения, такие, как Сфинкс, не могли, ну просто не могли быть сооружены более 25 тысяч лет назад. Мы не знаем таких, кто это мог бы сделать в те времена. Скорее всего, таких и не было. С другой стороны, специалист по обсуждаемым вопросам убежден, что именно так и было, и предлагает связное обоснование. Кто станет арбитром? На основании какого ЗНАНИЯ? Его нет, есть общие ощущения, соображения, интерпретации. Так что вопрос «а судьи кто?» остается неразрешенным.

Поэтому давайте почитаем и подумаем. Решим каждый для себя этот вопрос. А информации в статье ... (автор) дает много. Это – уже хорошо. Уже заслуживает публикации.

Ну, и кому мешают такие публикации, которые заставляют читателя думать? Не хочет думать – пусть с негодованием откладывает статью. Таким уже ничем помочь нельзя. Если читатель ЗНАЕТ ответ, и ЗНАЕТ, что автор заблуждается – милости просим, изложите свое знание во встречной статье. Разложите по полочкам, приведите доказательства, обоснуйте. Наука

только от этого выиграет. Но не пишут, не знают, нет доказательств, нет обоснований. Есть только глухое возмущение, что автор, негодяй такой, осмелился пойти против толпы, против «общего мнения», против «мейнстрима». Зачем ему разрешили?! Как он посмел? Как посмел редактор?

Почитайте «критику» Ж. Сабитова. Узнаете стиль и направленность?

Нет ничего больше антинаучного, чем вот такое. Чем вот такое «держат и не пушат».

Так вот, моя позиция, моя убежденность как редактора издания, как профессионального научного сотрудника, как обладателя научных премий и наград, как члена Всемирной Академии наук и искусств, в конце концов, моя привилегия и мое право давать трибуну людям с неортодоксальными концепциями. Если изложение, материал противоречит фактам, идет вразрез с доказанными и обоснованными положениями, тогда моя обязанность потребовать от автора возразить в ответ на доказанные и обоснованные положения. Не может возразить и обосновать – нет материала в Вестнике, я его снимаю.

Но такого, как правило, нет. Нет доказанных и обоснованных положений против тех самых «неортодоксальных концепций» в Вестнике. Есть вялое «это неправильно». Есть более «обоснованные», типа «*Вы сочинили и напечатали в своем умном сочинении, как сказал мне Герасимов, что будто бы на самом величайшем светиле, на солнце, есть черные пятнушки. Этого не может быть, потому что этого не может быть никогда. Как Вы могли видеть на солнце пятна, если на солнце нельзя глядеть простыми человеческими глазами, и для чего на нем пятна, если и без них можно обойтись?*». Узнаете стиль «критика» Ж. Сабитова? Типа «у Чингиз-хана не может быть гаплогруппы R1a1, потому что этого не может быть никогда». А спроси его – а данные у вас есть? Нет у него данных. Вот так он и Золотую орду наверняка изучает.

И отсюда плавно переходим к Велесовой книге, и к тому, почему Вестник печатает исследования на эту тему. Да потому, что это исследования. Вопрос все тот же – кому это мешает? Кому мешает то, что автор этих исследований собирает материал по истории Руси, пытается сопоставить разные факты, интерпретации, наблюдения, сказания, мифы, изучает мегалиты по всей территории Евразии вообще и на Кавказе в особенности, сопоставляет с текстом Велесовой книги и пытается найти взаимосвязи, параллели, альтернативные толкования? Кому это мешает? Откуда такое рвение опять «держат и не пушат»? Запретить? Не давать возможности? Откуда это?

Кто на свете точно знает, каковы истоки и источники Велесовой книги? С каких пор аргумент «такая докириллическая письменность науке неизвестна» стал основным? С каких пор отсутствие оригинала стало негативным аргументом, когда его нет ни для Библии, ни для практически никакой древней летописи, ни для «Слова о Полку Игореве»? Да если есть хоть один процент вероятности, что Велесова книга – древний источник, продукт многократных переписчиков на протяжении многих веков, как и любая летопись, то это преступление – мешать вести исследования этого материала. Да и опять тот же вопрос – кому это мешает? С каких пор казахский исследователь Золотой орды лезет в дела исследователей древней русской истории и объявляет это антинаучным? Он что, не видит вопиющую неуместность и нетактичность своего поведения?

Именно потому, что вот такие люди с контрнаучным складом мозга лезут поперек исследований древней русской истории, я и предоставляю страницы нашего издания этим исследователям. Если когда-нибудь будет признано, что Велесова книга – древний славянский литературный источник, я буду искренне рад, что был среди тех, кто не поддался на промывание мозгов, на истощное отрицание права Велесовой книги на изучение и исследование, и отстаивал свободу научного творчества, предоставив страницы издания, редактором которого являюсь.

Именно для поощрения научного творчества и создано новое научное направление под названием ДНК-генеалогия, создана Российская Академия ДНК-генеалогии, создан ее Вестник, и страницы Вестника открыты для изложения результатов научных исследований в области истории, лингвистики, археологии, антропологии, ДНК-генеалогии, и в особенности исследований, связывающих эти дисциплины.

Стоит упомянуть, что в продолжение указанной выше статьи Ж. Сабитова вышла его последующая статья, под названием «О методологии истории и популяционной генетики». Автор опять путает божий дар с яичницей, доказывая, что популяционная генетика не может быть «альтернативой истории». Естественно, не может, по описанным выше причинам – ни по целям-задачам, ни по методологии. Да и вообще, само понятие «альтернатива истории» бессмысленное или по меньшей мере неумное. Эта новая статья насыщена банальностями, как «всякая наука творчество, но не всякое творчество наука». Спасибо, растолковал, а то без него это не знали. Штука в том, что эту сентенцию автор привязывает к моим словам, что наш коллега, занимающийся изучением Велесовой книги и сопряженными вопросами древнерусской истории, занимается «творчеством». –Ага! – фигурально восклицает Ж. Сабитов – он сам назвал это творчеством, а не наукой!

Да, и назвал это вполне осознанно. Потому что наши коллеги, занимающиеся ДНК-генеалогией, действительно не всегда строго соответствуют научным критериям. Они и не обязаны все соответствовать, они не профессиональные научные сотрудники. Но они занимаются творчеством, а это очень немало. Задача Академии ДНК-генеалогии, как и любой академии – заниматься и популяризацией науки, вызывать интерес к научному творчеству, а то и давать креативно мыслящим людям интеллектуальную, увлекательную забаву. Опять – кому это мешает? Почему самодуры-администраторы (ментальные), самоназвавшиеся цензорами, пытаются все регулировать, типа «ату их, они творчеством занимается, а должны наукой». Кому ДОЛЖНЫ? Сабитову??

Опять и опять в своей последующей статье самодур-«администратор» создает соломенные чучела, им самим же придуманные, которые сам же и атакует. Что Академия ДНК-генеалогии (которая Ж. Сабитову спать мешает, доводя до паранойи) якобы исповедует принцип «Мы(R1a-арии)-Они(не R1a-неарии)». Действительно, паранойя. Где он такое увидел? В Вестнике ДНК-генеалогии публикациями представлены все гаплогруппы, а по гаплогруппе R1b публикаций в Вестнике больше, чем по R1a. Воистину, жаба «критика» душит. То же самое, «критик» приписывает нам якобы выражение «Русская равнина от Пиренеев до Анд». Очередной приступ паранойи? Еще один приступ – и идет немотивированная цитата «12 тысяч лет балканским R1a». Немотивированная – потому что опровергнуть эту датировку Ж. Сабитов не может. Она – расчетная по группе европейских гаплотипов R1a1. Раньше (в 2008 году) она была найдена по коротким, 9-маркерным гаплотипам, потом подтвердилась по 25-, 37- и 67-маркерным, в нынешнем выпуске Вестника – по «медленным» 22-маркерным гаплотипам. Можно, конечно, обсуждать, где жил дальний предок этих гаплотипов, но Ж. Сабитов о другом. Это него просто параноидальный выброс эмоций. Он не понимает основ методологии ДНК-генеалогии, сути расчетов, характера выводов, вот и бесится. Потому что хочется держать и не пущать, а не получается.

То, что он не понимает даже элементарных вещей, следует из его пассажа про «прототюрков и басков». Написав «прототюрков», он не понимает, что это были вовсе не современные тюрки – ни по языку, ни по этничности, ни по религии. Вот что писал член-корреспондент АН СССР, востоковед С.Е. Малов еще в 1952 году: *«Языки... представляют собой результат очень большого развития и, таким образом, можно с несомненностью предположить, что тюркские языки, которые мы знаем и которые мы без особого труда могли бы понять, т. е. тюркские языки в настоящем их, известном нам, составе и теперешней конституции были за несколько веков до нашего летосчисления, веков за пять! Уходить же дальше, в глубь веков, в историю тюркских языков нам не позволяет наше знание, или, лучше сказать, - наше незнание. Разумеется, и*

далее, в глуби веков, были тюркские языки, но их мы со своим теперешним знанием не поняли бы; нам неизвестны были бы какие-либо звуковые чередования, особые фонетические законы и тогдашняя лексика, особенно по каким-либо реалиям древних тюрков».

А вот что советует самодур-администратор: «... следовало бы найти в сети слова из баскского словаря и сверить их с тюркскими словами ... чтобы выяснить, родственны ли баски тюркам». Вот она, жертва популяционной генетики. Ему про древность, он, ни моргнув глазом, про современные языки. А я ведь пишу про времена давностью 12-5 тысяч лет назад.

Куда конь с копытом, туда и Ж. Сабитов с клешней. Ему надо «конечно, исключить данные, рассчитанные по 4-6 маркерам». Можно подумать, он в этом хоть что-то понимает. Несколько десятков 5-6 маркерных гаплотипов сразу дают понять, и совершенно ясно, насколько древние предки этих гаплотипов, если гаплотипы типированы правильно. Если в таких 5-6 маркерных гаплотипах значительно варьируются «медленные маркеры», то предки очень древние, и можно оценить, насколько древние. Часто в этом задача и заключается. А серии 4-маркерных гаплотипов DYS464 позволяют взглянуть на популяции и их историю под совершенно другим, неожиданным углом, и получать важные данные по ветвям популяций (см. например, Вестник, февраль 2011, том 4, №2, стр. 215-245).

Повторю опять: именно для поощрения научного творчества и создано новое научное направление под названием ДНК-генеалогия, создана Российская Академия ДНК-генеалогии, создан ее Вестник, и страницы Вестника открыты для изложения результатов научных исследований в области истории, лингвистики, археологии, антропологии, ДНК-генеалогии, и в особенности исследований, связывающих эти дисциплины.

DISCUSSIONS and Correspondence on DNA Genealogy

The mutation rate constant for the 111 marker haplotype panel

Anatole A. Klyosov

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

First, the letter which I have received:

From your works I know that the mutation rate constant for the 67 marker haplotype is 0.12 mut/haplotype/generation of 25 years (0.12 was calibrated for 25 year/generation). What is the mutation rate constant for 111 markers? Has this been determined yet?

Second, we have two individuals in our project who are being tested for 111 markers. They were a genetic distance of one mutation at 67 markers. And they have four mutations at 111 markers.

Is there a formula for testing the MRCA Age for two haplotypes (at 111 markers)? I would like to determine the age difference between two individuals at 67 markers and two at 111 markers. Can I use the same formula I used for 67 markers for our group (just changing the mutation rate constant)?

MY RESPONSE:

First, an easy part.

If the two individuals differ by 1 mutation between their 67 marker haplotypes, their common ancestor lived 100 ± 100 years ago. Such a wide span is determined by just one mutation. Even intuitively it is clear that one mutation can statistically be zero or two, hence, 100% confidence interval.

However, with just one mutation per 67 haplotypes four more conditions should be observed: (1) the same subclade, (2) the same or similar last names (except orphans), (3) the same territory 100-200 years ago, (4) the same relatives. The

thing is that if none of the three is observed, that one mutation can be a seldom but a coincidence. Even 67 marker haplotypes have a limited number of variations, and this number can be mathematically (statistically) calculated. It is certainly not that great (maybe in thousands or tens of thousands variations), and for millions of people that should be hundreds or maybe even thousands exact matches between two randomly picked 67 marker haplotypes.

With a mutation difference (MD) of 1 ± 1 for 67 marker haplotypes and 4 ± 2 for 111 marker haplotypes (the last is an actual confidence interval for 4 mutations) there may be a natural overlapping, as one can see. The overlapping is even more likely, since what is 1 ± 1 for 67 marker haplotypes, is 2 ± 2 for 111-marker haplotypes at the proportional mutation rate constant. As one can see, 2 ± 2 and 4 ± 2 is essentially the same thing.

The formula for the calculations is the same as "always", that is $n/N/k = \text{generations} \times 25 \text{ years}$,
where n = number of mutations,
 N = number of haplotypes,
 k = mutation rate constant for the given haplotype format.

However, as you see, a confidence interval is wide for a small number of mutations.

Now, let's move to 111 marker haplotypes. The mutation rate constant for the 111 marker haplotype panel equals to 0.198 mutations/haplotype/generations [25 years], that is 0.00178 mut/marker/gen. Therefore, it is the same (per marker) as that for the 67 marker haplotypes, which is $0.12/67 = 0.00179$ mut/marker/gen.

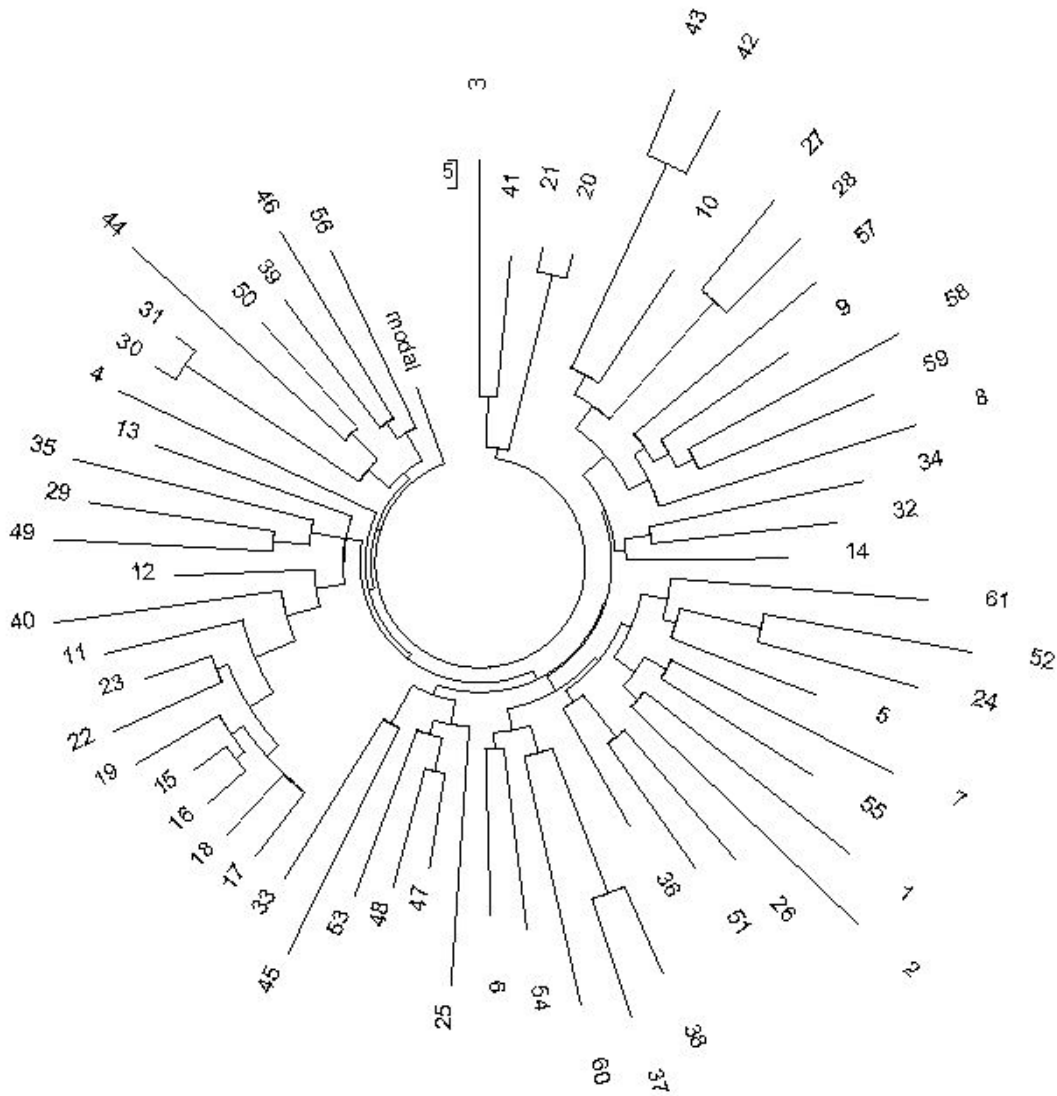
Since you have asked about "the formula", it is not the formula which rules the thing. It is the approach. You cannot use "a formula" when a dataset is a wrong one, and split into several datasets, each with its own common ancestor.

Let me explain.

The figure below shows a haplotype tree of I1 haplogroup in the 67 marker format, and I have the same haplotypes in the 111 marker format. Unfortunately, my program cannot handle 111 marker haplotypes, however, we do not need it in this particular case. The 67 marker haplotype tree is good enough to see whether the tree is symmetrical or not.

It turned out that the tree is a slightly distorted one, and represents at least two different datasets. If you look at the tree, you see a few branches on the tree. It is normal, provided that they all are coming from the same common ancestor. However, in this particular case they are not, and the most disturbing is the

lower right-hand side branch of 10 haplotypes (between haplotypes 12 and 17). Obviously, it is a young branch (it is shallow), hence, the distortion.



The main part of the haplotype tree (that is, the dataset) has the following base 111 marker haplotype:

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 -- 10 10 19
 21 14 14 16 20 35 38 12 10 -- 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 22 25 15 10 12 12 16 8 13 25
 20 13 13 11 12 11 11 12 11 --- 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11 11 10 12 12
 31 11 13 21 16 11 10 23 15 19 11 24 17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11

The 10 haplotype branch has the following 111 marker base haplotype (there are

10 mutations from the above in the first 67 markers, and 8 mutations more in the next 44 markers):

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 -- 10 10 19
21 14 14 16 20 35 38 12 10 -- 11 8 15 15 8 11 10 8 9 9 12 22 25 15 10 12 12 16 8 13 25
20 13 13 11 12 11 11 12 11 --- 32 12 8 17 12 24 27 19 11 12 12 13 11 9 11 11 10 12 12
31 11 13 21 16 11 10 23 15 19 11 24 17 13 15 25 12 22 18 12 14 18 9 12 11

Clearly, those 10 haplotypes cannot be mixed with the first 51 haplotypes, otherwise you get some "phantom" common ancestor, with the MRCA in between somewhere between the two. The literature is full with those phantom TMRCAs.

After the separation of the two parts of the haplotype tree, the larger one, with 51 haplotypes, contained 771 mutations in the first 67 markers from the identified base haplotypes, which gave $771/51/0.12 = 126 \rightarrow 145$ generations (this is a correction for back mutations), that is 3625 ± 385 years to their common ancestor.

By the way, it is the very known I1 haplotype, which embraces the whole Europe (England, Ireland, Scotland; all Central Europe - at least 11 countries, as well as Germany) and Eastern Europe (Poland, Ukraine, Belarus, Estonia, Lithuania, Russia). Only Scandinavian (Denmark, Sweden, Norway and Finland) and Middle East (Jordan, Lebanon, Turkey, and the Jews I1) have different base haplotypes. Their TMRCAs are also the same as of this dataset.

The second, smaller branch of 10 haplotypes contains only 57 mutations in the first 67 markers, which gives $57/10/0.12 = 48 \rightarrow 51$ generations, that is 1275 ± 210 years from their common ancestor. It is around the 8th century AD.

Before we move to the next part, here is an illustration of the might of DNA genealogy. Since the two 67-marker base haplotypes shown above differ by 10 mutations, it means that their common ancestors were separated by $10/0.12 = 83 \rightarrow 91$ generations, that is by 2275 years. Since the first one lived 3625 years ago, and the second lived 1275 years ago, THEIR common ancestor lived $(2275+3625+1275)/2 = 3590$ years ago. This is less than 1% difference from 3625 ybp. Therefore, the first base haplotype is the parent one, the second is the direct descendant.

Now, the main part. As I have indicated above, the first population, forming the main (larger) part of the tree, contains 771 mutation in their 51 of 67 marker haplotypes (with the mutation rate constants of 0.12 mut/haplotype/generation). It also contains 1273 mutations in all their 111 marker haplotypes. A simple proportion shows that 111 marker haplotypes must have their mutation rate constant equal to $0.12 \times 1273 / 771 = 0.198$

mut/hapl/generation.

To verify it, let's consider the smaller 10 haplotype branch. It contains 57 mutations in their 67 markers, and 96 mutations in their 111 markers. The same proportion gives $0.12 \times 96 / 57 = 0.202$, which is practically the same as 0.198. The difference is only 2%, however, the second branch is less precise with their only 10 haplotypes compared to 51 haplotypes.

One more verification: Since the two base haplotypes are separated by 18 mutations in their 111 marker format, it separates their common ancestors by $18 / 0.198 = 91 \rightarrow 100$ generations, that is 2500 years. THEIR common ancestor lived $(2500 + 3625 + 1275) / 2 = 3700$ years ago. It is again practically equal to 3625 years to the common ancestor of the parent branch. The difference is again only 2%.

NOTE 1: Haplotypes 30 and 31 are identical in all the 111 markers and very likely belong to the same person. I removed one and recalculated the data for 50 haplotypes, but it did not change the final result.

NOTE 2: Since the I1 tree is slightly distorted, so might be the obtained mutation rate constant. It should be verified with other datasets.

There are several criteria to test if it is one tree, or a combination. One is to compose a tree, as you saw. Another is to employ the logarithmic criterion, as explained in my paper in 2009 (Klyosov, A.A. DNA Genealogy, mutation rates, and some historical evidences written in Y-chromosome. I. Basic principles and the method. J. Genetic Genealogy, 5, 186-216, 2009).

I hope it is helpful.

Обращения читателей и персональные случаи ДНК-генеалогии

Часть 29

Анатолий Клёсов

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

ПИСЬМО ДЕВЯНОСТО ВТОРОЕ

Я живу в Болгарии, и прочитал Ваши многочисленные комментарии и исследования о гаплогруппе R1a1. Если возможно, прошу определить мою популяцию, к какой ветви рода принадлежу я, когда жил мой первый прародитель и откуда приехал? Есть ли возможность составить дерево моего гаплотипа?

Мой 37-маркерный гаплотип является: HaplogroupR1a1a1;
SNPs: 417+ M198+
SNPs: PK5- P98- M64.2- M56- M458- M434- M157.1- L176.1-

(37-маркерный гаплотип прилагается)

Я прочитал Ваши анализы о татаэрах, живущих в Северо-западном Китае:
13 24 17 10 X X X 12 X 14 12 31

Я поражен – оказалось, что есть удивительное сходство с моими показателями. Мои предки жили в г. Велес (Македония) и приехали в Софию (Болгария) в 1880 г. Возможно ли, чтобы мой гаплотип был связан с половцами и печенегами, которые поселились в Македонию в XII и XIII веках?

В Вас моя надежда, я верю единственно Вам, помогите мне узнать больше о моих прадедушках и прабабушках.

Заранее благодарю Вас от всего сердца.

МОЙ ОТВЕТ:

37 маркеров - недостаточно для выявления конкретной ветви гаплогруппы R1a. Сейчас насчитывают 22 ветви гаплогруппы R1a1, и для более-менее обоснованного отнесения нужно не менее 67 маркеров, потому что некоторые принципиальные особенности гаплотипов проявляются именно в маркерах 38-67.

Тем не менее, похоже, что Ваша линия относится к "Северо-Карпатской ветви". Эта ветвь зародилась примерно 2150 лет назад, в конце прошлой эры, отпочковавшись от Русской равнины и уйдя на запад. Предковый гаплотип этой ветви на 37 маркерах следующий:

13 25 17 11 11 14 12 12 10 13 11 17 -- 14 9 10 11 11 24 14 20 32 13 15 15 16 -- 11 12
19 23 16 16 18 19 35 39 14 11

13 **24** 17 11 11 **15** 12 12 10 **14** 11 17 -- **15** 9 10 11 11 **23** 14 20 **33** 13 15 **16** 16 -- 11 12
19 23 16 16 **16 21 34 38** 14 11

Нижний - Ваш гаплотип. Он отличается от предкового на 13 мутаций (отмечено). На самом деле расчеты показывают, что за 2150 лет в 37-маркерном гаплотипе должны накопиться - в полном соответствии с теорией - в среднем 13.2 мутации. Как видите, это практически идеально совпадает с Вашим случаем.

Если у Вас будет 67-маркерный гаплотип, тогда проверим дополнительно.

То, что Ваш гаплотип похож на восточные - в этом ничего удивительного нет. На таком малом числе маркеров все похоже.

Удачи.

LETTER NINETY-THIRD

I am the Administrator of an YDNA Project. Last year you were so kind to provide me the formula for determining the MRCA Age of a YDNA Descendant Tree. However, I hope you would not mind if I ask you a couple of more questions to try and clarify a couple of points.

I used created a base modal for 13 haplotypes of 67 markers which had 23 mutations. So the average number of mutations per marker for the tree was:

$$23/13/67=0.0264064$$

I then divided this by the average mutation rate per marker per generation for 67 markers haplotypes per 25 year generation set of .00216 and got:

$$.0264064/.00216 = 12.225 \text{ generations}$$

Or: $12.225 * 25 = 306 \text{ years.}$

Two questions:

First, in your write ups you always say 306 years $\pm X$ number of years. How do you determine X (the confidence interval)? Is it the square root of 306 or the square root of 12 generations or what?

Second, in the 13 haplotypes, 3 have a mutation distance =0 with each other. Does this influence or bias the outcome of the results? Does like haplotypes bias the results wrongly (in this case maybe shortening the number of generations)? Should I drop two of the three haplotypes from the modal?

MY RESPONSE:

>I used created a base modal for 13 haplotypes of 67 markers which had 23 mutations. So the average number of mutations per marker for the tree was:

>23/13/67=0.0264064

First, if to do it right, you have to make sure that those 23 mutations are rather random, and not group into, say, two different and distinct lineages. In the latter case you will have two base haplotypes, not one. If you neglect it, you will get a phantom "common ancestor" and a fantom TMRCA. There are various criteria how to figure it out - you can do it visually (only if the lineages are really distinct), or to compose a haplotypw tree, or to employ a logarithmic criterion.

Then (if the mutations are random indeed, or at least it is not proven otherwise), there is no need to go as you have described it in the formula. The mutation rate constant for the 67 marker haplotype is 0.12 mut/haplotype/generation of 25 years (0.12 was calibrated for 25 year/generation). This is an updated and corrected value.

$23/13/0.12 = 14.7$ generations, that is 15 generations, or 375 years. There is no point to operate with decimals, since they are within margins of error anyway.

Margins of error are determined by two factors - a margin of error in a number of mutations, and a margin of error for the mutation rate constant. After hundreds (and probably thousands) of calculation the latter value is set for 5%, that is 0.05, as the most realistic one as proven by many calibrations.

A margin of error of a number of mutations is determined by a reciprocal square root of a number of mutations, in this case it is 0.2085.

Now, for 68% confidence, the overall margin of error is a square root from a sum of square of 0.2085 and square of 0.05, that is 0.2144, or 21.44%.

The answer is 375 ± 80 years (68% confidence).

For 95% confidence, the overall margin of error is a square root from a sum of square of 2×0.2085 and square of 2×0.05 , that is 0.4288, or 42.88%. As you see, it is a double of the 68%-margin.

The answer is 375 ± 160 years (95% confidence).

Again, after many, many calculations I came to a conclusion that 95% confidence is not a right number for DNA genealogy. In a great majority of cases the real figures fit into the 68% or in between 68% and 95%. So, I typically take a middle figure between 68% and 95%, that is around 82% for the confidence level. On some funny reason folks who even have no idea about statistics want to see necessarily 95% confidence.

So, in order to get in between I would suggest to use 0.2085 and 0.01 in the above example, that is a square root of square 0.2085 and square 0.1, that is 23.12%, and the answer is 375 ± 90 years.

Compare with your data and tell me what is a better fit.

CONTINUATION

Thank you very much, this clears up a few things for me. Your comments about margins of error are very interesting and the middle road between 68% and 95% seems best for our project. It gave the best fit with our data.

LETTERS NINETY-FOURTH and NINETY-FIFTH

NOTE: The following two letters came separately from two individuals with haplotypes, which belong to the same branch of the R1a1 tree. Therefore, I have responded them with almost the same letters, an ther is no need to duplicate them below.

Letter 94

I came across your email on a website. It looks like you are very intelligent and well informed on the subject of DNA. I was wanting to know if you could help or point me in the right direction to learn more.

I took a 46 point Y-DNA test with Ancestry.com (later to find its not the best place). On the results it came back I am R1a and I will add the results to the end of the email. From my research so far I found I am of Norse descent. I also found 459a = 9 is not Somerled. To be honest I do not know who he is but everyone of R1a wants to be his line or something. I have yet to get really far on my family tree. Because I am 32 years old and I am the oldest person left alive in my family, and because I have four kids, I don't want them left in the dark like I am. Its why I got the DNA test to try and help me find out more info.

So please if there is any help you might can toss my way please do.

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 29 - 16 9 10 11 11 23 14 20 32 12 15 15 16 - 12 13...

Letter 95

I have heard of your knowledge of the R1a1 Haplogroup. I was wondering if you could give me more specific direction on my ancestors based on my enclosed Y-37 DNA results below.

13 25 15 11 11 14 12 12 10 13 11 30 - 15 9 10 11 11 23 14 20 31 12 15 14 15 - 12 11...

MY RESPONSE to the each letter (except minor personal remarks):

You undoubtedly belong to the "Young Scandinavian lineage", which some people call "the Norse" lineage. That lineage arose approximately 2300 years ago, at the end of the BC. It split from the "Old Scandinavian lineage" which has a common ancestor of about 3500 years ago. It came from the Russian Plain (East European Plain) either those 3500 years ago or some later. A characteristic

"signature" of the Young Scandinavian lineage is a pair 19-21 in YCAII markers, which you have.

It seems that this lineage was carried to the British Islands by the Vikings in the 8-11th centuries AD. It is not clear whether Somerled was an actual historical figure, since there are none of ACTUAL documents, and there are only myths and legends about him. The Donald Clan lineage (McDonalds) claim that their lineage continues the Somerled lineage (and the Donald Clan all have that 19-21 "signature"). However, your haplotype does not belong to the Donald Clan lineage, which was originated by John, Lord of the Isles 650 years ago, in the middle of 1300-s.

So, history of your ancestors is that they belong to the R1a1 tribe, which came to Europe from Central Asia (though they were Europeoids anthropologically, as well as R1b1, who also came from Central Asia and now take about 60% of Western and Central in Europe) about 10 thousand years ago. When R1b1 came to Europe (as Bell Beakers) 4800 years ago, they pushed R1a1 to move from Europe to the East, to the Russian Plain. From there R1a1 had moved in all directions, and, among other things, came to India as the Aryans, 3500 years ago.

During the 1st millennium BC the R1a1 had re-populated Europe, and that was your ancestors moved westward, to Europe, apparently, to Scandinavia. There they became the Vikings, moved to the Isles, and brought there your haplotype.

You can read the story in more detail on my website <http://aklyosov.home.comcast.net>. Go to the end, find a gallery of Proceedings of the Russian Academy of DNA Genealogy, download the issue of 2010 August, vol. 3, No. 8, and read the article on pp. 1325-1358. The paper is about some lineages of the Young Scandinavian branch, particularly in Scotland.

As to the "matches" of your haplotype with others, never mind. Those matches are practically all non-informative. Plain coincidences. Products of statistical games.

RETURN RESPONSES (some may cause a smile):

1. Sir, I thank you so very much. The things you have written are amazing. I will indeed read the info you have recommended and more of your work. I find it to be very interesting. Again I am unsure if many tell you but thank you a lot.
2. You truly are brilliant!! The information you provided was invaluable in understanding the R1a1 tribe.

If you are ever in Florida or more specifically (address), let me know as I would like to take you (and your family) out for dinner or a drink.

Many thanks!!